



CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS  
DEL NOROESTE, S.C.

---

---

Programa de Estudios de Posgrado

EFFECTOS DE LA FRAGMENTACIÓN DEL HÁBITAT  
EN LAS RELACIONES DE PARENTESCO DEL  
AGUILILLA ROJINEGRA (*Parabuteo unicinctus*)

T E S I S

Que para obtener el grado de

Maestro en Ciencias

Uso, Manejo y Preservación de los Recursos Naturales  
(Orientación en Ecología de Zonas Áridas )

P r e s e n t a

**Gregorio Belmonte Herrera**

La Paz, Baja California Sur, mayo de 2020.

## ACTA DE LIBERACIÓN DE TESIS

En la Ciudad de La Paz, B. C. S., siendo las 11:49 horas del día 13 del Mes de mayo del 2020, se procedió por los abajo firmantes, miembros de la Comisión Revisora de Tesis avalada por la Dirección de Estudios de Posgrado y Formación de Recursos Humanos del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C., a liberar la Tesis de Grado titulada:

**"Efectos de la fragmentación del hábitat en las relaciones de parentesco del Aguililla Rojinegra (*Parabuteo unicinctus*)"**

Presentada por el alumno:

**Gregorio Belmonte Herrera**

Aspirante al Grado de MAESTRO EN CIENCIAS EN EL USO, MANEJO Y PRESERVACIÓN DE LOS RECURSOS NATURALES CON ORIENTACIÓN EN **Ecología de Zonas Áridas**

Después de intercambiar opiniones los miembros de la Comisión manifestaron su **APROBACIÓN DE LA TESIS**, en virtud de que satisface los requisitos señalados por las disposiciones reglamentarias vigentes.

### LA COMISIÓN REVISORA

*R ='*

*M Culver*

---

Dr. Ricardo Rodríguez Estrella  
Co-Director de Tesis

Dra. Melanie Culver  
Co-Directora de Tesis

*Adrian Munguia Vega*

---

Dr. Adrian Munguía Vega  
Co-Tutor

*Gracia Alicia Gómez Anduro*

---

Dra. Gracia Alicia Gómez Anduro,  
Directora de Estudios de Posgrado y  
Formación de Recursos Humanos.

## **Conformación de comites**

### **Comité tutorial**

**Dr. Ricardo Rodríguez Estrella**

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR)

**Co-director**

**Dra. Melanie Culver**

University of Arizona (UofA)

**Co-directora**

**Dr. Adrián Munguía Vega**

University of Arizona (UofA)

**Co-tutor**

### **Comité revisor de tesis**

Dr. Ricardo Rodríguez Estrella

Dra. Melanie Culver

Dr. Adrián Munguía Vega

### **Jurado de examen**

Dr. Ricardo Rodríguez Estrella.

Dra. Melanie Culver

Dr. Adrián Munguía Vega.

### **Suplente**

Dr. Pedro Peña Garcillán

## Resumen

La fragmentación del hábitat es el proceso en que un paisaje es modificado por actividades antropogénicas que implican el cambio de uso de suelo, hasta tener parches o porciones de hábitat reducidas y con conectividad variada. Una reducción constante del hábitat lleva a una reducción progresiva de los tamaños poblacionales de las poblaciones animales, lo que lleva a la reducción de diversidad genética, a la reducción de tamaños efectivos de la población, y con ello incide en la viabilidad de las poblaciones. Las especies tienden a agruparse debido a que tener actividad en grupos proporciona diversas ventajas intraespecíficas, tales como mejorar la defensa anti depredatoria, la obtención de alimento y encontrar parejas para la reproducción. Hay aves que se agrupan para anidar y criar de manera conjunta, este comportamiento cooperativo es un proceso evolutivo raro el cual ocurre en 9% de las especies de la Clase Aves. La fragmentación del hábitat afecta el comportamiento de agrupamiento principalmente a través de cambios demográficos directos y en la conectividad entre grupos; por lo general, los grupos no son capaces de tener respuestas adaptativas rápidamente ante estos cambios. El aguililla rojinegra (*Parabuteo unicinctus*) es un ave social, que forma grupos de 2 a 7 individuos con una estructura social matriarcal compleja; es una especie que tiene comportamiento cooperativo donde los individuos de un grupo crían a los pollos de nidos de manera conjunta, y se caza en grupo también. Buscamos en este trabajo determinar si la fragmentación de hábitat tiene un efecto directo modificando el grado de relación en una especie social, y de ser así los posibles cambios que podrían llegar a provocarse en las relaciones sociales. Para ello utilizamos un enfoque genético lo cual es novedoso puesto que la mayoría de los trabajos que se enfocaban en describir el comportamiento cooperativo y el parentesco en aves se han basado en métodos observacionales. El ADN fue extraído de muestras de sangre de 85 individuos, previamente recolectadas entre 2009 y 2010 en el valle de Santo Domingo, B.C.S. Las muestras provenían tanto de nidos e individuos ubicados dentro del área fragmentada como del área natural continua. Se amplificaron las muestras por PCR a través de un conjunto de 9 microsatélites provenientes de 2 especies emparentadas (*Buteo swainsoni* y *B. buteo*). Utilizando GeneMarker v3.0.1 se obtuvo el genotipo de 55 individuos representando a la población en el área de estudio. Para medir la diversidad genética y el grado de relación en las áreas se utilizó GenAlex 6.5, encontrando que los individuos en el área fragmentada presentaron

significativamente mayor diversidad genética ( $N_a= 6.00$ ,  $N_e= 3.54$ ,  $H_o= 0.59$ ,  $H_e=0.604$ ,  $uH_e= 0.612$ ,  $F_{is}= 0.002$ ) con respecto al área natural ( $N_a= 4.56$ ,  $N_e= 3.04$ ,  $H_o= 0.54$ ,  $H_e= 0.56$ ,  $uH_e= 0.58$ ,  $F_{is}= 0.041$ ) ( $P = 0.02$ ), y que en promedio los individuos del área fragmentada se encontraban menos relacionados ( $r= -0.028$ , rango=  $-0.024 - 0.0025$ ;  $P= 0.012$ ) que los individuos en el área natural ( $r= 0.116$ , rango=  $-0.058 - 0.066$ ;  $P = 0.001$ ), aunque en ambos casos fueron significativas. Usando COLONY v. 2.0.6.5 se asignó parentesco a 5 parejas de hermanos, y 55 parejas de medios hermanos y se logró asignar paternidad a 2 padres, cada uno con 2 hijos; la maternidad no se pudo asignar. Al comparar entre nidos logramos determinar que algunos individuos mueven sus sitios de anidación del área natural al área fragmentada entre años y en el proceso de selección de pareja en la reproducción algunos cambian de pareja. La fragmentación del hábitat tiene efectos en los individuos de la población de *P. unicinctus* en el desierto de la península de Baja California ya que modifica las estructuras familiares y los comportamientos cooperativos en los grupos reproductivos al fomentar la dispersión de individuos y la creación de nuevos grupos. Como resultado, los individuos de los grupos en el área fragmentada se encuentran menos emparentados que en los grupos del área natural continua, lo cual indica que la fragmentación del hábitat parece afectar las relaciones intraespecíficas, con lo que por consiguiente pueden modificarse los comportamientos sociales de la especie. La formación de grupos y el parentesco que estos presenten juega un rol importante en la sobrevivencia de especies sociales, por lo que al modificarse su estructura por la fragmentación del hábitat tiene importantes implicaciones para la conservación de especies sociales.

***Palabras Claves:* Fragmentación del hábitat, especie cooperativa, *Parabuteo unicinctus*, diversidad genética, grado de relación, parentesco**

VoBo.



Dr. Ricardo Rodríguez Estrella

Co-director

VoBo.



Dra. Melanie Culver

Co-directora

## Summary

Habitat fragmentation is when a continuous landscape is modified into small patches of different sizes with variable connectivity, and this process usually is due to human activities as land use changes. A continuous reduction of the habitat leads to a progressive reduction of population sizes of species and consequently of genetic diversity, that can drive to a reduction of effective population sizes and decreasing population viability. Individuals of species tend to gather because they can take evolutionary advantages of intraspecific grouping as defense against predators, increasing opportunities for obtaining food, and finding mates for breeding. Some birds gather for nesting and breeding cooperatively, this behavior results as a rare evolutionary process present in only 9% of the Clase Aves. Habitat fragmentation may affect the species grouping behavior through direct demographic changes and affecting the connectivity between and among groups, and groups usually are not able to respond to abrupt changes. The Harris Hawk (*Parabuteo unicinctus*), is a social bird that form groups of 2 to 7 individuals, having a social and complex matriarchal structure, and has a cooperative behavior where the groups breed and hunt together. Our aim was to determine if habitat fragmentation had direct effects on the sociality of the Harris hawk by modifying the relatedness of groups and the potential changes on the social behavior. To this, we used a genetic approach as a novel and alternative technic since most of the studies of relatedness on cooperative behavior and relatedness of social species relied on observational methods. DNA was extracted from 85 samples previously collected on 2009 and 2010 on the Valle de Santo Domingo, B.C.S. Samples were taken from both nestlings and adults captured in fragmented and continuous natural vegetation. The samples were amplified by PCR using a total of 9 microsatellites from two closely related species (*Buteo swainsoni* y *B. buteo*). Using GeneMarker v3.0.1 a final genotype of 55 individuals for the population of Santo Domingo was obtained. With GenAlex 6.5 we were able to measure genetic diversity and relatedness among the areas, we found that the individuals on the fragmented habitat showed a significantly ( $P = 0.02$ ) higher genetic diversity ( $N_a = 6.00$ ,  $N_e = 3.54$ ,  $H_o = 0.59$ ,  $H_e = 0.604$ ,  $uH_e = 0.612$ ,  $F_{is} = 0.002$ ) than the individuals on the natural area ( $N_a = 4.56$ ,  $N_e = 3.04$ ,  $H_o = 0.54$ ,  $H_e = 0.56$ ,  $uH_e = 0.58$ ,  $F_{is} = 0.041$ ), and the mean relatedness for the individuals on the fragmented area ( $r = -0.028$ , range =  $-0.024 - 0.0025$ ;  $P = 0.012$ ) was lower than the individuals of the natural area ( $r = 0.116$ , range =  $-0.058 - 0.066$ ;  $P = 0.001$ ). Using COLONY v. 2.0.6.5

we were also able to assign relatedness to 5 pair of full-siblings, 55 pairs of half siblings, paternity to 2 chicks with their biological father, and maternity was not able to assign. We determined that the individuals can change their nesting sites from the natural area to the fragmented area and on the process, some might change of breeding partner. Habitat fragmentation has an effect over individuals of *P. unicinctus* at the desert of Baja California, by fomenting the dispersion of the individuals, this changes the intraspecific relationships. As a result, the individuals at the fragmented area are less related compared to individuals at the natural area, which indicates that habitat fragmentation might modify the intraspecific behavior of the species. The creation of groups and the relatedness among them is important for the survival of social species, understanding how this is affected by habitat fragmentation is extremely valuable for the conservation of social species.

**Key words: Habitat fragmentation, cooperative specie, *Parabuteo unicinctus*, genetic diversity, relatedness, relationship**

VoBo.



Dr. Ricardo Rodríguez Estrella

Co-director

VoBo.



Dra. Melanie Culver

Co-directora

## **Dedicatoria**

A mis padres que definitivamente sin ellos este logro no hubiese sido posible. Este es el fruto de mi esfuerzo, ustedes lo han cultivado por años y hoy se los entrego.



## **Agradecimientos**

Quiero agradecer extensamente a:

A CIBNOR como institución receptora para realizar mis estudios de posgrado, así a su vez por haber otorgado las instalaciones y facilidades para lograr este cometido.

A la University of Arizona por haberme aceptado y permitido lograr una de manera exitosa una estancia de investigación en sus instalaciones.

A CONACYT por la beca otorgada (no. 853596).

Al proyecto especies endémicas, NOM y relevantes ecológicas del CIBNOR.

A los miembros de mi comité tutorial, cada uno me apoyo y me ayudo de diversas maneras, no solo profesional, si no también personal e inclusive emocionalmente. Las diversas lecciones que aprendí de su parte se me quedaron grabadas de por vida.

Al Dr. Ricardo Rodríguez Estrella, por guiarme, apoyarme, su paciencia y ser parte importante en este proceso de formación personal A lo largo de estos años fue tanto una fuente de conocimientos, como de confianza e inspiración invaluable.

A la Dra. Melanie Culver por no solo haberme abierto las puertas de su laboratorio e incluirme a su equipo de trabajo (la cual considero una oportunidad única en la vida y una de las experiencias más enriquecedoras que he podido adquirir), sino también por haberme abierto las puertas de su casa cuando el momento fue requerido.

Al Dr. Adrián Munguía Vega, quien en múltiples ocasiones no solo me brindó su guía, si no que me deposito confianza y paciencia.

A mis compañeros del laboratorio de Conservation Genetics en la UofA.

A mis compañeros del laboratorio de ecología, análisis espacial y conservación

A Karla Vargas, definitivamente sin sus consejos, ayuda, guía, apoyo y demás, mi estancia y mi experimental no hubiesen sido exitosos.

A mi familia, por haberme apoyado durante el proceso, cada quien me extendió una mano a su manera y por ello estoy muy agradecido.

A mis amigos (todos incluidos), siempre he dicho que mi mejor cualidad es saber escoger a quien tener a mi lado, puede que no sepa escoger pareja o fruta, pero si a quien llamar amigo. Pero quiero agradecer explícitamente a Julio, Rafael (Melissa) y a Miguel quienes me han demostrado con acciones que siempre puedo contar con su apoyo.

A Nina por convertirse en parte de mi familia y alegrarme cada día.

## Contenido

<b>Resumen</b> .....	i
<b>Summary</b> .....	iii
<b>Dedicatoria</b> .....	v
<b>Agradecimientos</b> .....	vi
<b>Lista de figuras</b> .....	x
<b>Lista de tablas</b> .....	xi
<b>1. INTRODUCCIÓN</b> .....	1
<b>2. ANTECEDENTES</b> .....	6
2.1 Genética en hábitats fragmentados.....	8
2.2 Efectos de la fragmentación en especies sociales.....	9
2.3 Uso de microsatélites para medir grado de parentesco.....	10
<b>3. JUSTIFICACIÓN</b> .....	11
<b>4. HIPÓTESIS</b> .....	12
<b>5. OBJETIVOS</b> .....	13
5.1 Objetivo general.....	13
5.2 Objetivos particulares.....	13
<b>6. MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	14
6.1 Área de estudio.....	14
6.2 Cuantificación de ADN.....	15
6.3 Detección y selección de loci polimorficos.....	16
6.4 Caracterización de genotipos.....	20
6.5 Análisis genético de diversidad.....	24
6.6 Análisis de parentesco.....	25
6.7 Reconstrucción por hermanos.....	26

<b>7. RESULTADOS</b> .....	28
7.1 Cuantificación de ADN .....	28
7.2 Detección y selección de loci polimórficos .....	29
7.3 Caracterización de genotipos .....	29
7.4 Análisis genético de diversidad .....	31
7.5 Análisis de parentesco .....	37
7.6 Reconstrucción por hermanos.....	45
<b>8. DISCUSIÓN</b> .....	54
8.1 Detección y selección de loci polimórficos .....	54
8.2 Análisis genético de diversidad .....	55
8.3 Análisis de parentesco .....	57
8.4 Reconstrucción por hermanos.....	58
<b>9. CONCLUSIONES</b> .....	62
9.1 Recomendaciones.....	62
<b>10. LITERATURA CITADA</b> .....	64
<b>11. ANEXOS</b> .....	71

**Lista de figuras**

<b>Figura 1:</b> <i>Parabuteo unicinctus</i> .....	7
<b>Figura 2:</b> Ubicación de nidos e individuos adultos de <i>Parabuteo unicinctus</i> .....	15
<b>Figura 3:</b> Plantilla utilizada para el cálculo de las reacciones de PCR.....	18
<b>Figura 4:</b> Gel de agarosa para poder ver físicamente si los productos de PCR amplificaron.....	19
<b>Figura 5:</b> Ubicación de los individuos de <i>Parabuteo unicinctus</i> .....	28
<b>Figura 6:</b> Valores de medias en comparación pareada para tipos de área.....	41
<b>Figura 7:</b> Valores de medias en comparaciones pareada entre tipo de área y sexos...42	
<b>Figura 8:</b> Valores de medias en comparaciones pareada entre tipo de área, sexos y estadio de edad.....	44
<b>Figura 9:</b> Mapa de ubicación de individuos pollos y su relación de parentesco.....	46
<b>Figura 10:</b> Mapa donde se muestra la ubicación de los adultos capturados y la relación de paternidad.....	47
<b>Figura 11:</b> Ubicación de los adultos capturados con sus respectivas crías.....	53

## Lista de tablas

<b>Tabla I:</b> Caracterización de marcadores en <i>P. uncinatus</i> .....	22
<b>Tabla II:</b> Coeficientes de relación en especies diploides.....	25
<b>Tabla III:</b> Número de individuos por tipo de área, el estadio de edad y sexos.....	30
<b>Tabla IV:</b> Indicadores de diversidad genética de la población del valle de Santo Domingo.....	31
<b>Tabla V:</b> Indicadores de diversidad genética entre tipos de área.....	32
<b>Tabla VI:</b> Indicadores de diversidad genética entre tipos de áreas con relación al sexo.....	33
<b>Tabla VII:</b> Indicadores de diversidad genética según su estadio y sexo entre tipos de áreas.....	36
<b>Tabla VIII:</b> Valores de las pruebas de probabilidad de identidad (PI) y probabilidad de identidad entre hermanos (PISibs) para cada loci y la acumulada de estos.....	38
<b>Tabla IX:</b> Tabla de probabilidad de parentesco y su comparación con el grado de relación ( $r$ ) entre cada pareja de hermanos y medios hermanos.....	49
<b>Tabla X:</b> Padres asignados y sus respectivas crías de acuerdo al análisis de paternidad.....	52

## 1. INTRODUCCIÓN

La fragmentación del hábitat ocurre cuando un cambio en la configuración del paisaje es modificado hasta tener parches o porciones de hábitat reducidas y con una conectividad variada dentro de una matriz distinta al hábitat original (p.ej. dentro de zonas agrícolas). La fragmentación del hábitat puede ocurrir de manera natural por eventos estocásticos (e.g. incendios, inundaciones) pero en la actualidad principalmente por actividades antropogénicas que implican el cambio de uso de suelo para agricultura, ganadería, construcción de represas, carreteras; en este caso un proceso que es de inicio azaroso y estocástico, se torna constante y progresivo (Santos y Tellería. 2006).

La fragmentación del hábitat implica la pérdida de hábitat, lo que conlleva a la disminución de la matriz origen y la subdivisión en parches de diversos tamaños, un aumento en la distancia entre parches y la creación del efecto borde (Santos y Tellería. 2006). El cómo los individuos perciban estos cambios y el cómo se muevan y distribuyan dentro de los parches es cómo se ven influidos ante la fragmentación (Lee *et al.* 2005).

Una reducción y merma constante del hábitat lleva a una reducción progresiva de los tamaños poblacionales de las poblaciones de especies que se encuentren en dicho ambiente modificado, así como a una subdivisión, alteración y aislamiento progresivo de la distribución de las especies, una mayor vulnerabilidad de los individuos ante eventos estocásticos, y a la pérdida de poblaciones dentro de los fragmentos (Santos y Tellería. 2006); estos cambios poblacionales progresivos se deben a que las especies por lo general no suelen responder ante cambios instantáneos, especialmente si son a grandes escalas (Hanski, 2011).

La disminución de los tamaños poblacionales implica obviamente que se pierden individuos de la población. Una población tiene frecuencias alélicas, que definen su estructura genética. Al perderse individuos se pierden por tanto alelos dentro de las poblaciones, que son generalmente los alelos raros; la factibilidad de que se recuperen estos alelos en el conjunto de poblaciones está en función del aislamiento y del tamaño poblacional (Fountain *et al.* 2016). Por otro lado, al modificarse las frecuencias alélicas se modifican los genotipos y los fenotipos presentes, así como aumenta el grado de apareamiento entre

individuos emparentados (Hanski, 2011). Lo anterior repercute a nivel genético pues puede llevar a la reducción de diversidad genética, a la reducción de tamaños efectivos de la población y a incidir en la viabilidad de las poblaciones, efectos causados por la endogamia, por cambios metapoblacionales, que pueden llevar a la deriva genética y tener efectos de cuello de botella (Hanski, 2011; Brown *et al.* 2013; Canales-Delgadillo *et al.* 2013).

La perspectiva metapoblacional considera que dentro de un área se tiene un juego de poblaciones locales distribuidas en forma parcheada de distintos tamaños; estos parches interactúan entre ellos formando una metapoblación. Dentro de la metapoblación hay subpoblaciones de menor calidad y que presentan crecimiento negativo (llamadas sumidero), y otras de mayor calidad con crecimiento positivo (llamadas fuente) (Hanski, 2009). La cantidad, la calidad, la densidad, la distribución, y las interacciones de las poblaciones se ven afectadas por la fragmentación del hábitat debido a que también se rompe la conectividad entre ellas, por lo que eventualmente estas alteraciones suelen repercutir en la diversidad genética de las poblaciones (Cushman *et al.* 2012).

Las especies tienden a agruparse debido a las ventajas intraespecíficas que este comportamiento les confiere a los individuos (p.ej. aumento en la calidad de vida, defensa ante depredadores, obtención de alimento y de pareja) (Banks *et al.* 2007; Cockburn *et al.* 2017). La fragmentación del hábitat, al ser un cambio antropogénico rápido afecta este comportamiento a través de cambios demográficos directos, en la conectividad entre grupos, disponibilidad de alimento, e interacciones interespecíficas; por lo general los grupos sociales no son capaces de reaccionar ante este cambio (Banks *et al.* 2007).

La fragmentación del hábitat afecta a las aves desde los aspectos numéricos poblacionales a los genéticos (Brown *et al.* 2013; Harrisson *et al.* 2012). En cuanto a los efectos genéticos, una de las consecuencias se denota en la estructura genética y en las relaciones de parentesco (Coulon *et al.* 2010; Woxvold *et al.* 2006). Al alterarse los tamaños de los grupos sociales, por lo general al reducirse, se genera la conglomeración de individuos, y dentro de los grupos generalmente pocos individuos no se encuentran emparentados; al existir un número limitado de parejas, eventualmente conduce a la



endogamia, por lo que se suele presentar un mayor grado de parentesco social, lo cual termina repercutiendo en las interacciones interespecíficas dentro de los grupos (Banks *et al.* 2007).

Para comprender cómo se afectan las poblaciones de las aves desde el punto de vista de parentesco, es necesario entender los sistemas reproductivos existentes. Estos son la monogamia, la poligamia y la promiscuidad. La monogamia se da cuando una pareja entre macho y hembra se mantiene unida. La poligamia, incluye a la poliginia (cuando se crea una pareja pero el macho se reproduce con otras hembras), la poliandria (cuando se crea una pareja, pero la hembra se reproduce con otros machos), y la poligiandria (cuando se crea una pareja, pero tanto el macho como la hembra se reproducen con otros individuos). La promiscuidad, cuando no se produce pareja. En especies sociales la reproducción suele ser difícil de ver y aunque generalmente se forman parejas monógamas, suele presentarse la poliandria, la poliginia y la poligiandria (Cockburn *et al.* 2017).

La fragmentación del hábitat al alterar los tamaños de poblaciones también altera las proporciones de sexos, y la dispersión de los individuos (Cooper y Walter 2002; Cooper *et al.* 2002); alteraciones en las proporciones de sexos suelen provocar cambios en las estructuras sociales y en la demografía (Amos *et al.* 2014). El aislamiento afecta a la selección de parejas y las parejas potenciales disponibles cambian, habiéndose registrado que las especies monógamas y polígamas se ven afectadas ante estos cambios y la formación de parejas se ven reducidas (Banks *et al.* 2007).

Por otro lado, hay aves que se agrupan, tanto para colocar los nidos en conjunto, como para anidar y criar de manera conjunta. A este último sistema se le conoce como cría cooperativa y usualmente ha evolucionado con el fin de obtener beneficios tales como incrementar sobrevivencia, obtención de recursos de alimento, protección contra depredadores, un mayor éxito reproductivo, y tener crías más saludables, entre otros. Este complejo comportamiento es un proceso evolutivo que no es común, ocurre en 9% de las especies de la Clase aves; es aún más raro en las aves rapaces, presentándose solo en unas cuantas especies (Cockburn *et al.* 2017).

El sistema de cría cooperativa se ha descrito como una unidad social de 3 o más individuos que ayudan en el cuidado de los pollos de un solo nido. El grupo social usualmente está conformado por una pareja reproductiva y uno o más individuos extra, los cuales pueden o no estar emparentados con algún miembro de la pareja del nido. Por lo general, estos individuos considerados como asistentes suelen ser crías que retrasaron su dispersión y que sacrificaron su propia reproducción aparentemente con el objetivo de heredar el territorio del nido en que son ayudantes; en lo que esto ocurre, estos individuos juegan un rol importante en la crianza de las crías pues pueden llevarles alimento y protegerlas. En general el decidir unirse a un grupo ya formado suele traer mayores ventajas directas e indirectas comparado con salir del nido y crear un nuevo grupo con miembros no relacionados (Bednarz, 1987; Cockburn *et al.* 2017; Nelson-Flower *et al.* 2018).

El parentesco y el grado de relación usualmente tienen un impacto directo en el grado de cuidado sobre las crías (Nam *et al.* 2010); se sabe que tanto organismos no relacionados y no reproductivos pueden asistir en los nidos, por lo que el entender las relaciones genealógicas y el grado de variación entre ellas es importante para comprender mejor el proceso cooperativo y sus implicaciones evolutivas (Cockburn *et al.* 2017).

Los padres biológicos no siempre son fáciles de identificar, o bien el supuesto padre no siempre es el biológico. Se han utilizado distintos métodos para encontrar al padre genético; primeramente, fue la observación de los individuos que han sido anillados y recientemente se han usado marcadores genéticos adecuados para la determinación de los padres. Los microsatélites son los marcadores más populares para hacer pruebas de parentesco, aunque también están los SNPs y los AFLPs que por lo general suelen ser menos polimórficos y necesitan más loci (Freeland *et al.* 2011). Los microsatélites tienen varios usos a diferente nivel. A nivel individuo, sirven para identificar individuos de interés, como migrantes e híbridos, así como para pruebas de paternidad, entre otros; a nivel población, sirven para asignar individuos a poblaciones, detectar estructuras poblacionales, medir endogamia y tasas de migración, principalmente; a nivel especie, para asignar individuos a especies determinadas o diferenciar especies crípticas. Es importante mencionar en este contexto que una cantidad importante de estudios de genética se han hecho utilizando

microsatélites desarrollados a partir de especies emparentadas cercanas (Martínez-Cruz & Camarena. 2018).

Una de las especies que tiene cría cooperativa es el aguililla rojinegra *Parabuteo unicinctus*, de la que se sabe que se forman grupos constituidos por individuos emparentados en cierto grado. Estos grupos crían a los pollos de nidos y cazan en grupo, por lo que tienen lo que se considera un sistema social complejo (Cornell Lab of Ornithology, 2019). Se considera que es una especie monógama con tendencia a la poliandria, basados en estudios con aves anilladas (Bednarz, 1987; Gómez de Silva *et al.*, 2005; Roldan-Velasco, 2008). Suele seguir una estructura social matriarcal compleja, en que los grupos de los nidos que van de 2 a 7 individuos tienen a la hembra reproductiva como dominante, seguida por el macho reproductivo. El resto de los miembros del grupo suelen ser ayudantes o asistentes (“helpers”) quienes por lo general son crías de la pareja reproductiva, pero pueden ser adultos no emparentados (Bednarz, 1987; Dawson y Mannan 1991a, 1991b). Se ha encontrado que los asistentes no suelen reproducirse con los demás miembros del grupo debido a que el macho reproductor no lo permite (Bednarz, 1988; Dawson y Mannan 1991b).

Nuestra idea en la tesis es evaluar primeramente el grado de parentesco entre los pollos y adultos de grupos de *P. unicinctus* que se encuentran asociados a un territorio en una zona desértica, y en segundo lugar si la fragmentación del hábitat modifica de alguna manera estas relaciones de parentesco y la diversidad genética dentro de los grupos. Se busca asociar por primera vez si la fragmentación de hábitat tiene un efecto directo modificando el grado de relación en una especie social y de ser así los posibles cambios que podrían llegar a provocarse en las relaciones sociales.

## 2. ANTECEDENTES

Clase: Aves

Orden: Falconiformes

Familia: Accipitridae

Nombre científico: *Parabuteo unicinctus* (Temminck, 1824)

El aguililla rojinegra (Figura 1) es un ave rapaz de gran tamaño (48.5-53.5 cm). El dimorfismo sexual se presenta en el tamaño, siendo las hembras más grandes que los machos, las hembras pesando en promedio 834-1047 gr, mientras que los machos 725 gr. Presenta un plumaje café oscuro, con unos parches característicos color café rojizo en las cobertoras alares y muslos. La base de la cola y una franja angosta en la punta de la cola blancas. La piel en la base del pico, junto con el anillo ocular y las patas son de color amarillo. Los juveniles difieren a los adultos, las coloraciones son más pálidas, la cabeza es de color café claro, mientras que el color castaño o café rojizo de los parches es más pálido, el plumaje es más heterogéneo, con tonos claros de blanco y gris pálido, con tonos café en forma de manchas; las bandas de la cola son menos evidentes (Gómez de Silva *et al.* 2005; Roldán-Velasco 2008).



**Figura 1:** *Parabuteo unicinctus* adulto y juvenil (tomada de Mitch Waite Group. 2013)

Se distribuye desde el sur de Estados Unidos de América hasta Argentina y Chile. En México habita en zonas áridas y semiáridas con matorrales y grandes cactáceas; en el sur del país y Centroamérica habita en sabanas y pantanos con árboles dispersos (Gómez de Silva *et al.* 2005; Roldan-Velasco 2008).

Es un ave cuya dieta principal se basa en mamíferos medianos (particularmente liebres), pero se alimenta de manera oportunista de aves, mamíferos pequeños, reptiles e insectos. Caza de manera cooperativa, este proceso es coordinado y complejo entre 2 o más individuos, se caracteriza por que se reduce el éxito individual, pero aumenta el grupal. La caza cooperativa permite obtener alimento de mejor calidad. Este proceso de caza también sirve como un proceso de aprendizaje para crías y juveniles (Bednarz, 1988; Gómez de Silva *et al.*, 2005; Roldan-Velasco, 2008).

Los nidos suelen ser estructuras hechas de palos cubiertas de hojas y corteza en sitios altos como altos como cardones, sahuaros o postes (Partida, 2015). El tamaño de puesta

promedio es de 2 a 4 huevos (Bednarz, 1988; Gómez de Silva *et al.*, 2005; Roldan-Velasco, 2008). La hembra reproductiva rara vez abandona el nido, mientras que el resto de los miembros participan en el proceso de caza cooperativa, el cual es dirigido por el macho reproductor (al menos que participe la hembra reproductora). La principal tarea de los asistentes consiste en brindar alimento al nido, protección ante posibles amenazas y participar en el proceso de caza (Bednarz, 1988; Dawson y Mannan 1991b).

## **2.1 Genética en hábitats fragmentados**

Por otro lado, cuando los hábitats presentan una configuración espacial compleja se llegan a crear patrones heterogéneos del flujo genético locales; estos patrones heterogéneos están fuertemente ligados a un flujo y diferenciación genética de las especies (Cushman *et al.* 2012). Los cambios constantes del hábitat por cambios de uso de suelo y fragmentación del hábitat pueden llevar a la homogenización ambiental y por ende a la homegenización genética de las poblaciones, llevando a una estructura poblacional pobre (Brown *et al.* 2013).

Los cambios en el ambiente llegan a afectar directamente a la diferenciación genética debido a que cambian los patrones de dispersión y la reproducción de los individuos se ve modificada (Cushman *et al.* 2012).

En ambientes fragmentados se puede llegar a modificar la distribución de las especies. Por ejemplo, en mamíferos sociales como coyotes y monos se fomenta la conglomeración dentro de los parches, y esto lleva a cambios en las relaciones intespecíficas y en los patrones de comportamiento. Dentro de los cambios presentados se encuentran un incremento en la vulnerabilidad ante depredadores y enfermedades, incremento en la competencia para la obtención de alimentos, así como cambios en la dieta y cambios en la frecuencia y número de crías (Atwood 2003; Arroyo-Rodríguez *et al.* 2012).

Generalmente la colonización se suele dar por unos pocos individuos dispersores. Debido a que la reproducción es llevada a cabo por unos pocos individuos en las nuevas poblaciones formadas por la colonización, las crías terminan emperantándose y en poco tiempo la población se ve afectada por la endogamia, por lo que se vuelve biológicamente

menos viable debido a la poca diferenciación genética entre los individuos (Hanski, 2011). Esto hace que las poblaciones nuevas dependan de la tasa de inmigrantes para reducir la depresión por endogamia, y por ende los riesgos de extinciones locales (Hanski *et al.* 2013).

En aves, la fragmentación puede llegar a afectar también la dispersión y afectar el flujo genético de las poblaciones; las especies con menor movilidad o aquellas con alta dependencia del hábitat son usualmente más afectadas, y los efectos negativos suelen ser menores donde las poblaciones son más densas (Amos *et al.* 2014).

## **2.2 Efectos de la fragmentación en especies sociales**

Se sabe que en las especies sociales la dispersión es un proceso importante debido a que al parecer por lo general los individuos que participan en el rol de asistente suelen ser crías que tienden a retrasar su propia dispersión (Nelson-Flower *et al.* 2018). Pero otros factores también influyen. Por ejemplo, *Turdoides bicolor* es una especie social que presenta cría cooperativa. Después de 11 años de seguimiento de una población, se pudieron percatar de que tanto la estructura social como el sexo pueden llegar a influir en la dispersión. En esta especie los machos que suelen estar abajo en las escalas jerárquicas suelen ser los que buscan dispersarse con la intención de ganar mejores puestos con los beneficios de la colonización (Nelson-Flower *et al.* 2018). *Aphelocoma coerulescens* es un ave social en que se ha encontrado que la fragmentación del hábitat ha afectado la densidad de la especie y su distribución. Breininger (1999) explica que la mortandad es alta en los grupos sociales de menor tamaño de la especie, y que la dispersión usualmente la hacían las hembras enviudadas, así como que las subpoblaciones eran mantenidas por el flujo migratorio otorgado por la población de mayor tamaño. Utilizando una combinación de monitoreo por bandas de colores y análisis genéticos en la especie, Coulon y *colaboradores* (2010) explican posteriormente que en áreas fragmentadas los individuos de esta especie tienden a dispersarse más lejos y la reproducción suele ser menos exitosa

*Climacteris picumnus* es una especie social en que la fragmentación del hábitat afectó la sobrevivencia y la dispersión de las hembras, y que esto era apreciable a mayores escalas,

escalas a las que el aislamiento generado por la fragmentación, era mayor (Cooper y Walter 2002; Cooper *et al.* 2002).

### **2.3 Uso de microsatélites para medir grado de parentesco**

En especies sociales y cooperativas el medir el grado de relación entre individuos y el parentesco es particularmente difícil debido a la naturaleza del comportamiento y al agrupamiento entre individuos; los microsatélites han sido utilizados en aves con este comportamiento y han demostrado funcionar también como otros marcadores modernos (SNPs) (Weinam *et al.* 2015). Los microsatélites son repeticiones cortas en tándem (STR) de uno a 6 nucleótidos en una secuencia de ADN, son codominantes y la variación entre el número de repeticiones de estos fragmentos determinan los diferentes tamaños de alelos (polimorfismo). Nam *et al.* (2010) al combinar años de observación con parentesco a través de microsatélites en *Aegithalos caudatus* concluyeron que cuando los asistentes se encuentran emparentados con las crías en los nidos, el grado de inversión energética y de tiempo se incrementa. Loyau *et al.* (2007) lograron amplificar y otorgar parentesco utilizando microsatélites de una especie emparentada en *Sturnus vulgaris*, que es una especie social que presenta técnicas reproductivas como poliginia facultativa y parasitismo de nido intraespecífico. Sin el uso de microsatélites hubiera sido imposible de asignar. Woxvold (2006) utilizó microsatélites en *Struthidea cinerea* para determinar si las aves al agruparse y formar grupos sociales incrementaban su grado de relación y endogamia en función de su grado de emparentamiento. De esta manera determinó que los grupos sociales tienden a estar más emparentados entre sí y a su vez que este patrón parece estar asociado al sexo masculino, sugiriendo que la dispersión es por parte de las hembras, mientras que los machos tendían a mantenerse en los nidos como asistentes. Liu *et al.* (2015) al realizarse análisis genético en *Y. brunneiceps* utilizando microsatélites, identificaron que los grupos sociales presentaban un grado de parentesco bajo entre los miembros, y que los machos presentaban un mayor grado de relación.



### **3. JUSTIFICACIÓN**

El comportamiento social es un comportamiento evolutivo raro en la Clase Aves. Los estudios realizados en aves cooperativas sobre fragmentación del hábitat están usualmente enfocados en los efectos en la dispersión. A pesar de que se han utilizado marcadores moleculares en especies cooperativas para describir su comportamiento, no se han utilizado para medir cómo la fragmentación afecta a nivel genético a estas especies y discutir cómo afecta a los grupos sociales, siendo este aporte por tanto novedoso. Este estudio ayudará a entender cómo un cambio antropogénico constante puede llegar a alterar el comportamiento social analizado desde una perspectiva genética.

#### 4. HIPÓTESIS

El aguililla rojinegra *Parabuteo unicinctus* es un ave cooperativa que forma grupos sociales conformados usualmente por individuos emparentados. La fragmentación del hábitat promueve la ruptura de estos grupos al forzar la dispersión de los individuos y esto se observará a nivel genético, haciendo que en el área fragmentada presenten menor diversidad genética y menor grado de parentesco comparativamente con el área natural.

## **5. OBJETIVOS**

### **5.1 Objetivo general.**

Determinar la diversidad genética, el grado de relación y el parentesco entre individuos de *Parabuteo unicinctus* en un área fragmentada y la natural del desierto de BCS.

### **5.2 Objetivos particulares.**

1. Determinar la diversidad genética de la población de *Parabuteo unicinctus* en el área fragmentada y en la natural del valle de Santo Domingo.
2. Contrastar la diversidad genética entre el área natural y la fragmentada.
3. Determinar la relación entre sexos y estadios de edad en el área fragmentada.
4. Determinar la relación entre los sexos y los estadios de edad en el área natural.
5. Determinar el grado de relación entre los individuos de *P. unicinctus* en la población.
6. Asignar el parentesco entre las crías.
7. Asignar el parentesco entre las crías y posibles padres.
8. Contrastar el grado de relación con el parentesco otorgado.

## 6. MATERIALES Y MÉTODOS

### 6.1 Área de estudio

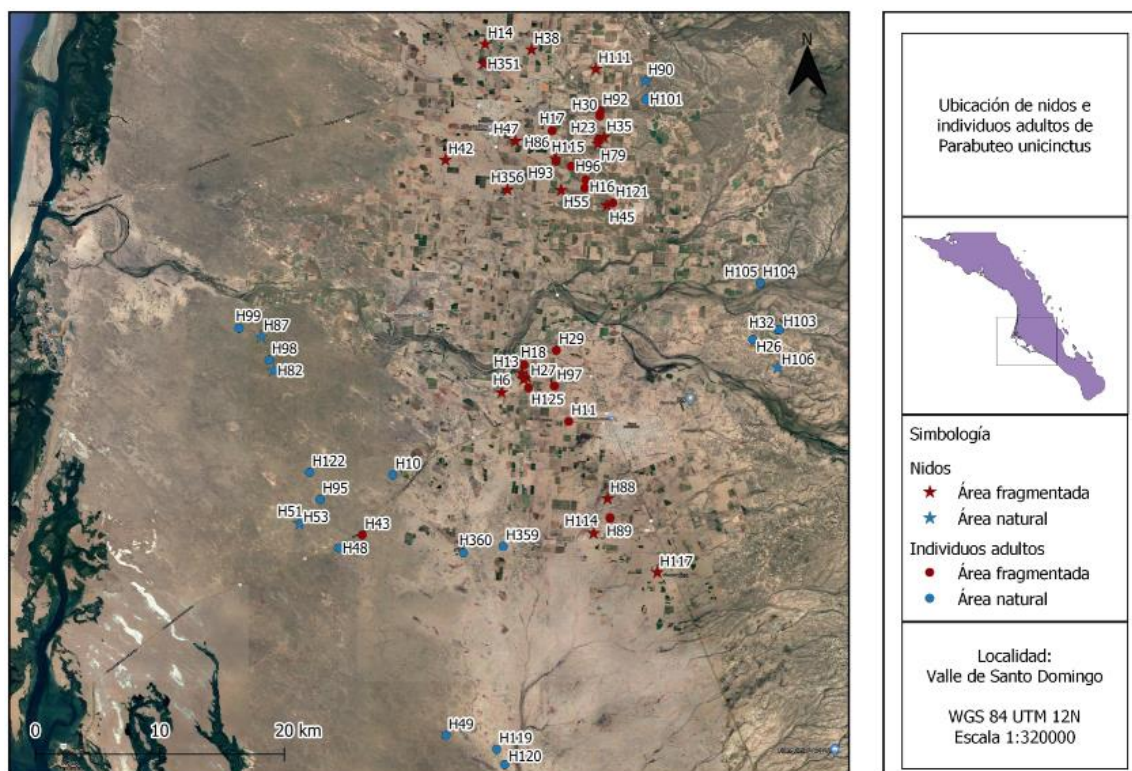
El sitio de estudio se encuentra localizado en el valle de Santo Domingo, Baja California Sur, México (25°05'N, 111°41' W). El clima predominante es de tipo seco, seco semicálido, y muy seco muy cálido. La temperatura promedio oscila entre los 14-24°C, siendo la máxima y la mínima promedio de 43.3°C y 1.9°C. El régimen de lluvias ocurre en verano; la precipitación invernal es el orden del 30% anual. La precipitación media anual es de 138.6 mm/ al año, la temporada de lluvias es de julio a septiembre (INEGI 2009; CONAGUA 2015).

La vegetación consiste en su mayoría en matorral (80.4%), donde por lo general predominan especies como: el Cardón (*Pachycereus pringlei*), la pitahaya agria (*Stenocereus gummosus*), el ocotillo (*Fouquieria diguetii*), lomboy (*Jatropha cinérea*) y el datilillo (*Yucca valida*) (INEGI 2009; INEGI 2016).

El área de estudio se encuentra dentro de unas las principales regiones agrícolas del estado y hasta la fecha se ha encontrado en constante uso y presión desde finales de los años cincuenta, principios de los 60, con lo que ha habido un significativo cambio de uso de suelo quedando cerca del 8% de la cobertura vegetal inicial y dejando un ambiente altamente fragmentado, con alrededor de 122 parches de vegetación nativa de distintos tamaños, insertos en una matriz agrícola (Munguía-Vega et al. 2013). La agricultura es una de las principales actividades en esta área donde se cultiva principalmente avena, trigo, alfalfa, naranjo, etc (INEGI 2009; Troyo-Diéguez et al. 2010).

A lo largo de la zona de estudio, durante los años 2009 y 2010 se identificaron y capturaron un total de 85 individuos (57 pertenecientes a la zona fragmentada y 28 a la zona natural) de *P. uncinatus* a los cuales se les extrajeron 1mL de sangre mediante venipuntura de la vena braquial (Figura 2).

En todos los mapas presentados se movieron las coordenadas de los nidos con la intención de evitar cualquier posible robo o expoliación de los nidos.



**Figura 2:** Ubicación de nidos e individuos adultos de *Parabuteo unicinctus*. 85 individuos fueron encontrados en el área de estudio, 57 eran pertenecientes al área fragmentada, mientras que 28 al área natural. Los individuos se encuentran divididos por tipo de área; los adultos presentan su identificador personal (H#), mientras que las crías se encontraban dentro de sus nidos, los cuales se presentan por su número asignado.

## 6.2 Cuantificación de ADN

El ADN fue extraído a través de métodos estándar de fenol cloroformo y los individuos se sexaron utilizando marcadores sexo-específicos a través de amplificaciones la técnica reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Fridolfsson y Ellengren 1999) en el Laboratorio de Ecología Molecular en la Estación Biológica de Doñana (España). Las muestras de ADN se enviaron a La Paz, Baja California Sur, y posteriormente una parte fue deshidratada y enviada al laboratorio de Conservation Genetics en la University of Arizona, Tucson, Arizona.

EL ADN se rehidrató con 40  $\mu\text{L}$  de agua y se dejó en reposo a 37 °C por un periodo de 24 horas. Una vez rehidratadas las muestras, se cuantificaron con la intención de determinar si contaban con la suficiente cantidad de ADN para estudios posteriores. La cuantificación se realizó utilizando un fluorómetro Qubit 3.0 siguiendo el siguiente procedimiento:

- Se preparó una mezcla maestra (MM): La MM contiene el número total de muestras más dos controles y un extra (89 x 199  $\mu\text{L}$  Buffer) + (89  $\mu\text{L}$  de tinte-reagente Qubit). Una vez agregado el tinte se cubre de la luz puesto a que este es fotosensible.
- Se prepararon los controles: 190  $\mu\text{L}$  de MM + 10  $\mu\text{L}$  de control.
- Las muestras se prepararon: 198  $\mu\text{L}$  de MM + 2  $\mu\text{L}$  de ADN.
- Se realizó vortex a los controles y a las muestras.
- Se incubaron los controles y las muestras a temperatura ambiente por 2 minutos.
- Se insertaron los controles a en el fluorómetro y se tomaron las medidas.
- Se insertaron las muestras y se tomaron las medidas.

Una vez realizada la cuantificación, las muestras se diluyeron a una concentración final de 15 nm/ $\mu\text{L}$  en un volumen final de 200  $\mu\text{L}$ .

### **6.3 Detección y selección de loci polimorficos**

Para poder realizar los análisis genéticos que requeríamos de acuerdo a los objetivos de esta tesis, se decidió utilizar microsatélites como marcadores moleculares. Debido a que no había microsatélites diseñados específicamente para *P. unicinctus* se buscaron las especies emparentadas más cercanas que tuviesen marcadores moleculares disponibles (en este caso, *Buteo buteo* y *B. jamaicensis*) (Lerner & Mindell 2005). Se tenía registro de que los microsatélites hechos para estas especies habían amplificado en especies emparentadas, y siendo el caso que microsatélites que se utilizaron para *B. jamaicensis* prevenían originalmente de *B. swainsoni* (Martínez-Cruz & Camarena 2018).

Se seleccionaron un total de 24 loci microsatélites provenientes de las 2 especies, 17 provenientes de *B. swainsoni* y 7 de *B. buteo*. Los marcadores se seleccionaron aleatoriamente siempre y cuando cumpliesen el requisito de presentar un número de alelos ( $N_a \geq 2$ ) y que a su vez no presentase variación ( $\leq 0.06$ ) entre la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y la esperada ( $H_e$ ) (ver Johnson *et al.* 2005; Hull *et al.* 2007).

Se seleccionaron 2 muestras que presentaron la mayor cantidad de ADN con la intención de no quedarnos sin ADN durante el proceso de ensayo, y con estas se probó la funcionalidad de cada marcador.

Para los microsatélites provenientes de *B. swainsoni* se siguieron las condiciones de PCR indicadas por Hull *et al.* (2007), en un volumen final de 10  $\mu$ L: 1  $\mu$ L de buffer 10x de PCR (Qiagen), 2.5 mM  $MgCl_2$ , 0.2 mM dNTP (Qiagen), 0.5 U/ $\mu$ L ADN polimerasa (Quiagen), 4  $\mu$ L de ADN y los cebadores delanteros con un colorante fluorescente M13 (NED, PET, FAM o VIC) en conjunto con el reverso a diferentes concentraciones las cuales iban de 0.2 a 0.4  $\mu$ m. Los parámetros del termociclador fueron las siguientes: 1 ciclo de desnaturalización a 94°C por 2 minutos, seguido por 30 ciclos de desnaturalización de 30 segundos a 94°C, 30 ciclos alineamiento de 45 segundos a 58°C, 30 ciclos de extensión 45 segundos a 72°C y 1 extensión final de 30 minutos a 72°C, después se dejaron en reposo a 15°C hasta se usarán en análisis posteriores.

Para los marcadores microsatélites de *B. buteo* se realizaron de PCR siguiendo las condiciones indicadas por Johnson *et al.* (2005) en un volumen final de 10  $\mu$ L: 1  $\mu$ L de 10x buffer de PCR (Qiagen), 1.5 mM  $MgCl_2$ , 0.2 mM dNTP (Qiagen), 0.5 U/ $\mu$ L ADN polimerasa (Quiagen), 4  $\mu$ L de ADN y los cebadores delanteros con un colorante fluorescente M13 (NED, PET, FAM o VIC) en conjunto con el reverso a diferentes concentraciones las cuales iban de 0.2 a 0.4  $\mu$ m. Los parámetros del termociclador fueron las siguientes: 1 ciclo de desnaturalización a 94°C por 2 minutos, 12 ciclos de desnaturalización de 45 segundos a 94°C, 12 ciclos de alineamiento de 50 segundos a 48°C, 12 ciclos de extensión de 50 segundos a 72°C, después se llevó una segunda fase de alineamiento con 22 ciclos de 45 segundos a 89°C, 22 ciclos de alineamiento de 45 segundos a 48°C, 22 ciclos de extensión

50 segundos a 72°C y 1 extensión final de 5 minutos a 72°C, después se dejaron en reposo a 4°C hasta se usarán en análisis posteriores.

Al momento de realizarse los PCR por cada 10 individuos analizados se le agrega el equivalente a 1 muestra adicional a la MM y se hace el ajuste correspondiente (esto con la intención de que en caso de una eventualidad, exista MM para realizar análisis (Figura 3).

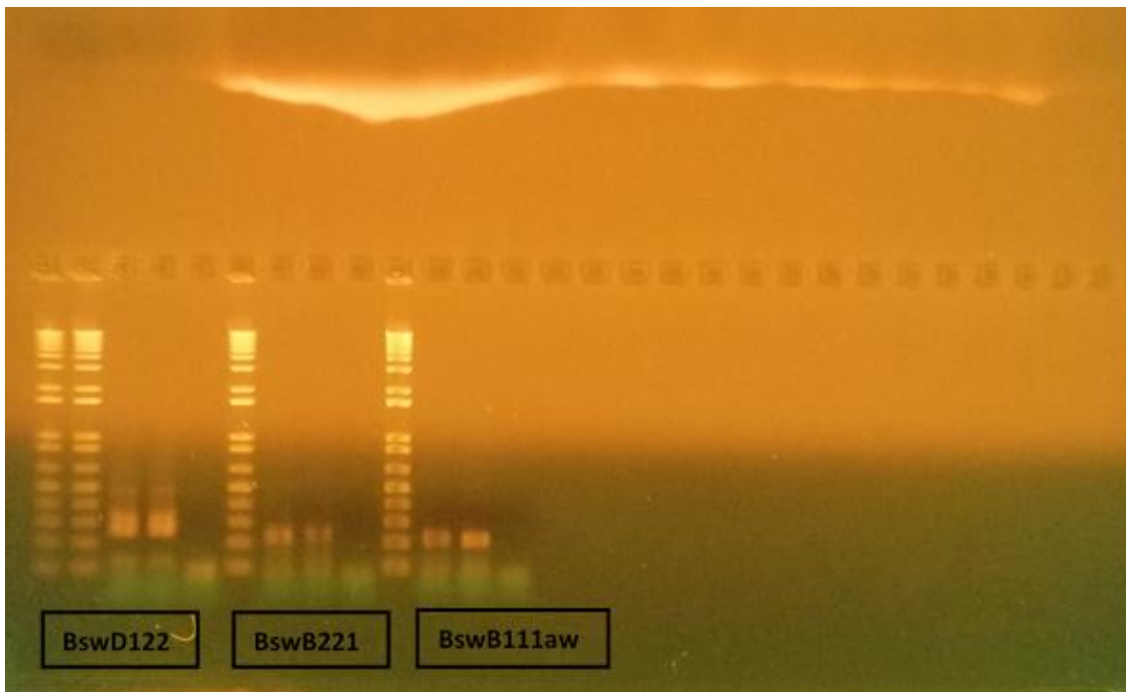
Microsatellites - PCR template for Qiagen				Date:		
Number of Samples	4				Rxn Vol	10
Reagent	Volume (uL)	[INITIAL]	[UNITS]	[FINAL]	[UNITS]	Master Mix
PCR H <sub>2</sub> O	3.3	-		-		13.2
Buffer: 10X (+ 1.5 mM MgCl <sub>2</sub> )	1	10	X	1	X	4
MgCl <sub>2</sub> : Qiagen (Total 2.5 mM)	0.4	25	mM	1.0	mM	1.6
dNTP: Qiagen	0.2	10	mM	0.2	mM	0.8
M13 Labeled vic*	0.4	10	uM	0.4	uM	1.6
Primer: F	0.2	10	uM	0.2	uM	0.8
Primer: R	0.4	10	uM	0.4	uM	1.6
BSA	0	1	%	0	%	0
Taq: taq	0.1	5	U/uL	0.5	U	0.4
						<b>24</b>
DNA Template (5ng/uL)	4			Markers: BswD122		
Total	10			BswB221		
				BswB111aw		
*UAGC uses 500LIZ - orange for ladder						

**Figura 3:** Plantilla utilizada para el cálculo de las reacciones de PCR. Esta plantilla se utilizó para la prueba inicial de microsatélites en los individuos H26 y H30, también incluye agua como control negativo y 1 extra. Los loci probados fueron 3 pertenecientes a *B. swainsoni*: BswD122, BswB221, BswB111aw.

Para poder ver si las amplificaciones de PCR funcionaron, cada una fue probada en gel de agarosa a 1.5%  $\mu$ /v. Cada gel fue hecho siguiendo el siguiente procedimiento: 1.5g de agarosa y 100 ml de 1X TBE buffer cocinados por 50-60 segundos, después se agregan 10



$\mu\text{l}$  de bromuro de etidio a la mezcla. Cuando la mezcla se enfría, antes de que solidifique, esta se vierte en las bandejas para electroforesis junto con los peines para gel y puestas en la cámara para gel. Los geles son cargados con una mezcla de  $2.5 \mu\text{L}$  de tinte 2X y  $2.5 \mu\text{L}$  de cada producto de PCR, adicionalmente al menos 2-5 pozos fueron cargados con  $6 \mu\text{L}$  de 1kb ladder. Los geles usualmente se corrían por 40 minutos en promedio a 70-100 volts (Figura 4).



**Figura 4:** Gel de agarosa para poder ver físicamente si los productos de PCR amplificaron. Los primeros 2 carriles cuentan con 2 ladder 1 kb la cual nos sirve como indicador aproximado del número de tamaño de pares de bases que cuenta el producto de PCR amplificado, a su vez también sirve como divisor entre los marcadores probados. En los carriles siguientes a las escaleras se encuentran las muestras H26, H30 y el control negativo en ese orden en cada caso. Los loci probados en este gel son perecientes a *B. swainsoni*: BswD122, BswB221, BswB111aw.

#### 6.4 Caracterización de genotipos

Antes de obtener una caracterización de genotipos general de la población se obtuvo uno preliminar de las 2 muestras utilizadas durante la prueba de los cebadores. Esta caracterización se obtuvo al diluir a 1/4 los resultados de PCR, esto agarrando 2  $\mu\text{L}$  de producto y agregando 6  $\mu\text{L}$  de agua, después se solicitó un análisis de fragmentos a una dilución de 1/100 para obtener una dilución final de 1/400. Los fragmentos fueron visualizados utilizando el software GeneMarker v3.0.1.

Basándonos en el tamaño de pares de bases observados, para comprobar que los tamaños obtenidos fuesen reales y verificar que los microsatélites realmente mostrasen polimorfismo se replicó el paso anterior pero esta vez con un mayor número de individuos, agregándose 6 nuevas muestras aleatorias y algunas de las muestras anteriores pasaron a funcionar como controles positivos.

Los microsatélites se dividieron en diferentes grupos y se les agregó un colorante M13 (la cantidad de colorante M13 debe de ser igual o menor a la mitad del cebador trasero) diferente a cada cebador delantero (debe de ser la mitad del cebador trasero) con la intención de crear sets de multiplex, una técnica que permite agrupar múltiples marcadores diferentes en la misma muestra. A cada marcador se le asigna un colorante diferente, los marcadores no deben traslaparse y deben de presentar tamaños diferentes, si cuentan con una amplia distancia de pares de bases, se pueden utilizar el mismo colorante. Esta técnica facilita la caracterización del genotipo y ahorra recursos (Schuelke 2000).

Se obtuvo el genotipo de estos individuos y se seleccionaron los 12 loci que amplificaron en el mayor número de alelos ( $\geq 3$ ) y que a su vez también fuesen fáciles de leer, los picos alélicos estuviesen bien marcados, y que presentasen pocos productos artificiales que complican la interpretación de los resultados o la evaluación estadística.

Posteriormente se hizo una tercera repetición usando solamente los microsatélites seleccionados en un juego total con 12 muestras en las cuales se encontraban algunas de las muestras anteriores funcionando como controles positivos, y de igual manera corroborar resultados anteriores.

Al obtener el genotipo de estos individuos se buscaron la presencia de productos artificiales. Se eliminó uno de los 12 loci microsatélite seleccionados debido a que falló en amplificar, lo que nos dejó con un juego final de 11 loci microsatélite.

Se realizaron los PCR en las muestras restantes. Los 11 loci microsatélite se separaron en dos sets diferentes para realizar multiplex y se mandaron para análisis de fragmentos.

Una vez obtenidos los fragmentos se volvió a utilizar el programa GeneMarker V3.0.1 para la visualización de los fragmentos. Se crearon dos paneles dentro del programa, uno para cada set de Multiplex, esto permitió la lectura rápida de los alelos. Finalmente se realizó una asignación categórica a los alelos obtenidos utilizando el programa FlexiBinV2 (Amos *et al.* 2006) el cual funciona como macro de Excel y con esto se pudo tener un genotipo final de la población.

2 marcadores fueron eliminados (BswB220, BswA111) debido a que durante la caracterización no amplificaron en suficientes muestras (mayor al 10%) (Hull *et al.* 2008) y se eliminaron del juego final, dejándonos con 9 loci.

La tabla I indica los loci seleccionados, las secuencias de cebadores, el set de multiplex perteneciente, el colorante M13 agregado, el diseño de repetición, las temperaturas óptimas anillamiento, las concentraciones de MgCl<sub>2</sub>, el número de alelos encontrados y la homocigosidad esperada y observada.

**Tabla I:** Caracterización de marcadores en *P. unicinctus*. Las Temperatura ( $T_M$ ) se encuentra en °C, la concentración de MgCl<sub>2</sub> en nM. Los números de alelos ( $N_A$ ) y los rangos observados se encuentran pares de bases (bp). La heterogocidad observada ( $H_O$ ) y esperada ( $H_E$ ) fue calculada en un grupo de 55 individuos. 9 loci utilizados provinieron de 2 especies emparentadas *B. buteo* y *B. swainsoni*.

Locus	Multiplex set	M13	repetición	Secuencia de cebador (5'-3')	TM	MgCl <sub>2</sub>	Na	bp	Ho	He
Bbu33	B	NED	(GT)12	F: TGCCGCCATCTTACTGAAG R: ATCACAAAGATAGCCAGCTATGG	48	1.5	3	194- 200	0.255	0.225
Bbu34	A	VIC	(AC)12	F: AGACCAGCAAACCCAAACAG R: TTGATATATCTTGCTCCATGCTG F:	48	1.5	3	171- 175	0.130	0.122
Bbu42	B	PET	(GGGT)5(GA)5	GGGATAAGAATGCCAGAACTTG R: TGGGTGGCTAAATCTTGAGG	48	1.5	4	199- 205	0.373	0.434
Bbu46	A	PET	(AC)12	F: TGAACCCTGGAGAAAGATGC R: CAATTTGGGGAGACGTGATG F: CTGAAAATGTCACCACAACAAA R:	48	1.5	6	194- 206	0.759	0.747
BswA317w	A	PET	(CA)17	TGAGTAAGCACAGGAGATGGAT R: TGAGTAAGCACAGGAGATGGAT	58	2.5	7	401- 414	0.653	0.663
BswD127	A	FAM	(GAGAA)9	F: CAGGGTGGACAGACAGGTAG R: GTGAGGCAGTTGGACTTGAT	58	2.5	9	150- 198	0.727	0.739
BswD220w	B	VIC	(GAGAA)11	F: TAACTTTTGGTCAGCCCTGAAT R: TCTGTGGCACTGCAATGAAT	58	2.5	5	318- 339	0.769	0.785
BswD234w	B	FAM	(GAGAA)17	F: GGAATTGCATAGGTCAAACACA	58	2.5	8	223- 257	0.843	0.822

				R:						
				CTGTGCAACATATTATTTCCCTTG						
BswD310w	A	PET*	(GAGAA)24	F: GAACAATTTGGGATACTGA	58	2.5	12	255- 316	0.648	0.866
				R: TAATGCCATGATGTTATCAGAC						
<b>Promedio</b>								6.333	0.573	0.6

---

\*El colorante M13 debió de haber sido VIC pero debido a un error se terminó usando PET. Este error agregó dificultad a la lectura debido al traslapo de artifacts, pero una vez que fueron identificados y eliminados, el marcador fue utilizado para la caracterización.

### 6.5 Análisis genético de diversidad

Los microsatélites fueron examinados usando el programa GENEPOP 4.2 (Raymond y Rousset, 1995) para determinar si se presenta desequilibrio de ligamento. Los 55 individuos eran provenientes de 2 temporadas reproductivas (2009 y 2010) y se utilizaron implementar las pruebas de cadena de Markov (Guo & Thompson 1992) con 1000 d desmoronizaciones, 100 lotes y 1000 iteraciones por lote.

Se utilizó GenAlex 6.5 (Peakall y Smouse 2006) para probar si los marcadores se encontraban en equilibrio de Hardy-Weinberg (HW). GenAlex también fue utilizado para calcular el número de alelos ( $N_a$ ), el número de alelos efectivos ( $N_e$ ), la heterocigosidad observada ( $H_o$ ), esperada ( $H_E$ ) y libre de sesgo ( $uH_E$ ) y el índice de fijación ( $F$ ) para la población y las subpoblaciones ( $F_{is}$ ). Estas mismas pruebas se repitieron 3 veces donde se fue subdividiendo cada vez más la población para comparar dentro de ella las diferencias genéticas que podían presentar. Las subdivisiones fueron las siguientes:

1. La diferencia entre individuos del área natural con la fragmentada.
2. La diferencia de sexos, entre individuos en el área natural y la fragmentada.
3. La diferencia en estadios de edad (crías y adultos), y sexos, entre individuos en el área natural y fragmentada (2 muestras pertenecían a juveniles, estos se consideraron como adultos puesto a que contaban con la madurez sexual para entrar en el ciclo reproductivo).

Se realizó un análisis molecular de varianzas (AMOVA) para estimar la proporción de diferenciación entre las diferentes subdivisiones y si esta era significativa ( $P < 0.05$ ). El análisis se realizó usando GenAlex a 999 permutaciones. Los siguientes índices fueron estimados en esta prueba:  $F_{st}$  para medir la diferenciación entre poblaciones,  $F_{is}$  para medir la diferenciación entre individuos y  $F_{it}$  para la diferenciación dentro de los individuos.

## 6.6 Análisis de parentesco

Se evaluó la eficiencia de los loci como herramienta para pruebas de verificación de identidad y paternidad en la población estudiada, se obtuvieron estimados de probabilidad de identidad (PI) y los cuales nos indican probabilidad de que 2 individuos y dos individuos hermanos (PISibs) sean seleccionados aleatoriamente en la población y presenten genotipos idénticos para un locus, así como las probabilidades acumuladas de estas que es la que se obtiene al ir agregando marcadores. Se utilizó el programa GenAlex 6.5 (Peakall y Smouse 2006) para esta prueba y se realizó en cada repetición.

Cuando se analizan pruebas de parentesco, su grado se basa en la observación de la proporción de alelos que dos organismos emparentados comparten entre sí. Dos individuos gemelos idénticos presentan un coeficiente de relación de ( $r$ ) de 1.0; dos hermanos con los mismos padres, así como padre e hijo, comparten una  $r$  de 0.5; hermanastros comparten una  $r$  de 0.25, de igual manera también lo hacen nietos con abuelos y tíos con sobrinos; finalmente los primos entre sí, así como los bisabuelos con los bisnietos presentan una  $r$  de 0.125 (ver tabla II, Freeland *et al.* 2011).

**Tabla II:** Coeficientes de relación en especies diploides. Dos individuos que presentan un coeficiente de relación de 0.5 tienen un 50% de alelos en común (tomada de Freeland *et al.* 2011).

Coeficiente de relación ( $r$ )	Ejemplos
1	Gemelos idénticos
0.5	Padres y crías Hermanos completos (ambos padres en común)
0.25	Abuelos y nietos Tías/tíos y sobrinas/sobrinos
0.125	Primos Bisabuelos y bisnietos

Utilizando GenAlex 6.5 a través de un análisis de comparación por pares se obtuvo el valor del estimador de  $r$  (QGR) (Queller y Goodnight, 1989) para obtener una medida directa de parentesco.

Posteriormente realizó un análisis de medias poblacionales para los coeficientes del valor de (QGM) a 999 permutaciones y a 1000 Bootstraps con la intención de ver si había diferencia en los valores medios de parentesco entre el área fragmentada y el área natural. A su vez esto se repitió en las comparaciones entre sexos y las comparaciones de estadio (pollos y adultos).

### **6.7 Reconstrucción por hermanos**

Se realizó una prueba de reconstrucción por hermanos para asignar el parentesco y así ver la relación entre individuos presentes en el área de estudio. La prueba de reconstrucción por hermanos funciona con base un algoritmo de máxima verosimilitud, donde utilizando los genotipos de las crías las clasifica en hermanos, medios hermanos o sin relación, posteriormente usando estas clasificaciones reconstruye el genotipo de los posibles padres, el cual es utilizado para asignar el parentesco (Jones *et al.* 2010).

Para ello se utilizó el programa COLONY v. 2.0.6.5 (Wang, 2018) para asignar el parentesco entre individuos del valle de Santo Domingo y determinar las relaciones entre individuos. Se realizó una corrida de mediana duración donde se agregó el genotipo de 29 crías, 10 posibles padres y 16 posibles madres; se eligió un sistema polígamo, se utilizó la frecuencia alélica que el mismo programa generó, se incorporó un error de genotipo estandar de 0.001 para cada locus y el resto de las configuraciones se dejaron de default.

Las asignaciones se compararon con el grado de relación de cada pareja (valores de  $r$ ) obtenidos en el análisis de parentesco y las coordenadas geográficas de los nidos como de los adultos para ver los tipos de relaciones presentes en las áreas y en la zona de estudio.

Como cada pareja presenta una probabilidad diferente, con el fin de determinar cuál sería una probabilidad aceptable, se compararon que las probabilidades concordaran con los valores correspondientes para hermanos (0.5) y medios hermanos (0.25). Se hicieron 3

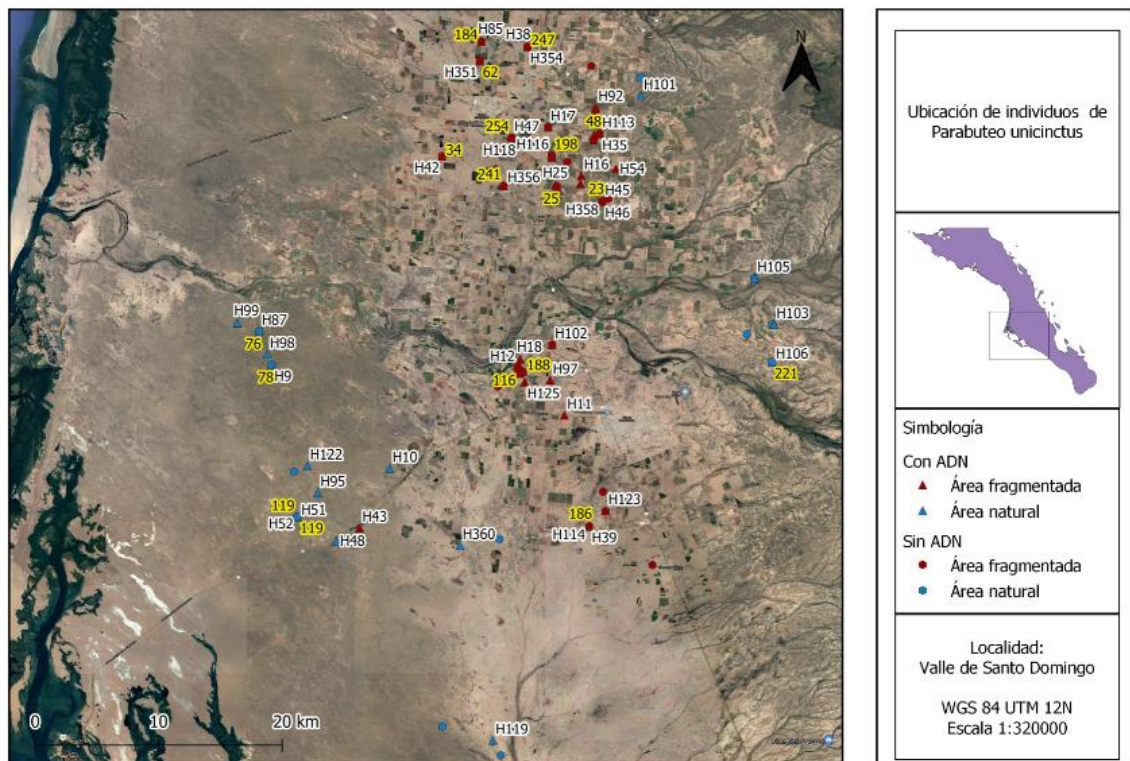


escenarios donde se aceptan como hermanos y medios hermanos todos los individuos con una probabilidad igual o mayor del 0.5 (apéndice D) otro del 0.4 (apéndice E) y otro del 0.35 (apéndice F). De esta manera podemos ver qué probabilidad presenta un mayor porcentaje de correspondencia y así poder abarcar un mayor y mejor juego de datos.

## 7. RESULTADOS

### 7.1 Cuantificación de ADN

De las 85 muestras de sangre obtenidas y cuantificadas (Apéndice A), se eliminaron aquellas muestras que no presentasen suficiente cantidad de ADN (concentración original de ADN menor a 15 ng/ $\mu$ L) eliminándose de esta manera 25 muestras en análisis posteriores, y teniendo entonces un total de 60 muestras (Figura 5). De las 60 muestras cuantificadas caben destacar las muestras: H16, H18, H26, H30, H31, H32, H34, H43, H99, H104, H107, H116, H118, H122, puesto que algunas de las muestras resultaron con una alta concentración (mayor a 370 nM/ $\mu$ L) con respecto a las demás y por ello fueron seleccionadas para realizar pruebas en análisis posteriores.



**Figura 5:** Ubicación de los individuos de *Parabuteo unicinctus*. Aparecen en el mapa aquellas aves que se usaron para los análisis genéticos. Aquellos individuos que no presentaron suficiente ADN a lo largo de los análisis fueron eliminados. Los individuos adultos aparecen con su identificador personal (H#) en blanco, mientras que las crías aparecen con el número de nido remarcado en amarillo.

## 7.2 Detección y selección de loci polimórficos

A través de la prueba en gel de agarosa se pudo comprobar que de los 7 loci microsatélites de *B. buteo* el locus Bbu03 falló en amplificar, mientras de los 17 loci microsatélites pertenecientes a *B. swainsoni* los loci BswA303w, BswA312w, BswD210 no amplificaron.

Con los microsatélites que amplificaron, al realizarse el análisis de fragmento el locus BswD122 perteneciente *B. swainsoni* no presentó señal de fragmentos y se consideró como que falló en amplificar; así mismo, los loci BswA302w, BswD327, Bbu51 resultaron monomórficos para 241pares de bases (bp), 170bp y 181bp respectivamente y por ende no son informativos (Apéndice B).

## 7.3 Caracterización de genotipos

De las 85 muestras obtenidas, solo 60 presentaron suficiente ADN para poder obtenerse una caracterización de genotipos. A su vez se eliminaron todos los ejemplares que tuviesen un alto número de datos faltantes (3 marcadores, 25%) puesto que reducían la efectividad de los marcadores; de igual manera se eliminaron los marcadores que mostraran fallas en amplificar en varias muestras y por ende presentasen un margen de error mayor del 10% (Hull *et al.* 2008). De tal manera que se obtuvo un genotipo final (Apéndice C) de la población del Valle de Santo Domingo donde se presentan 55 individuos con 9 marcadores; 39 pertenecían al área fragmentada y 16 al área natural.

La tabla III nos indica el número de individuos caracterizados, así como el número de individuos por área perteneciente, estadio de edad y sexo. En el área fragmentada 7 muestras pertenecían a hembras adultas, 8 eran machos adultos, 13 crías eran hembras y 11 machos; del área natural 9 muestras pertenecían a hembras adultas, 2 a adultos machos, 2 a crías hembras y 3 crías machos.

**Tabla III:** Número de individuos por tipo de área, el estadio de edad y sexos.

	Área	
	Fragmentada	Natural
<b>Adultos</b>	15	11
Hembras	7	9
Machos	8	2
<b>Crías</b>	24	5
Hembras	13	2
Machos	11	3

#### 7.4 Análisis genético de diversidad

Tras realizarse una corrección de Bonferroni (Rice, 1989) ( $P > 0.001$ ) a los resultados otorgados por GENEPOP, no se detectó desequilibrio de ligamiento en ningún par de loci, indicando que los resultados son independientes para cada par de loci.

Los marcadores no presentaron evidencia significativa de estar en equilibrio de Hardy-Weinberg ( $P > 0.005$ ), y por ende hay variación genotípica dentro de la población.

En los análisis de diversidad genética se usaron muestras de 55 individuos utilizando 9 loci microsatélites; permitiendonos conocer para la población del valle de Santo Domingo (Tabla IV) el número de individuos promedio determinado por un conteo de proporción de alelos diferentes (N) ( $52.333 \pm 0.667$ ), el número de alelos ( $N_a$ ) ( $6.333 \pm 0.667$ ), el número de alelos efectivos ( $N_e$ ) ( $3.630 \pm 1.000$ ), la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) ( $0.573 \pm 0.085$ ) y la esperada ( $H_e$ ) ( $0.600 \pm 0.091$ ), junto con la heterocigosidad esperada libre de sesgo ( $uHe$ ) ( $0.606 \pm 0.092$ ), el índice de fijación (F), el que indica endogamia o posibles alelos nulos ( $0.023 \pm 0.038$ ). Los valores de  $H_o$ ,  $H_e$  y  $uHe$  indican la diversidad genética de la población, se comparan los valores obtenidos con los esperados.

**Tabla IV:** Indicadores de diversidad genética de la población del valle de Santo Domingo. Se presentan los valores de media obtenidos para cada indicador y sus respectivos errores estándar (SE).

Población		N	$N_a$	$N_e$	$H_o$	$H_e$	$uHe$	F
Valle de Santo Domingo	Media	52.333	6.333	3.630	0.573	0.600	0.606	0.023
	SE	0.667	1.000	0.700	0.085	0.091	0.092	0.038

En la comparación de individuos entre áreas (Tabla V), en los análisis de diversidad genética se analizaron 39 individuos del área fragmentada, de los cuales N fue  $37.222 \pm 0.596$ , y se encontró una deficiencia de heterocigotos en esta área ( $H_o = 0.587 \pm 0.084$ ;  $H_e = 0.612 \pm 0.090$ ;  $uHe = 0.612 \pm 0.091$ ). Mientras que en el área natural se analizaron 16

individuos, de los cuales N fue de  $15.111 \pm 0.261$ ; en esta área la homocigosis fue mayor ( $H_o = 0.541 \pm 1.000$ ;  $H_e = 0.558 \pm 0.088$ ;  $uH_e$  fue de  $0.577 \pm 0.091$ ) con relación a la fragmentada. El Fis en el área natural fue mayor ( $0.041 \pm 0.077$ ) con respecto al del área fragmentada ( $0.002 \pm 0.041$ ), lo cual indica mayor endogamia en el área natural y ello explicaría que los individuos del área natural sean más homocigotos.

Al comparar entre áreas, el área fragmentada demostró mayor número de diversidad alélica como alélica efectiva; también presentó mayor heterocigosidad observada y esperada, de igual manera presentaron menor índice de fijación, indicando que los individuos en el área fragmentada son más diversos genéticamente.

El AMOVA encontró variación significativa al compararse entre los grupos del área natural y fragmentada ( $F_{st} = 0.015$ ,  $P = 0.02$ ;  $F_{is} = 0.146$ ,  $P < 0.001$ ;  $F_{it} = 0.158$ ,  $P < 0.001$ ). El porcentaje de variación entre poblaciones encontrado fue de 1%; la variación entre individuos (al compararse entre individuos) fue de 14%; la diferenciación dentro de los individuos (dentro de la población) fue de 84%.

**Tabla V:** Indicadores de diversidad genética entre tipos de áreas.

Área		N	Na	Ne	Ho	He	uHe	Fis
Área fragmentada	Media	37.222	6.000	3.542	0.587	0.604	0.612	0.002
	SE	0.596	1.000	0.610	0.084	0.090	0.091	0.041
Área Natural	Media	15.111	4.556	3.039	0.541	0.558	0.577	0.041
	SE	0.261	0.766	0.535	0.100	0.088	0.091	0.077

En la comparación entre áreas con relación al sexo (Tabla VI) los análisis de diversidad genética se analizaron en el área fragmentada 20 individuos hembras ( $N = 18.889 \pm 0.423$ ) y 19 machos ( $18.333 \pm 0.333$ ), y en esta área se presentó un déficit de heterocigotos en hembras ( $H_o = 0.569 \pm 0.094$ ;  $H_e = 0.581 \pm 0.095$ ;  $uH_e = \pm 0.097$ ), pero no en machos ( $H_o =$

$0.610 \pm 0.083$ ;  $He\ 0.610 \pm 0.086$ ;  $uHe= 0.627 \pm 0.088$ ). En el área natural se analizaron 11 individuos hembras ( $N= 10.111 \pm 0.261$ ) y 5 machos ( $N= 5.000 \pm 0.000$ ) y se presentó un exceso de heterocigotos en hembras ( $Ho= 0.541 \pm 0.119$ ;  $He= 0.522 \pm 0.095$ ;  $uHe= 0.549 \pm 0.100$ ) pero no en machos ( $Ho= 0.533 \pm 0.094$ ;  $He= 0.531 \pm 0.074$ ;  $uHe= 0.590 \pm 0.082$ ).

En el área fragmentada los machos presentan mayor heterogositad que las hembras, por ende, los machos son los que incrementan la diversidad genética al área. En el área natural se presentó el caso contrario, las hembras presentar mayor heterogositad con relación a los machos, siendo las hembras quienes incrementan la diversidad genética al área; no obstante, es posible que esta diferenciación se pueda deber a la diferencia entre los tamaños de muestras. En general se mantiene el mismo patrón, donde los individuos en área fragmentada tanto en hembras como en machos son más diversos genéticamente que los de área natural.

Cuando la población se agrupó por sexos y tipo de área, al realizarse el AMOVA no se encontró variación significativa ( $P < 0.05$ ) entre las poblaciones ( $F_{st} = 0.012$ ,  $P > 0.05$ ) pero sí entre ( $F_{is} = 0.144$ ,  $P < 0.001$ ) y dentro de los individuos ( $F_{it} = 0.154$ ,  $P < 0.001$ ). El porcentaje de variación entre poblaciones encontrada fue del 1%; la variación ente individuos fue del 14%; la diferenciación dentro de los individuos fue del 85%. Valores similares se observaron en el agrupamiento entre áreas, la variación solo se presenta entre y dentro de los individuos y se mantiene el patrón.

**Tabla VI:** Indicadores de diversidad genética entre tipos de áreas con relación al sexo.

Área		N	Na	Ne	Ho	He	uHe	Fis
<b>Área Fragmentada</b>								
<b>Hembra</b>	<b>Media</b>	18.889	5.222	3.353	0.569	0.581	0.597	-0.002
	<b>SE</b>	0.423	0.813	0.567	0.094	0.095	0.097	0.051
<b>Área Fragmentada</b>								
<b>Macho</b>	<b>Media</b>	18.333	5.222	3.508	0.601	0.610	0.627	-0.010
	<b>SE</b>	0.333	0.969	0.597	0.083	0.086	0.088	0.049
<b>Área Natural</b>								
<b>Hembra</b>	<b>Media</b>	10.111	4.222	2.900	0.541	0.522	0.549	-0.006
	<b>SE</b>	0.261	0.662	0.557	0.119	0.095	0.100	0.086
<b>Área Natural</b>								
<b>Macho</b>	<b>Media</b>	5.000	3.222	2.447	0.533	0.531	0.590	0.002
	<b>SE</b>	0.000	0.521	0.267	0.094	0.074	0.082	0.120

Al realizarse análisis de diversidad genética en los individuos de acuerdo a su estadio de edad, el sexo y tipo de área (Tabla VII) en el área fragmentada se analizaron 7 hembras adultas ( $N= 6.556 \pm 0.176$ ), 8 machos adultos ( $N= 7.556 \pm 0.338$ ), 13 crías hembras ( $N= 12.333 \pm 0.333$ ), y 11 crías macho ( $N= 10.778 \pm 0.147$ ). Se encontró un déficit de



heterocigotos en los machos adultos ( $H_o = 0.569 \pm 0.071$ ;  $H_e = 0.580 \pm 0.076$ );  $uH_e = 0.652 \pm 0.082$ ) y en las crías hembras ( $H_o = 0.549 \pm 0.095$ ;  $H_e = 0.580 \pm 0.092$ ;  $uH_e = 0.605 \pm 0.096$ ); también se encontró un exceso de heterocigotos en las hembras adultas ( $H_o = 0.603 \pm 0.107$ ;  $H_e = 0.552 \pm 0.096$ ;  $uH_e = 0.597 \pm 0.103$ ) y en las crías machos ( $H_o = 0.623 \pm 0.104$ ;  $H_e = 0.580 \pm 0.092$ ;  $uH_e = 0.605 \pm 0.0963$ ). Anteriormente obtuvimos que las hembras de la población presentaban un déficit de heterocigotos, aquí pudimos percatarnos que solo las crías son quienes presentan este déficit y lo aportan a las hembras del área; adicionalmente las crías presentan mayor índice de fijación ( $fis = 0.029$ ) que las adultas ( $Fis = -0.108$ ), indicando mayor endogamia y es por esto que la diversidad genética se reduce. Con los machos los adultos presentan un déficit, mientras que las crías presentan un exceso de heterocigotos; esto es lo que mantiene la heterocigosidad de los machos en el área. Con esto podemos percatarnos que las hembras adultas otorgan en el área la diversidad genética y esta se ve reflejada en las crías macho.

A su vez, en el área natural se analizaron 9 hembras adultas ( $N = 8.222 \pm 0.278$ ), 2 machos adultos ( $N = 2.000 \pm 0.000$ ), 2 crías hembras ( $N = 1.889 \pm 0.111$ ), y 3 crías macho ( $N = 3.000 \pm 0.000$ ) (Tabla VII). Los resultados indican exceso de heterocigotos en las hembras adultas ( $H_o = 0.554 \pm 0.119$ ;  $H_e = 0.526 \pm 0.016$ ;  $uH_e = 0.560 \pm 0.096$ ) y crías ( $H_o = 0.500 \pm 0.144$ ;  $H_e = 0.389 \pm 0.103$ ;  $uH_e = 0.556 \pm 0.147$ ), concordando con los resultados anteriores donde en el área natural en general se presentaba un exceso de heterocigotos. Sin embargo, es probable que esta variación en los resultados se deba a los tamaños de muestra bajos ( $N \leq 3$ ). De igual manera los resultados estadísticos para machos adultos y crías son bajos y también es posible sean así debido a los pequeños tamaños de muestra. A pesar de los resultados obtenidos, una tendencia importante se mantiene y es que la diversidad genética es mayor en el área fragmentada con respecto a la natural.

Cuando la población se agrupó en estadios, sexos y tipo de área, al realizarse el AMOVA no encontró variación significativa ( $P > 0.05$ ) entre las poblaciones ( $F_{st} = 0.005$ ,  $P = 0.397$ ) pero sí entre ( $F_{is} = 0.148$ ,  $P < 0.001$ ) y dentro de los individuos ( $F_{it} = 0.152$ ,  $P < 0.001$ ). El porcentaje de variación entre poblaciones encontrada fue de 10%; la variación entre individuos fue del 15%; la diferenciación dentro de los individuos fue del 85%. Al irse

subdividiendo la población en diferentes agrupaciones la variación dentro de las subpoblaciones se va reduciendo y aumenta el grado de variación entre y dentro de los individuos. En general, se mantiene la tendencia en el comportamiento de los datos donde el porcentaje de variación es bajo hasta llegar a ser nulo, y la diferenciación para la población y las subpoblaciones se encuentra relacionada a los individuos.

**Tabla VII:** Indicadores de diversidad genética según su estadio y sexo entre tipos de áreas.

Área		N	Na	Ne	Ho	He	uHe	Fis
<b>Área Fragmentada</b>								
<b>Adultos Hembras</b>	<b>Media</b>	6.556	4.333	3.219	0.603	0.552	0.597	-0.108
	<b>SE</b>	0.176	0.764	0.648	0.107	0.096	0.103	0.060
<b>Área Fragmentada</b>								
<b>Adultos Machos</b>	<b>Media</b>	7.556	4.222	3.265	0.569	0.608	0.652	0.021
	<b>SE</b>	0.338	0.619	0.531	0.071	0.076	0.082	0.081
<b>Área Fragmentada</b>								
<b>Crías Hembras</b>	<b>Media</b>	12.333	4.889	3.200	0.549	0.580	0.605	0.029
	<b>SE</b>	0.333	0.716	0.482	0.095	0.092	0.096	0.070
<b>Área Fragmentada</b>								
<b>Crías Machos</b>	<b>Media</b>	10.778	4.667	3.240	0.623	0.578	0.605	-0.083
	<b>SE</b>	0.147	0.745	0.555	0.104	0.092	0.096	0.053
<b>Área Natural Adulto</b>								
<b>Hembras</b>	<b>Media</b>	8.222	4.111	2.882	0.554	0.526	0.560	-0.026
	<b>SE</b>	0.278	0.676	0.552	0.119	0.091	0.096	0.100
<b>Área Natural Adultos</b>								
<b>Machos</b>	<b>Media</b>	2.000	2.222	2.052	0.333	0.444	0.593	0.233
	<b>SE</b>	0.000	0.278	0.286	0.118	0.069	0.093	0.220
<b>Área Natural Crías</b>								
<b>Hembras</b>	<b>Media</b>	1.889	2.222	2.067	0.500	0.389	0.556	-0.311
	<b>SE</b>	0.111	0.364	0.343	0.144	0.103	0.147	0.155
<b>Área Natural Crías</b>								
<b>Macho</b>	<b>Media</b>	3.000	2.667	2.125	0.667	0.469	0.563	-0.424
	<b>SE</b>	0.000	0.289	0.249	0.111	0.071	0.085	0.109

### 7.5 Análisis de parentesco

Los valores de los loci obtenidos en las pruebas de probabilidad de identidad (PI) e identidad de individuos hermanos (PISibs), así como la probabilidad acumulada de cada prueba se muestran en la tabla VIII.

PI y PISibs nos indican la probabilidad que tener dos individuos idénticos dentro de la población y cada marcador tiene su respectiva probabilidad; la probabilidad acumulada de cada uno de ellos es la probabilidad de tener individuos idénticos utilizando todos los marcadores. Se busca que la probabilidad acumulada presente el menor valor posible, al irse agregando marcadores se va reduciendo el valor de la probabilidad acumulada.

Las probabilidades de tener individuos iguales con cada loci aumentan conforme se reduce el número de individuos, por lo que usando únicamente un marcador en específico se va obteniendo una probabilidad alta (1.0); aun así, cuando utilizamos los 9 marcadores podemos apreciar una PI acumulada (1.2E-04, 1.8E-04) y PISibs acumulada (1.3E-02, 1.9E-02) bajas, aun en algunos grupos de las subdivisiones donde se tenían pocos individuos en (N=2).

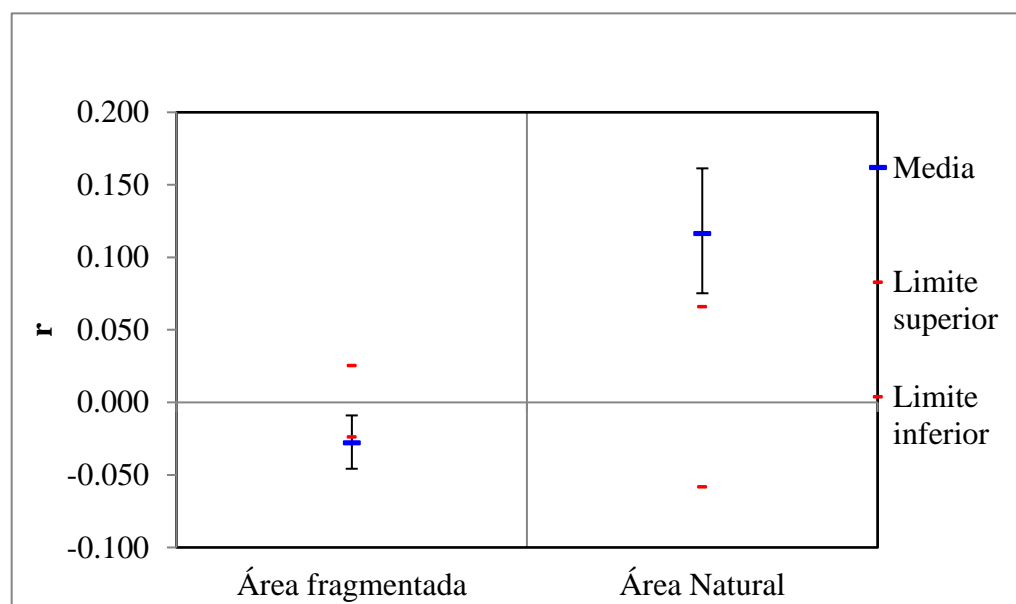
**Tabla VIII:** Valores de las pruebas de probabilidad de identidad (PI) y probabilidad de identidad entre hermanos (PISibs) para cada loci y la acumulada de estos. Una probabilidad alta (iguales o cercanos a 1.0) nos indica que 2 individuos sean seleccionados aleatoriamente en la población y presenten genotipos idénticos para un locus, mientras que la acumulada es la probabilidad total utilizando todos los loci.

Prueba	Locus											
	N	BswD127	Bbu34	Bbu46	BswD310	BswA317	BswD234	BswD220	Bbu33	Bbu42	Acumulada	
<b>Población</b>												
valle de Santo Domingo												
PI	55	1.0E-01	7.8E-01	1.1E-01	3.2E-02	1.7E-01	5.5E-02	8.0E-02	6.2E-01	3.7E-01	5.0E-08	
PISibs		4.1E-01	8.8E-01	4.0E-01	3.3E-01	4.6E-01	3.5E-01	3.8E-01	7.9E-01	6.3E-01	1.4E-03	
<b>Tipo de área</b>												
Área fragmentada												
PI	39	8.5E-02	7.4E-01	1.0E-01	4.0E-02	1.6E-01	6.6E-02	8.1E-02	6.7E-01	3.3E-01	4.9E-08	
PISibs		3.9E-01	8.6E-01	4.0E-01	3.4E-01	4.5E-01	3.7E-01	3.8E-01	8.2E-01	6.0E-01	1.4E-03	
Área Natural												
PI	16	2.0E-01	8.8E-01	1.4E-01	6.0E-02	2.5E-01	6.5E-02	8.6E-02	5.1E-01	4.9E-01	5.3E-07	
PISibs		4.9E-01	9.4E-01	4.3E-01	3.6E-01	5.2E-01	3.6E-01	3.8E-01	7.3E-01	7.0E-01	2.6E-03	
<b>Sexos y tipo de área</b>												
Área Fragmentada Hembra												
PI	20	8.4E-02	6.9E-01	8.2E-02	4.9E-02	1.7E-01	8.5E-02	9.5E-02	8.2E-01	4.5E-01	1.1E-07	
PISibs		3.8E-01	8.3E-01	3.8E-01	3.5E-01	4.6E-01	3.9E-01	4.0E-01	9.0E-01	6.8E-01	1.8E-03	
Área Fragmentada Macho												
PI	19	9.5E-02	8.1E-01	1.4E-01	4.0E-02	1.7E-01	6.0E-02	8.1E-02	5.6E-01	2.7E-01	5.3E-08	
PISibs		4.0E-01	9.0E-01	4.3E-01	3.4E-01	4.6E-01	3.6E-01	3.8E-01	7.5E-01	5.5E-01	1.3E-03	

Área Natural													
Hembra	PI	11	2.2E-01	8.2E-01	1.9E-01	5.7E-02	2.6E-01	7.1E-02	8.9E-02	8.1E-01	5.4E-01	1.3E-06	
	PISibs		5.1E-01	9.1E-01	4.7E-01	3.5E-01	5.3E-01	3.7E-01	3.9E-01	9.0E-01	7.4E-01	3.9E-03	
Área Natural													
Macho	PI	5	2.1E-01	1.0E+00	1.4E-01	1.4E-01	2.9E-01	1.2E-01	2.2E-01	3.9E-01	4.2E-01	5.0E-06	
	PISibs		4.8E-01	1.0E+00	4.4E-01	4.5E-01	5.5E-01	4.3E-01	4.9E-01	6.1E-01	6.5E-01	4.3E-03	
<hr/>													
<b>Estadio, sexo y tipo de área</b>													
Hembras Adultas													
Área													
Fragmentada	PI	7	9.4E-02	7.6E-01	8.2E-02	3.7E-02	2.8E-01	8.5E-02	1.6E-01	7.3E-01	5.6E-01	3.4E-07	
	PISibs		3.9E-01	8.7E-01	3.8E-01	3.3E-01	5.3E-01	3.9E-01	4.5E-01	8.6E-01	7.5E-01	2.6E-03	
Machos Adultos													
Área													
Fragmentada	PI	8	1.9E-01	7.9E-01	1.6E-01	7.4E-02	1.9E-01	4.8E-02	7.8E-02	4.6E-01	2.2E-01	1.3E-07	
	PISibs		4.7E-01	8.9E-01	4.6E-01	3.8E-01	4.8E-01	3.4E-01	3.8E-01	6.8E-01	5.0E-01	1.5E-03	
Crías													
Hembras													
Área													
Fragmentada	PI	13	9.8E-02	6.5E-01	8.7E-02	7.3E-02	1.4E-01	9.4E-02	9.7E-02	8.6E-01	4.0E-01	1.8E-07	
	PISibs		4.0E-01	8.1E-01	3.8E-01	3.7E-01	4.3E-01	3.9E-01	4.0E-01	9.3E-01	6.4E-01	1.9E-03	
Crías Macho													
Área													
Fragmentada	PI	11	8.2E-02	8.4E-01	1.7E-01	4.8E-02	1.7E-01	9.2E-02	8.6E-02	6.9E-01	3.4E-01	1.9E-07	
	PISibs		3.9E-01	9.2E-01	4.6E-01	3.4E-01	4.6E-01	3.9E-01	3.8E-01	8.3E-01	6.1E-01	2.0E-03	
Hembras Adultas													
Área Natural													
	PI	9	2.3E-01	7.9E-01	1.9E-01	5.9E-02	3.0E-01	6.4E-02	9.5E-02	7.6E-01	4.9E-01	1.4E-06	
	PISibs		5.2E-01	8.9E-01	4.7E-01	3.6E-01	5.5E-01	3.6E-01	3.9E-01	8.7E-01	7.0E-01	3.8E-03	

Machos												
Adultos												
Área Natural	PI	2	4.6E-01	1.0E+00	3.8E-01	4.6E-01	3.8E-01	1.1E-01	2.1E-01	4.6E-01	3.8E-01	1.2E-04
	PISibs		6.8E-01	1.0E+00	5.9E-01	6.8E-01	5.9E-01	4.0E-01	4.9E-01	6.8E-01	5.9E-01	1.3E-02
Crías												
Hembras												
Área Natural	PI	2	2.1E-01	1.0E+00	4.6E-01	3.8E-01	2.1E-01	2.1E-01	1.1E-01	1.0E+00	1.0E+00	1.8E-04
	PISibs		4.9E-01	1.0E+00	6.8E-01	5.9E-01	4.9E-01	4.9E-01	4.0E-01	1.0E+00	1.0E+00	1.9E-02
Crías Macho												
Área Natrua	PI	3	2.3E-01	1.0E+00	2.3E-01	1.3E-01	3.0E-01	3.0E-01	3.0E-01	3.8E-01	5.6E-01	3.8E-05
	PISibs		5.0E-01	1.0E+00	5.0E-01	4.2E-01	5.8E-01	5.8E-01	5.8E-01	5.9E-01	7.5E-01	9.0E-03

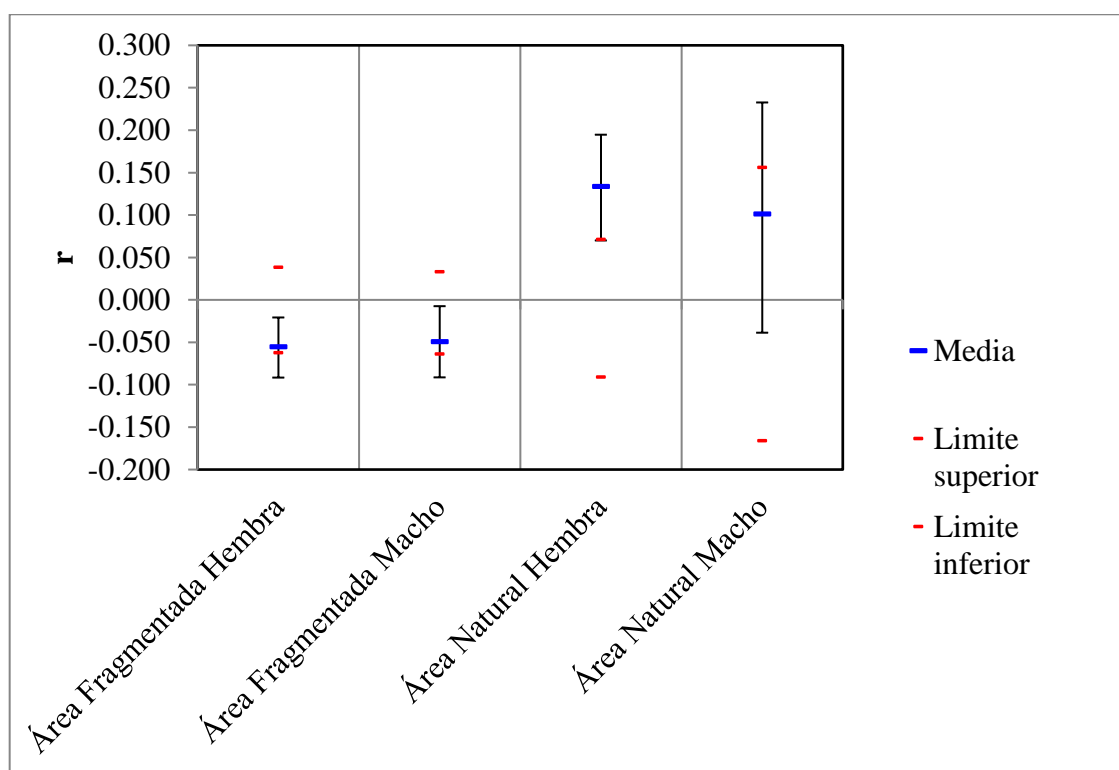
Los resultados de las medias de valores de QGR en comparación pareada a 999 permutaciones y 1000 bootstraps (Figura 6), en la comparación “tipo de área” indicó que el grado de parentesco medio en el área fragmentada fue menor (-0.028, rango= -0.024 - 0.0025) y están significativamente menos relacionadas ( $P(\text{media individuos al azar} < \text{media-datos}) = 0.012$ ); en el área natural el grado de parentesco medio fue mayor al área fragmentada (0.116, rango= -0.058 - 0.066) y se estuvieron significativamente más relacionados ( $P(\text{media individuos al azar} > \text{media-datos}) = 0.001$ ). Esto muestra una diferenciación en el grado de parentesco entre ambos tipos de áreas.



**Figura 6:** Valores de medias en comparación pareada para tipos de área. En el eje Y tenemos los valores de grado de parentesco, en el eje X tenemos los tipos de áreas. Las líneas rojas son los límites superiores e inferiores de intervalos de confianza del 95% del parentesco, bajo la hipótesis nula de permutaciones al azar. La línea azul es el grado de parentesco medio en las áreas. Las barras bajo las líneas azules son los intervalos de confianza del 95% del parentesco estimado.

Para la comparación realizada por sexos (Figura 7) en el área fragmentada el grado de relación medio fue menor tanto en hembras (-0.055, rango= -0.063 - 0.038) como en machos (-0.049, rango= -0.064 - 0.033); la relación a pesar de ser menor en el área fragmentada en machos no fue significativa ( $P$  (media individuos al azar < media-datos) = 0.108) y fue marginalmente significativo en hembras ( $P$  (media individuos al azar < media-datos) = 0.054). En el área natural el grado de relación medio fue mayor tanto en hembras (0.133, rango= -0.091 - 0.071) como en machos (0.101, rango= -0.166 - 0.156) y la relación fue significativamente mayor en hembras ( $P$  (media individuos al azar > media-datos) = 0.002), pero no en machos ( $P$  (media individuos al azar > media-datos) = 0.086).

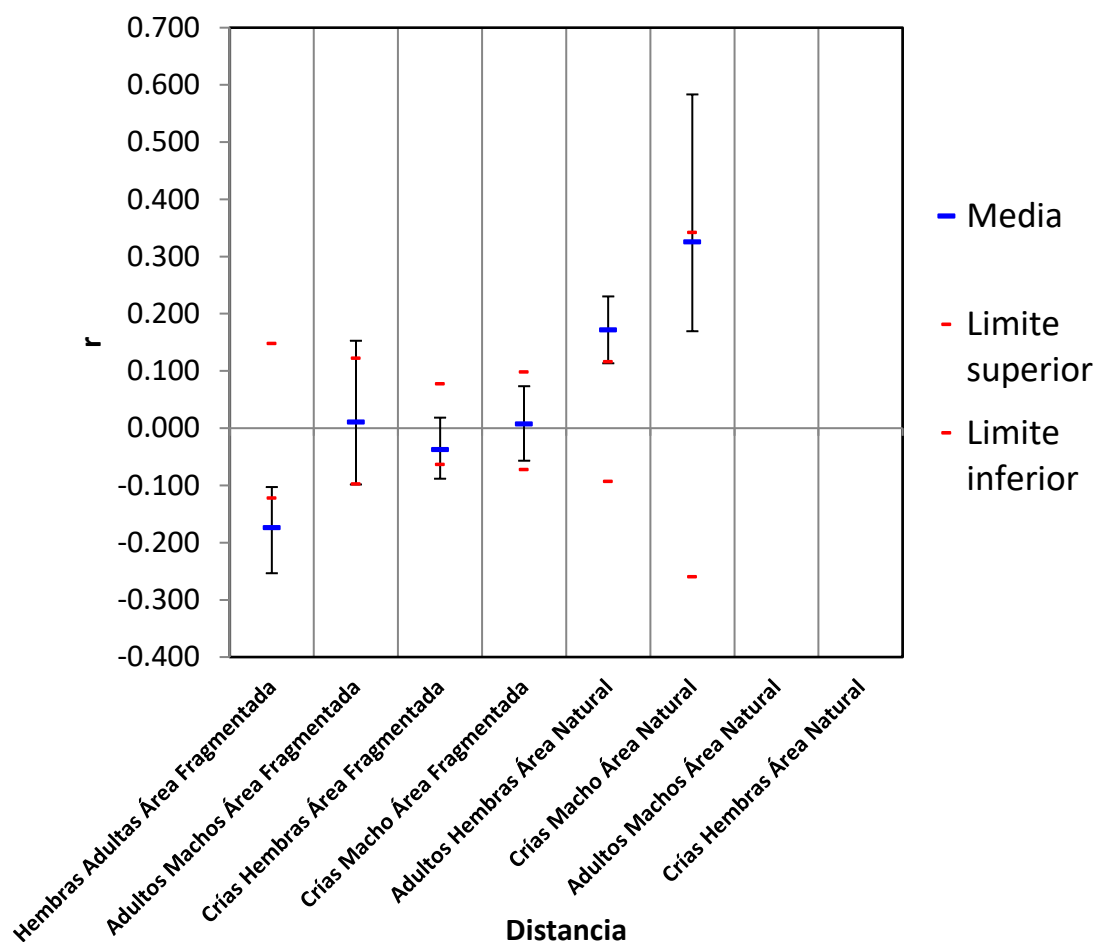
En general se mantiene este patrón donde el grado de relación es menor en el área fragmentada respecto a la natural y no hay diferenciación entre los sexos.



**Figura 7:** Valores de medias en comparaciones pareada entre tipo de área y sexos. En el eje Y tenemos los valores de grado de parentesco, en el eje X tenemos las diferentes comparaciones. Las líneas rojas son los límites superiores e inferiores de intervalos de confianza del 95% del parentesco, bajo la hipótesis nula de permutaciones al azar. La línea azul es el grado de parentesco medio en las áreas. Las barras bajo las líneas azules son los intervalos de confianza del 95% del parentesco estimado.



En las comparaciones entre estadios, sexos y tipo de área (figura 8), el grado de relación medio en el área fragmentada, las hembras adultas presentaron el menor valor medio (-0.174, rango= -0.122 – 0.148), mientras que los machos adultos (0.011, rango -0.098 – 0.122), las crías hembras (-0.037, rango= -0.063 – 0.77) y las crías machos (0.007, rango= -0.073 – 0.098) presentaron valores similares; el grado de relación solo fue significativo para las hembras adultas ( $P$  (media individuos al azar < media-datos)= 0.002) y no lo fue para los machos adultos ( $P$  (media individuos al azar < media-datos)= 0.569), para las crías hembras ( $P$  (media individuos al azar < media-datos)= 0.124), ni para las crías machos ( $P$  (media individuos al azar < media-datos)= 0.562), indicando que en el área fragmentada las crías están más relacionadas con los machos adultos. Mientras que en el área natural los valores medios de relación siguieron siendo mayores tanto en hembras adultas (0.172, rango= -0.093 – 0.116) como en las crías macho (0.326, rango= -0.260 – 0.342), y ambos estaban significativamente más emparentados ( $P$  (media individuos al azar > media-datos) 0.002 y 0.028, respectivamente). La comparación de medias pareadas solo aplica en  $N$  mayores a 2 y por ello no se obtuvieron resultados para los adultos machos y las crías hembras en el área natural ( $N=2$  en ambos casos). Los resultados indican que se conserva la tendencia donde el grado de relación es menor en el área fragmentada con relación a la natural; y a pesar de que no se pudo comparar la relación para los machos adultos en el área natural, el que las crías macho presentaran diferencias significativas es un indicador de que el parentesco está asociado a los machos adultos.



**Figura 8:** Valores de medias en comparaciones pareada entre tipo de área, sexos y estadio de edad. En el eje Y tenemos los valores de grado de parentesco, en el eje X tenemos las diferentes comparaciones. Las líneas rojas son los límites superiores e inferiores de intervalos de confianza del 95% del parentesco, bajo la hipótesis nula de permutaciones al azar. La línea azul es el grado de parentesco medio en las áreas. Las barras bajo las líneas azules son los intervalos de confianza del 95% del parentesco estimado. El análisis de medias pareadas solo aplica a N mayores a 2.

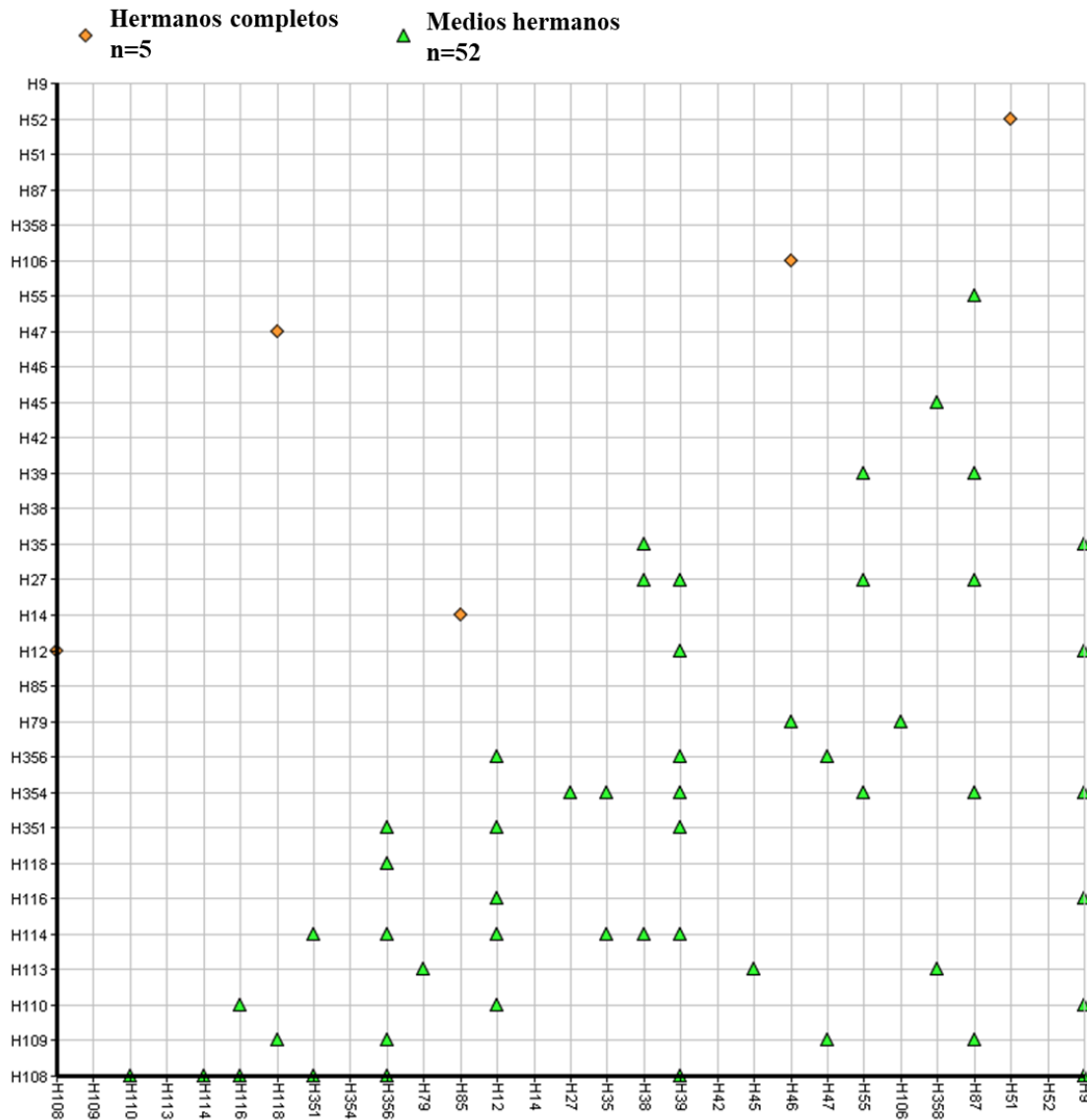
En general los individuos en el área fragmentada se encuentran menos emparentados mientras que en el área natural están más emparentados y este patrón de comportamiento de los datos se mantiene en cada subdivisión realizada. No hubo diferencia entre los sexos, pero el grado de relación de las crías si se asoció a los machos adultos.

## 7.6 Reconstrucción por hermanos

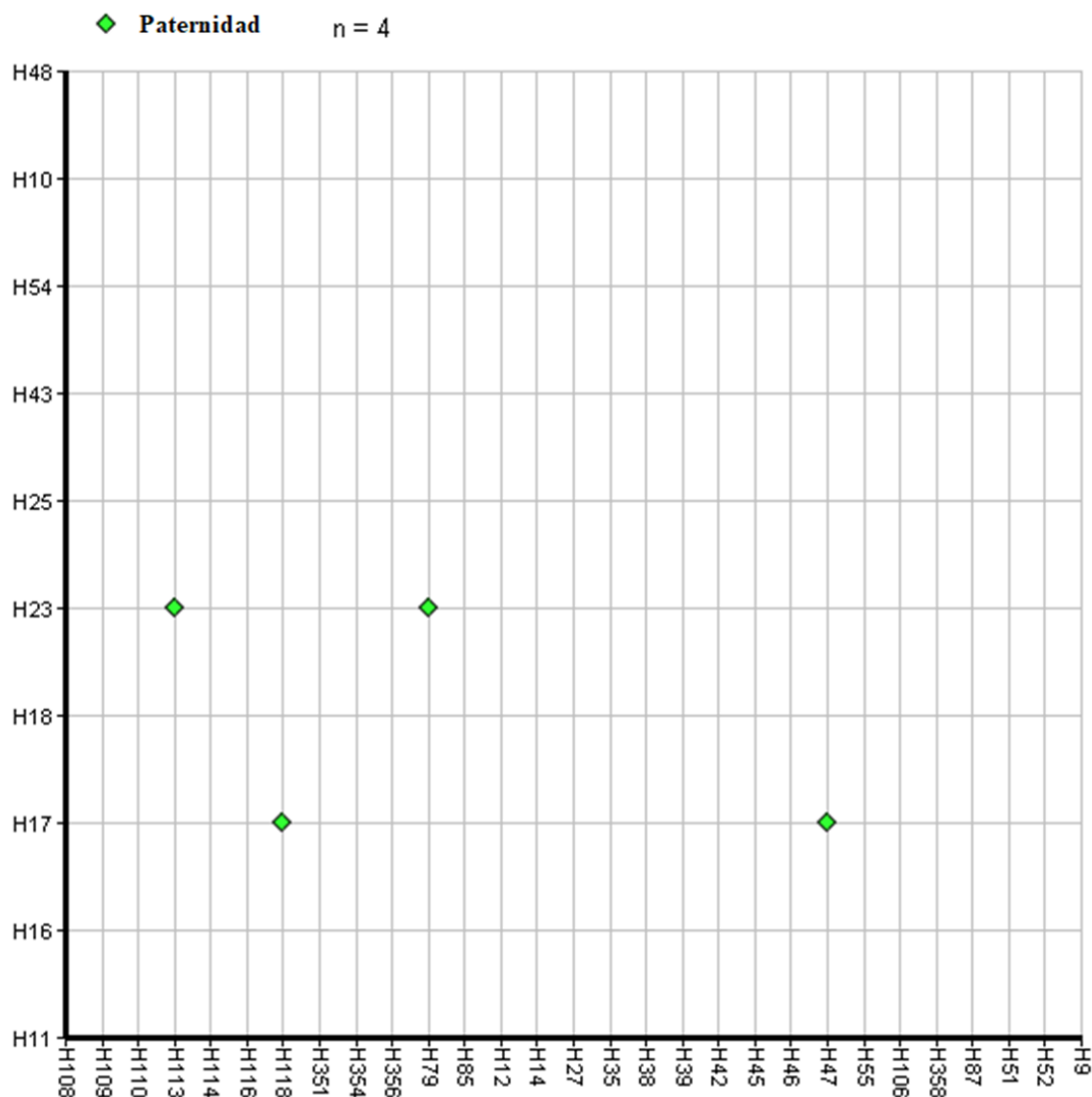
De los escenarios creados para ver cuál sería una probabilidad aceptable usando COLONY y en función del número de muestras que se tenían para los análisis, se encontró que al considerar una probabilidad mayor o igual a 0.5 (apéndice D), los resultados dieron para hermanos completos un 66.7% de las veces; mientras que para medios hermanos, fue el 85.7%; al considerar una probabilidad del 0.4 (apéndice E), para hermanos completos correspondieron el 75.0% de las veces, y para medios hermanos el 53.8% de las veces; finalmente, en el escenario en que se consideró el 0.35 (apéndice F), para hermanos correspondieron 75.0% de las veces y en medios hermanos el 62.5% de las veces. Por lo anterior, se decidió considerar aquellas asignaciones mayores o iguales a 0.5 puesto a que fue la que presentó mayor precisión al otorgar parentesco, en función de lo observados en la relación de pollos en nidos.

Entre las 29 crías, COLONY logró asignar 5 parejas de hermanos completos de las 15 posibles parejas (33.33%); de estas 5 parejas, solo 3 parejas de hermanos (60%) presentaron una probabilidad mayor a 0.5. Mientras para medios hermanos, se lograron asignar 52 parejas de las 114 posibles parejas, es decir 45.61%; y de estas 52, solo 7 parejas de medios hermanos (13.46%) presentaron una probabilidad mayor o igual a 0.5 (apéndice D). A 4 crías se les logró asignar paternidad, habiendo 10 posibles padres. Finalmente, a ninguna cría se le pudo asignar maternidad de las 16 posibles madres, lo que concuerda con el análisis de comparación por medias pareadas donde el parentesco se encontraba relacionado a los machos.

Con el fin de determinar de manera visual si las asignaciones de parejas de hermanos y padres fueron asignadas correctamente con base a la probabilidad de parentesco (de acuerdo a lo obtenido por el programa COLONY), se relacionaron espacialmente las parejas y padres asignados en función de su localización por nidos (figuras 9 y 10).



**Figura 9:** Mapa de ubicación de individuos pollos y su relación de parentesco, pudiendo ser entre hermanos (naranja) y medios hermanos (verde)



**Figura 10:** Mapa donde se muestra la ubicación de los adultos capturados y la relación de paternidad. Se observa el identificador de los padres potenciales (eje Y) y el de las posibles crías (eje X).

De las 5 parejas de hermanos completos solo una pareja de hermanos completos pertenecía al área natural (H51 y H52, probabilidad = 0.451,  $r = 0.477$ ). Dos parejas de hermanos eran pertenecientes de los mismos nidos (H118 y H47, probabilidad= 0.96,  $r = 0.825$ ; H85 y H14 probabilidad= 0.832,  $r = 0.486$  respectivamente). Una pareja de hermanos indicó ser de diferentes nidos, de diferentes años y diferente tipo de área (H106 y H46,

probabilidad = 0.205,  $r = 0.416$ ), siendo la primera cría del área natural en el año 2009 y la segunda del área fragmentada del año 2010; aunque presentó una probabilidad baja, el grado de relación sí equivaldría al de un hermano; esto nos indica que probablemente la pareja reproductiva movió su sitio de anidamiento entre años del área natural continua al área fragmentada. Finalmente, una pareja de hermanos (H108 y H12, probabilidad= 0.586,  $r=0.045$ ) resultó ser de diferente nido y año, pero de la misma área; esta pareja presentó un grado de relación bajo, indicando que tal vez no sean hermanos en realidad a pesar de presentar probabilidad mayor a 0.5 (Tabla IX).

Dentro de la población, entre las dos áreas se contaban con un total de 21 nidos diferentes, de los cuales 15 presentaron medios hermanos, formándose 52 parejas de medios hermanos diferentes.

De las 7 parejas que presentaron una probabilidad mayor o igual a 0.5, todas eran pertenecientes al área fragmentada, y a su vez, 5 eran del mismo año (2010) lo que indica que por lo menos uno de los padres contaba con más de una pareja, lo que confirma que ya sea poliandria o poliginia se encuentran presentes, las otras dos parejas de medios hermanos (H79 y H113, H79 y H46) resultaron ser de diferentes años, lo que implica que en este periodo hubo un cambio de pareja reproductiva por parte de uno de los padres.

Once parejas mostraron un medio hermano en el área natural y otro en el área fragmentada; de estas 11 parejas, 9 eran de diferentes años y 2 del mismo año (2009); a su vez esas 2 parejas (H79 y H106, H12 y H9) presentaron valores de grado de relación de -0.02 y 0.16, y probabilidades de parentesco de 0.077 y 0.127 respectivamente, lo que debido a estos muy bajos valores de relación y probabilidad podría indicar que no sean realmente medios hermanos, puesto que su grado de relación y la probabilidad de parentesco son bajas. Las otras 9 parejas presentaron un grado de relación el cual varió entre 0.01 a 0.67, y probabilidades de parentesco oscilaban entre 0.162 a 0.463. En algunos casos la probabilidad de parentesco fue relativamente alta, mientras que el grado de relación era bajo y viceversa; a su vez, para otros si correspondió la probabilidad de parentesco con el grado de relación (Tabla IX).

Tabla IX: Tabla de probabilidad de parentesco y su comparación con el grado de relación (r) entre cada pareja de hermanos y medios hermanos. Se añadió el nido al que pertenecían estos, junto con la fecha de captura y el área perteneciente correspondiente (fragmentada, natural) para entender mejor las relaciones entre hermanos y medios hermanos al comparar los indicadores de relación genética con la información de campo. El grado de relación oscilaba entre 0.004 y 0.825, mientras que la probabilidad de parentesco oscilaba entre 0.035 y 0.96 (valores cercanos a 0 indican que es menos probable que la pareja se encuentre emparentada, mientras que valores cercanos a 1 indican que es más probable que la pareja este emparentada).

<b>Hermanos completos</b>									
Cría#1	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Cría#2	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Probabilidad	grado de relación (r)
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.586	0.045
H118	254	09/07/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.96	0.825
H85	184	28/05/09	Área fragmentada	H14	184	28/05/09	Área fragmentada	0.832	0.486
H46	23	06/07/10	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.205	0.416
H51	119	19/07/10	Área Natural	H52	119	19/07/10	Área Natural	0.451	0.477
<b>Medios Hermanos</b>									
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H110	116	05/05/10	Área fragmentada	0.194	-0.117
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H114	186	13/05/10	Área fragmentada	0.082	-0.257
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.115	-0.226
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.108	0.004
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H356	247	05/06/10	Área fragmentada	0.416	0.005
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.042	-0.349
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.352	0.074
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H118	254	09/07/10	Área fragmentada	0.444	0.605
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.541	0.455
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.31	0.707
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.244	0.390
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.345	0.147
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.646	0.293
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.223	0.173
H113	48	07/05/10	Área fragmentada	H79	167	20/05/09	Área fragmentada	0.719	0.270

H113	48	07/05/10	Área fragmentada	H45	23	06/07/10	Área fragmentada	0.488	0.180
H113	48	07/05/10	Área fragmentada	H358	23	06/07/10	Área fragmentada	0.558	0.246
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.035	-0.210
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.394	0.240
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.26	-0.150
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.133	-0.048
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H38	247	05/06/10	Área fragmentada	0.577	0.228
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.384	0.518
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.147	-0.259
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.252	0.164
H118	254	09/07/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.338	0.591
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.217	0.371
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.144	0.237
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.101	0.165
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H27	188	29/07/09	Área fragmentada	0.483	0.249
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.305	0.479
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.364	0.308
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.4	0.409
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.336	0.669
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.22	0.185
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.391	0.505
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.385	0.290
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.473	0.514
H79	167	20/05/09	Área fragmentada	H46	23	06/07/10	Área fragmentada	0.659	0.188
H79	167	20/05/09	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.296	0.019
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.329	0.127
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.077	0.162
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H38	247	05/06/10	Área fragmentada	0.772	0.337



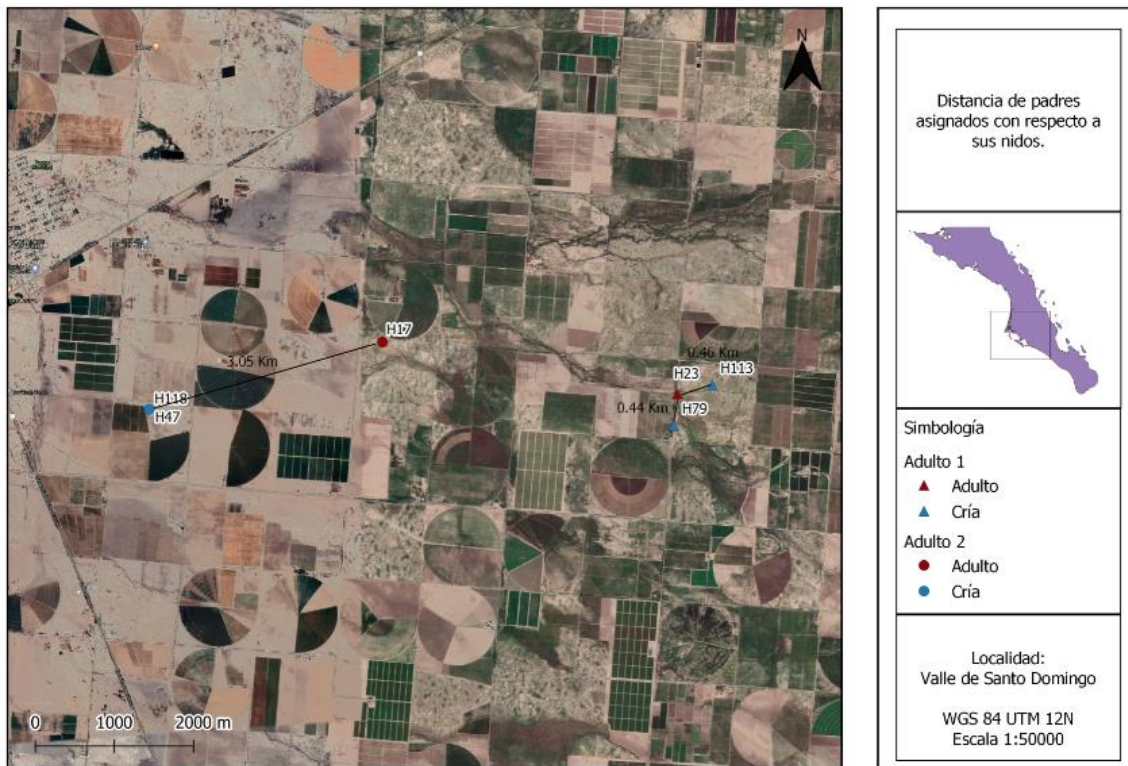
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.108	-0.135
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.146	0.013
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.127	-0.025
H35	48	07/05/10	Área fragmentada	H38	247	05/06/10	Área fragmentada	0.479	0.165
H35	48	07/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.162	0.015
H39	186	13/05/10	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.408	0.159
H39	186	13/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.213	0.330
H45	23	06/07/10	Área fragmentada	H358	23	06/07/10	Área fragmentada	0.163	0.295
H55	25	07/08/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.463	0.517

De los 4 padres asignados, 2 pares de crías fueron asignadas a 2 padres distintos. La primera pareja H113 y 79 (medios hermanos) resultaron ser crías de H23 con un grado de relación hacía el padre de 0.642 y 0.388, respectivamente; ambos presentaron una probabilidad de parentesco de 0.36 con respecto al padre asignado. A pesar de tener una probabilidad menor del 0.5, la asignación fue correcta debido a que ya se había confirmado que las crías presentaban un padre en común y el grado de relación hacía estas sí concuerda con los valores equivalentes de una relación padre-hijo (0.5). La segunda pareja H118 y H47 (hermanos completos) resultaron ser crías de H17 con un grado de relación de 0.579 y 0.749 respectivamente; ambos presentaron una probabilidad de parentesco de 0.96 con respecto al padre asignado, lo implica que la paternidad fue otorgada correctamente para esta pareja (Tabla X).

**Tabla X:** Padres asignados y sus respectivas crías de acuerdo al análisis de paternidad. |Se agregó en nido perteneciente a cada cría, la fecha de captura de los individuos, la probabilidad de parentesco y el grado de relación entre los individuos

<b>Paternidad</b>						
<b>Cría</b>	<b>Nido</b>	<b>Fecha de captura</b>	<b>Padre</b>	<b>Fecha de captura</b>	<b>Probabilidad de parentesco</b>	<b>grado de relación</b>
H113	254	07/05/10	H23	20/06/2009	0.360	0.642
H118	48	09/07/10	H17	29/05/2009	0.96	0.579
H79	167	20/05/09	H23	20/06/2009	0.360	0.388
H47	254	09/07/10	H17	29/05/2009	0.96	0.749

Estos dos padres pertenecían al área fragmentada y se decidieron ubicar en un mapa para tener una representación gráfica de los individuos asignados con respecto a sus correspondientes nidos. Al ubicarlos en el mapa, las distancias geográficas entre sus crías mostraron que H23 se separó 0.44 km de H79, y a 0.46 km de H113. El individuo H27 se encontró a 3.05 km de su nido (**Figura 11**).



**Figura 11:** Ubicación de los adultos capturados con sus respectivas crías. Se muestran los individuos a los que se les pudo asignar paternidad. Se visualiza la distancia geográfica entre padres (rojo) y crías (azul) en sus nidos. Ambos padres y crías fueron encontradas en el área fragmentada. H118 y H47 eran pertenecientes al mismo nido. H23 cambio de nido puesto que la cría H79 era del 2009, mientras que la cría H113 del 2010.

## 8. DISCUSIÓN

### 8.1 Detección y selección de loci polimórficos

Los microsatélites en general presentan varias ventajas para usarse en estudios de parentesco, resalta que funcionan bien en análisis de especies emparentadas, con lo que facilitan los estudios de distintas especies (Martínez-Cruz & Camarena, 2018). Esto es particularmente importante cuando no se cuenta con tiempo ni dinero para desarrollar los marcadores, pues la efectividad de su uso es elevada. Los microsatélites son los marcadores moleculares más utilizados para las pruebas de parentesco (Freeland et al. 2011) y los que nosotros decidimos usar ya habían funcionado en especies emparentadas (para *Aquila chrysaetos* los pertenecientes a *Buteo buteo*; y para *B. lineatus*, *B. jamaicensis*, *B. albicaudatus*, *B. platypterus*, *B. regalis*, *B. lagopus*, *B. galapagoensis* los pertenecientes a *Buteo swainsoni*) (Martínez-Cruz & Camarena, 2018).

Desde luego que lo ideal es utilizar marcadores diseñados específicamente para la especie de interés puesto que los microsatélites presentan menores niveles de diversidad cuando no son especie-específicos (Martínez-Cruz & Camarena, 2018), pero los marcadores provenientes de especies distintas permitieron realizar pruebas de parentesco en *Parabuteo unicinctus* al amplificar en el 45.83% de los marcadores probados, donde el número de alelos promedio fue de 6.333 y la heterocigosidad media fue 0.573, lo que nos demuestra que son una buena herramienta cuando el tiempo o los recursos son limitados.

Por otro lado, se sabe que los marcadores SNPs presentan ventajas sobre los microsatélites, al ser más fáciles de cuantificar, de analizar y presentan menos errores (Freeland et al. 2011; Weinman et al. 2014); pero no los teníamos y no los obtuvimos. Independientemente de lo comentado, el uso de marcadores entre especies que hicimos nos permitió asignar parentesco al 33.33% de posibles parejas de hermanos, y al 45.61% de posibles parejas de medios hermanos; también se logró asignar paternidad a 2 padres, cada uno con 2 hijos.

## 8.2 Análisis genético de diversidad

Los marcadores microsatélites usados nos permitieron conocer con éxito la diversidad genética de la población. En general la población del valle de Santo Domingo presenta un déficit de heterocigotos; tanto la deficiencia como exceso de heterocigotos usualmente se asocia principalmente a la presencia de alelos nulos, al principio de ligamiento en algunos loci, pero también puede ser indicador de otras cosas como procesos de presión de selección, efecto Wahlund, mutaciones y deriva genética (Paredes *et al.* 2009; Montes-Díaz *et al.* 2015), nuestras pruebas descartaron que sea debido a la presencia de alelos nulos ni principio de ligamiento, así que es probable que este déficit sea por otras cosas. Stephen (2005) menciona que, en especies polígamas, usualmente un reproductor o varios tienden a dominar sobre la población y por ende las frecuencias alélicas presentes se ven modificadas, es por esto que asumimos que este déficit se deba al comportamiento poliandrico de la especie.

El área fragmentada resultó ser genéticamente más diversa que el área natural, y a pesar de que es posible que esta diferencia de diversidad alélica se deba a la diferencia entre tamaños de muestra, aun así, este comportamiento donde los individuos en área fragmentada eran genéticamente más diversos se mantuvo en cada prueba donde fuimos subdividiendo la población.

El que la diversidad genética sea mayor en el área fragmentada con respecto al área natural parece indicar que la fragmentación del hábitat permite que en los grupos cooperativos de *P. uncinatus* se incremente la diversidad genética. Suponemos que esto realmente es un indicio de que se está afectando la estructura de la población, la estructura natural de la forma en que evolutivamente se conforman los grupos, en que hay una mayor relación de parentesco entre ellos, con lo que la diversidad genética es menor; esto puede sugerirse también ya que nuestros resultados posteriores sugieren que algunos individuos de los grupos conformados en el área fragmentada salen de los grupos, se dispersan, y los individuos migrantes del área natural se mueven al área fragmentada funcionando probablemente como una población fuente para el área fragmentada (Hanski, 2009). Se sugiere realizar estudios posteriores de la estructura poblacional y dispersión para definir mejor esta posibilidad.

Los valores obtenidos de  $F_{st}$  para la comparación entre el área fragmentada y la natural ( $F_{st} = 0.015$ ) fueron similares a los reportados por Brown *et al.* (2013) *Stipiturus mallee* una especie donde compararon individuos en un hábitat en constante fragmentación (por incendios) con individuos en una zona sin perturbaciones (por incendios) ( $F_{st} = 0.011 - 0.044$ ) y difirieron de lo reportado por Rutkowski *et. al* (2013) en *Falco tinnunculus* donde compararon los individuos en zonas urbanizadas con zonas rurales de baja perturbación ( $F_{st} = 0.0232 - 0.1280$ ).

Nuestros resultados indican que en el área natural la heterocigosidad es proporcionada por las hembras, mientras que en el área fragmentada es proporcionada por los machos. Aparentemente esto se deba a que las crías de machos eran más heterocigotos que los adultos y presentaban un número de alelos similar. Para el área natural, el número de crías de hembras como de machos resultaron ser bajos y asumimos que los resultados obtenidos se ven influenciados por ellos. También es probable que los resultados que se ven en crías se deban a un posible efecto Wahlund donde tanto un exceso como déficit de heterocigotos se deba a la subdivisión de la población (Garnier-Géré & Chikhi 2013).

La alta heterocigosidad de crías en machos en el área fragmentada y la baja tasa de endogamia en estos indica que deben de ser de distintos padres. *P. unicinctus* es un ave generalmente monógama con tendencia a la poliandría y donde las hembras rara vez suelen salir del nido (Dawson y Mannan 1991a), y nuestros resultados posteriores parecen indicar que los machos están teniendo crías con diferentes hembras. Amos *et al.* (2014) menciona que la fragmentación del hábitat puede afectar a la movilidad del sexo dispersante y afectar la conectividad genética, en nuestro caso, aparentemente son los machos quienes la fragmentación esta alterando su movilidad, la cual aumenta, y hace que estos mofiquen la estructura genética del área.

Nelson-Flower *et al* (2018) señala que en *Turdoides bicolor*, los individuos de los grupos que se encuentran abajo en la escala jerárquica son los que buscan dispersarse con la intención de formar sus propios grupos y obtener el puesto dominante del grupo. Es probable que los machos del área fragmentada están buscando dispersarse y formar sus propios grupos

en lugar de permanecer como asistentes y que como explicó Banks *et al* (2007) la fragmentación del hábitat esta generando cambios en los tamaños demográficos, conectividad entre grupos y las interacciones interespecíficas del área fragmentada.

### 8.3 Análisis de parentesco

Cuando se realizan estudios de parentesco es necesario contar con un buen número de muestras de tal manera que representen a la población que se desea estudiar, y marcadores moleculares polimórficos (Freeland *et al.* 2011). Conforme fuimos subdividiendo la población, el número de individuos dentro de los análisis se fue reduciendo, hasta llegar a valores bajos ( $N \leq 5$ ), y por ende también reduciendo la significancia de los resultados. A pesar de ello, se pudieron apreciar ciertos patrones en la población que se analizaron bajo esta perspectiva de pequeños tamaños de muestra.

En general en la cooperación en aves hay individuos que retrasan su propia dispersión y asisten en la cría de los nidos; el grado de inversión de los individuos asistentes en la cría cooperativa suele ser variado (Cockburn *et al.* 2017). Debido a que encontramos que uno de los efectos de la fragmentación en la especie cooperativa *P. unicinctus* fue que los individuos en la zona fragmentada tuvieron un menor grado de relación que en la zona natural continua, y como se había mencionado el parentesco y el grado de relación usualmente tienen un impacto directo en el grado de cuidado de las crías (Nam *et al.* 2010). Es probable que el grado de inversión en la crianza sea mayor en el área natural continua; es de esperarse por tanto que los asistentes en el área fragmentada participen menos en los comportamientos cooperativos. A pesar de que asumimos que la cooperación se verá reducida debido a la fragmentación del hábitat se ha encontrado en una especie cooperativa, en *Y. brunneiceps* que el grado de relación entre los grupos sociales es bajo (Liu *et al.* 2005); no obstante, se mantienen las estructuras y la tendencia al agrupamiento por los beneficios que este comportamiento otorga (Liu *et al.* 2005). Por ello, así como asumimos que se verá afectado, es probable que el comportamiento en *P. unicinctus* no se perderá por completo, pero si se verá reducido. Se sugiere que futuros estudios evalúen estas posibilidades.

En *P. uncinatus* el comportamiento social es complejo y fluctuante (Coulson y Coulson 2013), por lo que para entender de forma más completa cómo se verá afectado este comportamiento al reducirse el grado de relación entre los individuos de los grupos, es necesario realizar comparaciones de estudios genéticos y de seguimientos observacionales de las relaciones de los grupos sociales.

Ribeiro et al. (2011) menciona que las especies sociales al vivir agrupadas son susceptibles a la endogamia a menos de que tengan un mecanismo que la evite; asimismo menciona que en *Cercotrichas coryphaeus* la dispersión es por parte de las hembras y los machos tienden a mantenerse en el nido como parte de este mecanismo, y por ello el grado de relación entre machos tiende a ser mayor con relación a las hembras. Estos resultados concuerdan con lo encontrado en *S. cinerea* (Woxvold et al. 2006), en *Y. brunneiceps* de Liu et al. 2015) y en *A. coeruleus* (Breininger 1999). Nosotros asumimos que en *P. uncinatus* la diferenciación genética está aparentemente asociada a la estructura social matriarcal de la especie, en que la hembra reproductiva es el núcleo de los grupos sociales (Dawson y Mannan, 1991b), por lo que la especie presenta un grado de parentesco bajo con cualquier individuo que no sean sus respectivas crías.

#### **8.4 Reconstrucción por hermanos**

Se ha encontrado que las hembras reproductoras de *P. uncinatus* no suelen abandonar los nidos para buscar alimento o realizar actividades territoriales, al parecer con el fin de pasar un mayor tiempo cuidando directamente a las crías e incrementar el éxito reproductivo (Dawson y Mannan 1991b). Esto lo hacen gracias a la estructura social de grupos donde otros individuos proveen de alimento y realizan actividades de cuidado del territorio. Por ello es probable que las hembras adultas que se capturaron no fueran las reproductivas y por ende dichas hembras adultas posiblemente fueran asistentes de nidos o bien simplemente habían fallado en encontrar pareja y se juntaron al grupo. Probablemente por este comportamiento es que el parentesco encontrado para la especie haya sido asignado con mayor certeza hacia los machos y que la maternidad no se haya podido otorgar a los individuos muestreados.



La población de *P. unicinctus* en el valle de Santo Domingo es una especie monógama con tendencia a la poliandria según nuestros resultados de la asignación de parentesco junto con los análisis de grado de relación, lo que coincide con lo reportado para la especie como estrategia reproductiva (Bednarz 1987). También se encontró que se presenta con seguridad la poliginia, y que la poliandria es muy probable que ocurra, lo que también concordaría con lo descrito por Baol y Dwyer (2018).

Se ha encontrado en alguna especie de ave que la fragmentación fomenta la dispersión de los individuos para buscar parejas, sugiriendo que probablemente se deba a que los grupos sociales se encuentran saturados por parejas reproductivas territoriales en el área fragmentada (p.ej. en *A. coerulescens*; Breininger 1999). Aunque nosotros no encontramos este patrón, sí se pudo deducir que los individuos de *P. unicinctus* pueden mover sus sitios de anidación del área natural continua a los parches del área fragmentada entre años.

Un punto muy relevante es que en el área natural continua los individuos se encuentran más emparentados que en el área fragmentada. Ello indica que en el área continua que es la condición original de los grupos sociales, se promueve la estadía de parientes cercanos, lo que evolutivamente tendría el sentido de incrementar el éxito de la anidación (Cockburn et al. 2017). Por el contrario, la fragmentación del hábitat parece modificar la estructura social y dominancia de los grupos tal vez por efectos densodependientes con respecto a las presas y sitios para anidar, lo cual puede ser un efecto posible de la saturación de territorios, que es lo que se espera en un sistema fragmentado. Por ejemplo, se ha reportado que en aves sociales como las urracas la dispersión de juveniles se puede ver forzada por parte de los padres cuando las condiciones ambientales son pobres y/o se encuentran saturadas (Baker et al. 2000).

Dawson y Mannan (1991a) indican que los individuos y parejas de *P. unicinctus* suelen permanecer en los territorios ocupados por varios años y que usualmente los individuos asistentes no se reproducen (Dawson y Mannan, 1991b). Es plausible que lo anterior pudo llevar a la supuesta saturación del área fragmentada y forzar a los individuos asistentes a dispersarse y a romper la estructura social.

Estos resultados indican que los individuos mueven sus sitios de anidamiento del área natural a la fragmentada, y a su vez, puesto a que son medios hermanos, también hay un cambio de pareja. Probablemente lo que se está presentando en *P. unicinctus* en la zona fragmentada de nuestra área de estudio es una dispersión forzada de los individuos, de tal manera que se promueve que no permanezcan en los grupos y se muevan a otros territorios; lo anterior en el mediano a largo plazo produce un incremento en la diversidad genética en el área fragmentada, contrario a lo que ocurre en el área natural continua. Se propone realizar estudios sobre la calidad de hábitat y de los sitios de anidamiento, junto con estudios de dispersión de individuos y flujo genético, lo que permitiría responder las preguntas sobre las causas de los cambios en la estructura social de los grupos de *P. unicinctus*, así como verificar lo que sugerimos de los posibles mecanismos en función de los resultados observados.

La fragmentación del hábitat puede alterar componentes evolutivos de diversas maneras, siendo la dispersión uno de ellos; al alterarse la dispersión se alteran las dinámicas poblacionales (Hanski 2011; 2012). Nuestros resultados indican que estos cambios de las dinámicas poblacionales se pueden apreciar en el grado de relación encontrados, concluyendo que la fragmentación del hábitat está rompiendo el comportamiento social de formar grupos sociales grandes y complejos para esta especie.

Logamos de manera exitosa determinar la forma en que la fragmentación del hábitat afecta aspectos evolutivos de las especies, tal como la formación de grupos y el comportamiento social. Fue novedoso analizar las repercusiones de la fragmentación del hábitat con un enfoque genético y de parentesco, ya que los trabajos previos realizados con aves que conforman grupos sociales usualmente describieron las repercusiones mediante técnicas observacionales.

Finalmente, se rechaza la hipótesis inicial de que en el área fragmentada la diversidad genética y el grado de parentesco serían menores. Por el contrario, la diversidad genética es mayor y el grado de relación es menor en el área fragmentada comparativamente con el área natural continua. No obstante, los resultados nos permitieron encontrar que por la fragmentación del hábitat se está afectando la estructura de los grupos sociales y

probablemente las funciones y roles de los individuos dentro de los grupos, modificando de esta manera los patrones de dispersión de sitios y los comportamientos de cooperación en una especie social. Sería interesante una línea de investigación en grupos de aves con esta perspectiva para ver si es un efecto más generalizado en las especies.

## 9. CONCLUSIONES

La utilización de 9 microsatélites provenientes de 2 especies emparentadas (*Buteo buteo* y *B. swainsoni*) funcionaron en 55 individuos de *Parabuteo unicinctus*, 26 adultos y 29 crías, permitiendo realizar pruebas de parentesco de manera exitosa.

La fragmentación del hábitat tiene efectos en los individuos de la población de *P. unicinctus* en el desierto de la península de Baja California. La población de parejas del área fragmentada presenta una diversidad genética mayor y con un grado de relación menor comparado con el área natural continua (que es la condición evolutiva normal). Ello es un indicador de que la fragmentación del hábitat modifica o rompe las estructuras familiares y los comportamientos cooperativos en los grupos reproductivos. Aparentemente en el área fragmentada se fomenta la dispersión de individuos, promoviendo que los individuos se vayan a otros grupos familiares y seguramente se creen nuevos grupos reproductivos. El que los individuos del área fragmentada tengan un bajo grado de relación puede llevar a cambios en las estructuras y dinámicas sociales en esta especie donde la cooperación es fundamental para el éxito reproductivo de los nidos. Los cambios afectan las relaciones interespecíficas y por consiguiente parecen modificar los comportamientos sociales que presenta la especie de manera normal.

### 9.1 Recomendaciones

Con el fin de entender y mejorar el proceso de asignación de parentesco, así como para entender mejor el como la fragmentación del hábitat en esta especie social, se dejan las siguientes recomendaciones:

Obtener muestras verificadas que pertenecen a las hembras reproductoras para asignar correctamente a cada cría su respectiva madre.

Tener muestras de sangre con ADN de todos los individuos dentro de la población con el fin de incrementar la precisión de los resultados e interpretación de este estudio.

Realizar estudios de comportamiento con base a la observación con el fin de tener una descripción de los comportamientos sociales de *Parabuteo unicinctus* y a su vez

contrastarlos con las pruebas genéticas; de esta manera se tendrá un mejor entendimiento del comportamiento social.

Repetir los análisis con muestras actuales para ver si la fragmentación aumenta la diversidad genética y se reduce el grado de parentesco después de 10 años.

Realizar estudios de dispersión de individuos para determinar si también se presenta una dispersión, estructura poblacional y flujo genético, calidad y selección de nidos y contrastar para obtener un panorama más completo combinando técnicas genéticas, bandeo, observación, telemetría entre otros.

Utilizar los microsátelites para estudios relevantes de la conservación en nuestra especie, como, por ejemplo: análisis de migración, hibridación, estructura poblacional y endogamia.

Ubicar y priorizar a las parejas reproductivas, en especial a las hembras para fines de manejo y conservación de la especie puesto que son quienes dan forma a los grupos sociales.

Utilizar más marcadores para aumentar la efectividad del experimento, o bien diseñar marcadores especie específicos, ya sea microsátelites o bien SNPs, los cuales son aún más precisos, aunque se requiere un mayor número.

## 10. LITERATURA CITADA

Amos W., J. I. Hoffman, A. Frodsham, L. Zhang, S. Best, A. V. S. Hill. 2007. Automated binning of microsatellite alleles: problems and solutions. *Molecular Ecology Notes*, 7(1), 10-14.

Amos J. N., K. A. Harrison, J. Q. Radford, M. White, G. Newell, R. M. Nally, P. Sunnucks, A. Pavlova. 2014. Species-and sex-specific connectivity effects of habitat fragmentation in a suite of woodland birds. *Ecology*, 95(6), 1556-1568.

Banks S. C., M. P. Piggott, A. J. Stow, A. C. Taylor. 2007. Sex and sociality in a disconnected world: a review of the impacts of habitat fragmentation on animal social interactions. *Canadian Journal of Zoology*, 85(10), 1065-1079.

Baker A.M., P.B. Mather, J.M. Hughes. 2000. Population genetic structure of Australian magpies: evidence for regional differences in juvenile dispersal behaviour. *Heredity*, 85(2), 167-176.

Bednarz J. C. 1987. Pair and group reproductive success, polyandry, and cooperative breeding in Harris' Hawks. *The Auk*, 104(3), 393-404.

Bednarz J. C. 1988. Cooperative hunting Harris' hawks (*Parabuteo unicinctus*). *Science*, 239(4847), 1525-1527.

Boal C.W., J. F. Dwyer. 2018 Harris's Hawks: All in the Family. En: Boal C.W., Dykstra C.R. (eds). *Urban Raptors*. Island Press, Washington, DC. Pp 126-137.

Breining, D. R. 1999. Florida scrub-jay demography and dispersal in a fragmented landscape. *The Auk*, 116(2), 520-527.

Brown S. M., K.A. Harrison, R.H. Clarke, A.F. Bennett, P. Sunnucks. 2013. Limited population structure, genetic drift and bottlenecks characterise an endangered bird species in a dynamic, fire-prone ecosystem. *PloS one*, 8(4). e59732.

Canales-Delgadillo J. C., L. Scott-Morales, J. Korb. 2012. The influence of habitat fragmentation on genetic diversity of a rare bird species that commonly faces environmental fluctuations. *Journal of Avian Biology*, 43(2), 168-176.

Cockburn A., B.J. Hatchwell, W.D. Koenig. 2017. Sociality in birds. En *Comparative Social Evolution*. Cambridge University Press. Pp. 320-353.

Cooper C. B., J. R. Walters. 2002. Independent effects of woodland loss and fragmentation on Brown Treecreeper distribution. *Biological Conservation*, 105(1), 1-10.

Cooper C. B., J. R. Walters, H. A. Ford. 2002. Effects of remnant size and connectivity on the response of Brown Treecreepers to habitat fragmentation. *Emu*, 102(3), 249-256.

CONAGUA. 2015. Actualización de la disponibilidad media anual de agua en el acuífero Santo Domingo (0306), Estado de Baja California Sur. Comondú, Baja California Sur.

Cornell Lab of Ornithology. 2019. All About Birds. Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, New York [https://www.allaboutbirds.org/guide/Harriss\\_Hawk/lifehistory](https://www.allaboutbirds.org/guide/Harriss_Hawk/lifehistory). Consultado el 22 de febrero del 2020.

Coulon A., J. W. Fitzpatrick, R. Bowman, L. J. Lovette. 2010. Effects of habitat fragmentation on effective dispersal of Florida Scrub-Jays. *Conservation Biology*, 24(4), 1080-1088.

Coulson J. O., T. D. Coulson. 2013. Reexamining cooperative hunting in Harris's Hawk (*Parabuteo unicinctus*): large prey or challenging habitats?. *The Auk*, 130(3), 548-552.

Cushman S. A., A. Shirk, E. L. Landguth. 2012. Separating the effects of habitat area, fragmentation and matrix resistance on genetic differentiation in complex landscapes. *Landscape ecology*, 27(3), 369-380.

Dawson J. W., R. W. Mannan. 1991a. The role of territoriality in the social organization of Harris' Hawks. *The Auk*, 108(3), 661-672.

Dawson J. W., R. W. Mannan. 1991b. Dominance hierarchies and helper contributions in Harris' Hawks. *The Auk*, 108(3), 649-660.

Fountain T., M. Nieminen, J. Sirén, S.C. Wong, R. Lehtonen y I. Hanski. 2016. Predictable allele frequency changes due to habitat fragmentation in the Glanville fritillary butterfly. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(10), 2678-2683.

Freeland J. R., Kirk, S. Petersen. 2011. Behavioural Ecology. En Freeland J.R., Kirk H., Petersen S. (eds). *Molecular Ecology*. John Wiley & Sons. Segunda edición. En línea. Pp 271-318.

Fridolfsson A. K., H. Ellegren. 1999. A simple and universal method for molecular sexing of non-ratite birds. *Journal of Avian Biology*, 116-121.

Garnier-Géré P., L. Chikhi, L. 2013. Population Subdivision, Hardy–Weinberg Equilibrium and the Wahlund Effect. (eLS) John Wiley & Sons, Ltd. doi:[10.1002/9780470015902.a0005446.pub3](https://doi.org/10.1002/9780470015902.a0005446.pub3)

Gómez de Silva, H., A. Oliveras de Ita y R. A. Medellín. 2005. *Parabuteo unicinctus*. Vertebrados superiores exóticos en México: diversidad, distribución y efectos potenciales. Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México. Bases de datos SNIB-CONABIO. Proyecto U020. México. D.F.

Guo S.W., E. A. Thompson. (1992) Performing the exact test of Hardy–Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics*, 48, 361–372.

Hanski I. 2009. Metapopulations and spatial population processes. En: Levin, S. A. (eds). *The Princeton guide to ecology*. Princeton, NJ: Princeton University Press. Pp 177–185.

Hanski I. 2011. Habitat loss, the dynamics of biodiversity, and a perspective on conservation. *Ambio*, 40(3), 248-255.

Hanski I., G. A. Zurita, M.L. Bellocq y J. Rybicki. 2013. Species–fragmented area relationship. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(31), 12715-12720.



Harrisson K. A., A. Pavlova, J. N. Amos, N. Takeuchi, A. Lill, J. Q. Radford, P. Sunnucks. 2012. Fine-scale effects of habitat loss and fragmentation despite large-scale gene flow for some regionally declining woodland bird species. *Landscape Ecology*, 27(6), 813-827.

Hull J. M., D. Tufts, J. R. Topinka., B. May, H. B. Ernest. 2007. Development of 19 microsatellite loci for Swainson's hawks (*Buteo swainsoni*) and other buteos. *Molecular Ecology Notes*, 7(2), 346-349.

Hull J. M., A.C. Hull, B.N. Sacks, J.P. Smith, H.B. Ernest. 2008. Landscape characteristics influence morphological and genetic differentiation in a widespread raptor (*Buteo jamaicensis*). *Molecular Ecology*, 17(3), 810-824.

INEGI. 2009. Prontuario de información geográfica municipal de los Estados Unidos Mexicanos. Comondú, Baja California Sur.

INEGI. 2016. Anuario estadístico y geográfico de Baja California Sur 2016. Baja California Sur, México.

Johnson P. C., M. K. Fowlie, & W. Amos. 2005. Isolation of microsatellite loci from the common buzzard, *Buteo buteo* (Aves: Accipitridae). *Molecular Ecology Notes*, 5(2), 208-211.

Jones A. G., C. M. Small, K. A. Paczolt, N. L. Ratterman. 2010. A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources*, 10(1), 6-30.

Loyau, A., B. Moureau, M. Richard, P. Christe, P. Heeb, G. Sorci. 2005. Cross-amplification of polymorphic microsatellites reveals extra-pair paternity and brood parasitism in *Sturnus vulgaris*. *Molecular Ecology Notes*, 5(1), 135-139.

Lee P.F., Shen S. F., Ding T.S., Chiou C.R: 2005. Habitat selection of the cooperative breeding Taiwan Yuhina (*Yuhina brunneiceps*) in a fragmented forest habitat. *Zoological Studies*, 44(4), 497-504.

Lerner H. R., D.P Mindell. 2005. Phylogeny of eagles, Old World vultures, and other Accipitridae based on nuclear and mitochondrial DNA. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37(2), 327-346.

Liu M., Q. D. Zhong, Y. R. Cheng, S.H. Li, S. Fang, C.E. Pu, S.F. Shen. 2015. The genetic relatedness in groups of joint-nesting Taiwan Yuhinas: low genetic relatedness with preferences for male kin. *PloS One*, 10(6). e0127341.

Martínez-Cruz, B., M. M. Camarena. 2018. Conservation Genetics in Raptors. En: Sarasola J., Grande J., Negro J. (eds) *Birds of Prey*. Springer, Cham. pp. 339-371.

Mitch Waite Group. 2013. Harris Hawk. *Field Guide of Birds of North America*. [https://identify.whatbird.com/obj/475/ /harriss\\_hawk.aspx](https://identify.whatbird.com/obj/475/ /harriss_hawk.aspx). Consultado el 17 de febrero del 2020.

Montes-Díaz Y., Y. Cardales-Barrios, E. Pardo-Pérez. 2015. Analysis of genetic variations in populations of domestic cats (*Felis catus*) by coat genes in Cartagena, Colombia. *Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 39(153), 520-526.

Munguia-Vega A., R. Rodriguez-Estrella, W. W. Shaw, M. Culver. (2013). Localized extinction of an arboreal desert lizard caused by habitat fragmentation. *Biological Conservation*, 157, 11-20.

Nam K. B., M. Simeoni, S.P. Sharp, B. J. Hatchwell. 2010. Kinship affects investment by helpers in a cooperatively breeding bird. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 277(1698), 3299-3306.

Nelson-Flower M. J., E. M. Wiley, T. P. Flower, A.R. Ridley. 2018. Individual dispersal delays in a cooperative breeder: Ecological constraints, the benefits of philopatry and the social queue for dominance. *Journal of Animal Ecology*, 87(5), 1227-1238.

Paredes, M. M. C. Norambuena, B. Molina. 2009. Diversidad genética de 12 LOCI microsatelitales utilizados en pruebas de paternidad equina en Chile. *Archivos de Zootecnia*, 58(221), 111-116.

Partida, M.A.Pérez. 2015. Ecología trófica y éxito reproductivo del halcón de Harris en una zona fragmentada del desierto de Baja California Sur, México. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma de Tlaxcala.

Peakall R., P.E. Smouse. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288-295.

Queller D. C., K. F. Goodnight. 1989. Estimating relatedness using genetic markers. *Evolution*, 43(2), 258-275.

Raymond M., F. Rousset. 1995. GENEPOP (version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity*, 86, 248-249.

Ribeiro A. M., P. Lloyd, K. A. Feldheim, R. C. Bowie. 2012. Microgeographic socio-genetic structure of an African cooperative breeding passerine revealed: integrating behavioural and genetic data. *Molecular Ecology*, 21(3), 662-672.

Rice, W. R. 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43(1), 223-225.

Roldán-Velasco, F. E. 2008. Ficha técnica de *Parabuteo unicinctus*. En: Escalante-Pliego, P. (compilador). "Fichas sobre las especies de Aves incluidas en el Proyecto de Norma Oficial Mexicana PROY-NOM-ECOL-2000. Parte 2". Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. Bases de datos SNIB-CONABIO. Proyecto No. W042. México. D.F.

Rutkowski R., Ł. Rejt., A. Tereba, A. Gryczyńska-Sięmiątkowska, B. Janic. 2009. Population genetic structure of the European kestrel *Falco tinnunculus* in Central Poland. *European Journal of Wildlife Research*, 56(3), 297–305.

Santos T., J.L Tellería. 2006. Pérdida y fragmentación del hábitat: efecto sobre la conservación de las especies. *Revista Ecosistemas*, 15(2), 3-12.

Schuelke, M. 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology*, 18(2), 233-234.

Troyo-Diéguez E., A. Cruz-Falcón, M. Norzagaray-Campos, L. F. Beltrán-Morales, B. Murillo-Amador, F. A. Beltrán-Morales, R. D. Valdez-Cepeda. 2010. Agotamiento hidroagrícola a partir de la Revolución Verde: extracción de agua y gestión de la tecnología de riego en Baja California Sur, México. *Estudios sociales (Hermosillo, Son.)*, 18(36), 177-201.

Wang J. 2018. Estimating genotyping errors from genotype and reconstructed pedigree data. *Methods in Ecology and Evolution*, 9, 109-120.

Weinman L. R., J. W. Solomon, D. R. Rubenstein. 2015. A comparison of single nucleotide polymorphism and microsatellite markers for analysis of parentage and kinship in a cooperatively breeding bird. *Molecular Ecology Resources*, 15(3), 502-511.

Woxvold I. A., G. J. Adcock, R. A. Mulder. 2006. Fine-scale genetic structure and dispersal in cooperatively breeding apostlebirds. *Molecular Ecology*, 15(11), 3139-3146.

## 11. ANEXOS

**Anexo A:** Individuos de *Parabuteo unicinctus* del valle de Santo Domingo, BCS con sus respectivas concentraciones de ADN y volúmenes originales y posteriores a la dilución

Id	Q ADN Original	Q original ng/ $\mu$ L	Volumen ADN $\mu$ L	Q Final nM/ $\mu$ L	Volumen final $\mu$ L	Volumen de H2O $\mu$ L
H6*	0-0.2?	0.00	0.00	15.00	200.00	0.00
H8	417	417.00	7.19	15.00	200.00	192.81
H9	79.8	79.80	37.59	15.00	200.00	162.41
H10	269	269.00	11.15	15.00	200.00	188.85
H11	379	379.00	7.92	15.00	200.00	192.08
H12	34.4	34.40	43.60	15.00	100.00	56.40
H13*	10.6	10.60	283.02	15.00	200.00	-83.02
H14	157	157.00	19.11	15.00	200.00	180.89
H15*	8.14	8.14	368.55	15.00	200.00	-168.55
H16	550	550.00	5.45	15.00	200.00	194.55
H17	129	129.00	23.26	15.00	200.00	176.74
H18	500	500.00	6.00	15.00	200.00	194.00
H23	215	215.00	13.95	15.00	200.00	186.05
H25	117	117.00	25.64	15.00	200.00	174.36
H26	740	740.00	4.05	15.00	200.00	195.95

H27	299	299.00	10.03	15.00	200.00	189.97
H29*	0-0.2?	0.00	0.00	15.00	200.00	0.00
H30	750	750.00	4.00	15.00	200.00	196.00
H31	510	510.00	5.88	15.00	200.00	194.12
H32*	446	446.00	6.73	15.00	200.00	193.27
H34	467	467.00	6.42	15.00	200.00	193.58
H35	300	300.00	10.00	15.00	200.00	190.00
H38	52.5	52.50	42.86	15.00	150.00	107.14
H39	355	355.00	8.45	15.00	200.00	191.55
H40*	11.8	11.80	254.24	15.00	200.00	-54.24
H42	203	203.00	14.78	15.00	200.00	185.22
H43	530	530.00	5.66	15.00	200.00	194.34
H45	164	164.00	18.29	15.00	200.00	181.71
H46	147	147.00	20.41	15.00	200.00	179.59
H47	97.9	97.90	30.64	15.00	200.00	169.36
H48	288	288.00	10.42	15.00	200.00	189.58
H49*	13.8	13.80	217.39	15.00	200.00	-17.39
H51	219	219.00	13.70	15.00	200.00	186.30
H52	218	218.00	13.76	15.00	200.00	186.24
H53*	2.41	2.41	1244.81	15.00	200.00	-1044.81

H54	79.3	79.30	37.83	15.00	200.00	162.17
H55	181	181.00	16.57	15.00	200.00	183.43
H79	75.8	75.80	39.58	15.00	200.00	160.42
H82*	16.6	16.60	43.37	15.00	48.00	4.63
H83*	0-0.2?	0.00	0.00	15.00	200.00	0.00
H85	243	243.00	12.35	15.00	200.00	187.65
H86*	7.55	7.55	397.35	15.00	200.00	-197.35
H87	290	290.00	10.34	15.00	200.00	189.66
H88*	2.42	2.42	1239.67	15.00	200.00	-1039.67
H89*	0-0.2?	0.00	0.00	15.00	200.00	0.00
H90*	9.49	9.49	316.12	15.00	200.00	-116.12
H92	312	312.00	9.62	15.00	200.00	190.38
H93	211	211.00	14.22	15.00	200.00	185.78
H95	119	119.00	25.21	15.00	200.00	174.79
H96*	6.25	6.25	480.00	15.00	200.00	-280.00
H97	289	289.00	10.38	15.00	200.00	189.62
H98	223	223.00	13.45	15.00	200.00	186.55
H99	540	540.00	5.56	15.00	200.00	194.44
H101	82.3	82.30	36.45	15.00	200.00	163.55
H102	173	173.00	17.34	15.00	200.00	182.66

H102 B*	7.83	7.83	383.14	15.00	200.00	-183.14
H103	140	140.00	21.43	15.00	200.00	178.57
H104*	429	429.00	6.99	15.00	200.00	193.01
H105	343	343.00	8.75	15.00	200.00	191.25
H106	28.3	28.30	42.93	15.00	81.00	38.07
H107	520	520.00	5.77	15.00	200.00	194.23
H108	376	376.00	7.98	15.00	200.00	192.02
H109	200	200.00	15.00	15.00	200.00	185.00
H110	231	231.00	12.99	15.00	200.00	187.01
H111*	9.24	9.24	324.68	15.00	200.00	-124.68
H112*	7.28	7.28	412.09	15.00	200.00	-212.09
H113	327	327.00	9.17	15.00	200.00	190.83
H114	43	43.00	43.26	15.00	124.00	80.74
H115	304	304.00	9.87	15.00	200.00	190.13
H116	379	379.00	7.92	15.00	200.00	192.08
H117*	5.78	5.78	519.03	15.00	200.00	-319.03
H118*	396	396.00	7.58	15.00	200.00	192.42
H119	398	398.00	7.54	15.00	200.00	192.46
H120*	1.62	1.62	1851.85	15.00	200.00	-1651.85
H121*	4.13	4.13	726.39	15.00	200.00	-526.39



H122	590	590.00	5.08	15.00	200.00	194.92
H123	229	229.00	13.10	15.00	200.00	186.90
H125	90.1	90.10	33.30	15.00	200.00	166.70
H351	157	157.00	19.11	15.00	200.00	180.89
H354	240	240.00	12.50	15.00	200.00	187.50
H355*	4.14	4.14	724.64	15.00	200.00	-524.64
H356	131	131.00	22.90	15.00	200.00	177.10
H358	550	550.00	5.45	15.00	200.00	194.55
H359*	7.25	7.25	413.79	15.00	200.00	-213.79
H360	124	124.00	24.19	15.00	200.00	175.81

---

\* Los individuos fueron excluidos de análisis posteriores por no contar con suficiente ADN  
? El flourometro Qubit 3.0 marca como error todas las muestras que den valores iguales o cercanos a 0

**Anexo B:** Lista de microsatélites previamente caracterizados en especies de rapaces emparentadas filogenéticamente y que fueron probados en *P. unicinctus*. Se presenta el número de acceso del Genebank, la secuencia del cebador, el producto de PCR obtenido en *P. unicinctus* y la referencia donde se cita el marcador.

<b>Locus</b>	<b>Especie origen</b>	<b>Motivo</b>	<b>No. De acceso</b>	<b>Secuencia de cebador (5'-3')</b>	<b>Producto de PCR (bp) en <i>P.unicinctus</i></b>	<b>Referencia</b>
Bbu03**	<i>Buteo buteo</i>	(GA)5	AJ715876	F: GATCAAAGTACTTGACAGTGTCC R: CAGGTACATGCGTACATACTTC	No amplificó	Johnson et al. (2005)
Bbu33	<i>Buteo buteo</i>	(GT)12	AJ715903	F: TGCCGCCATCTTACTGAAG R: ATCACAAGATAGCCAGCTATGG	194-200	Johnson et al. (2005)
Bbu34	<i>Buteo buteo</i>	(AC)12	AJ715904	F: AGACCAGCAAACCCAAACAG R: TTGATATATCTTGCTCCATGCTG	171-175	Johnson et al. (2005)
Bbu42	<i>Buteo buteo</i>	(GGGT)5(GA)5	AJ715912	F: GGGATAAGAATGCCAGAACTTG R: TGGGTGGCTAAATCTTGAGG	199-205	Johnson et al. (2005)
Bbu46	<i>Buteo buteo</i>	(AC)12	AJ715916	F: TGAACCCTGGAGAAAGATGC R: CAATTTGGGGAGACGTGATG	194-206	Johnson et al. (2005)
Bbu51*	<i>Buteo buteo</i>	(AC)17	AJ715921	F: GACCTGGTGCTCTGCATTC R: TGAAACAGATTTGATTCTGGATG	181	Johnson et al. (2005)

Bbu59	<i>Buteo buteo</i>	(CA)5	AJ715928	F: CCTGCCACAGGGTATTACTATGAC R: AGGCTCGCTAAAGGAACAAG	155-165	Johnson et al. (2005)
BswA110w	<i>Buteo swainsonii</i>	(CA)18	DQ985707	F: ATTTTGAGAGGTGAAGGTCACG R: CAGGTCAGTGAAGGACTCTGC	228-242	Hull et al. (2005)
BswA204w	<i>Buteo swainsonii</i>	(CA)16	DQ985708	F: GCAGAAGGAAATGTGTTTGGTT R: TAAGAAACCAGGTGGCATTAGG	171-184	Hull et al. (2005)
BswA302w*	<i>Buteo swainsonii</i>	(CA)16	DQ985709	F: CGAAGTTGTGCAATCTCATTTC R: CTTGCTTTTACAATTTGCAGTC	241	Hull et al. (2005)
BswA303w	<i>Buteo swainsonii</i>	(CA)15	DQ985710	F: ACTGAATAAGCAGAGGGCAAAA R: TGGCACTTCCATAGTCAATCAG	No amplifíco	Hull et al. (2005)
BswA312w**	<i>Buteo swainsonii</i>	(CA)16	DQ985709	F: CGAAGTTGTGCAATCTCATTTC R: CTTGCTTTTACAATTTGCAGTC	No amplifíco	Hull et al. (2005)
BswA317w	<i>Buteo swainsonii</i>	(CA)17	DQ985712	F: CTGAAAATGTCACCACAACAAA R: TGAGTAAGCACAGGAGATGGAT	401-414	Hull et al. (2005)
BswB111aw	<i>Buteo swainsonii</i>	(CATC)7	DQ985713	F: TCATCCCAATGCAGTTCTCA R: CACTGGCATGAATGGACAGA	195-213	Hull et al. (2005)
BswB220w	<i>Buteo swainsonii</i>	(AAT)9	DQ985714	F: GGCTTTTCTGATTGAATTAGGG R: CACAACTGTTGCCTGAACTTT	173-194	Hull et al. (2005)

BswB221w	<i>Buteo swainsonii</i>	(AAT)4	DQ985715	F: TAACTTCGACACAGGGTAGCAA R: TGGGAGAGTGTTTGTGCTCTTA	160-175	Hull et al. (2005)
BswD127	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)9	DQ985719	F: CAGGGTGGACAGACAGGTAG R: GTGAGGCAGTTGGACTTGAT	150-198	Hull et al. (2005)
BswD122w**	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)10	DQ985717	F: GTCAGGCAGTTGGACTAGATGA R: GATGGGGAAGTCTCTAAACAT	No amplificó	Hull et al. (2005)
BswD220w	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)11	DQ985722	F: TAACTTTTGGTCAGCCCTGAAT R: TCTGTGGCACTGCAATGAAT	318-339	Hull et al. (2005)
BswD234w	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)17	DQ988163	F: GGAATTGCATAGGTCAAACACA R: CTGTGCAACATATTATTTCCCTTG	223-257	Hull et al. (2005)
BswD310w	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)24	DQ985725	F: GAACAATTTGGGATACACTGA R: TAATGCCATGATGTTATCAGAC	255-316	Hull et al. (2005)
BswD313w	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)19	DQ985727	F: CTGCACCTTTCTTCTTATGC R: GCTGAGGTCTGAATTTTACC	369-385	Hull et al. (2005)
BswD210w**	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)14	DQ985721	F: TTAACAAGTCCAAATGCTGGAT R: TTGGAATAAATGGTCATTGTAGGT	No amplificó	Hull et al. (2005)
BswD327*	<i>Buteo swainsonii</i>	(GAGAA)9	DQ985729	F: ATGGTCCACTAGAATGTTTGAC R: TCTCCCTATGTTACGTTAGCAT	170	Hull et al. (2005)

\*Microsatélites con locus monomórficos.

\*\*Microsatélites que no amplificaron.



**Anexo C:** Genotipo de la población del Valle de Santo Domingo. Cada individuo tiene una etiqueta personal (ID), seguido del tipo de área donde la muestra de sangre fue colectada; los valores debajo de cada locus se encuentran en pares de bases (bp).

ID	Tipo de área	Locus																	
		BswD127	Bbu34	Bbu46	BswD310	BswA317	BswD234	BswD220	Bbu33	Bbu42									
H9	Natural	160	189	173	173	196	200	272	272	403	403	229	248	318	328	194	200	199	199
H10	Natural	189	189	173	173	194	194	261	301	403	403	252	257	328	339	194	200	199	199
H11	Fragmentada	160	160	173	173	194	206	255	272	403	409	244	252	328	334	194	200	201	203
H12	Fragmentada	160	179	171	173	194	200	277	292	403	409	223	238	318	334	194	200	199	203
H14	Fragmentada	179	189	173	173	194	196	292	306	405	414	244	252	318	328	194	194	199	199
H16	Fragmentada	165	189	173	173	200	200	292	316	0	0	249	249	318	328	194	194	199	199
H17	Fragmentada	165	189	173	173	200	200	292	316	403	409	248	248	318	328	194	194	199	199
H18	Fragmentada	160	189	173	173	196	206	277	296	0	0	223	229	323	339	194	200	201	203
H23	Fragmentada	160	184	173	173	196	206	277	277	403	405	223	229	323	339	194	200	201	203
H25	Fragmentada	189	189	173	173	196	200	292	292	403	403	244	244	339	339	194	194	199	203

H27	Fragmentada	160	198	173	173	196	206	267	267	403	403	223	252	328	334	0	0	199	203
H31	Fragmentada	160	189	173	173	194	206	277	277	0	0	238	249	318	323	194	200	199	203
H35	Fragmentada	160	160	173	173	196	196	261	261	403	403	229	244	339	339	194	194	201	203
H38	Fragmentada	198	198	173	173	194	196	267	272	403	405	223	244	328	339	194	194	199	201
H39	Fragmentada	160	179	173	173	194	196	272	282	409	409	223	244	318	334	194	194	199	203
H42	Fragmentada	160	189	173	173	196	200	272	292	405	405	252	257	318	323	194	200	0	0
H43	Fragmentada	189	189	173	175	200	200	292	292	0	0	0	0	328	334	194	200	199	199
H45	Fragmentada	184	193	173	173	194	196	272	301	403	405	223	244	323	334	194	194	199	199
H46	Fragmentada	160	193	173	173	194	196	261	272	403	405	244	252	318	328	194	194	199	199
H47	Fragmentada	160	165	173	173	200	200	292	292	403	409	223	248	318	328	194	194	199	199
H48	Natural	160	189	173	173	206	206	261	261	409	409	223	248	318	318	194	194	203	203
H51	Natural	160	165	173	173	194	200	261	306	403	412	248	248	328	339	194	200	199	203
H52	Natural	160	165	173	173	194	200	261	267	403	409	244	248	328	328	194	200	199	199
H54	Fragmentada	160	160	173	173	194	200	261	261	409	414	223	257	318	334	194	194	199	203

H55	Fragmentada	160	189	173	173	196	200	282	282	403	409	244	252	328	339	194	194	199	199
H79	Fragmentada	184	193	173	173	196	196	261	277	405	412	223	252	339	339	194	194	0	0
H85	Fragmentada	179	189	173	173	194	194	292	306	403	409	244	252	328	334	194	194	199	205
H87	Natural	160	160	173	173	196	196	0	0	409	409	229	252	323	339	194	194	199	199
H92	Fragmentada	179	189	173	173	200	206	267	272	403	409	223	223	318	318	0	0	199	199
H93	Natural	160	160	0	0	194	206	261	272	409	409	238	248	323	339	194	194	199	199
H95	Fragmentada	179	179	173	173	196	200	261	261	403	409	244	252	328	334	194	194	199	199
H97	Natural	160	189	173	173	194	196	267	282	405	409	244	248	328	334	194	198	199	199
H98	Natural	160	189	173	173	196	200	282	282	403	409	229	244	318	323	194	194	199	199
H99	Fragmentada	160	179	171	173	296	200	306	311	401	403	223	244	328	334	194	194	0	0
H101	Natural	160	173	173	173	194	196	261	272	403	403	244	252	334	339	194	194	199	203
H102	Fragmentada	184	189	173	173	194	200	292	292	403	409	223	229	0	0	194	194	199	199
H103	Natural	160	160	171	173	194	196	261	282	403	403	223	257	318	318	194	194	203	203
H105	Natural	150	189	173	173	194	196	261	261	409	409	248	252	334	339	0	0	199	199



H106	Natural	165	189	173	173	196	200	255	272	403	412	244	252	318	328	194	194	199	199
H108	Fragmentada	189	189	171	173	194	206	277	292	403	409	248	248	318	328	194	200	199	203
H109	Fragmentada	160	160	173	173	200	200	255	292	403	409	0	0	318	323	194	194	199	199
H110	Fragmentada	160	179	173	173	200	200	277	277	403	405	238	248	0	0	194	194	199	199
H113	Fragmentada	160	193	173	173	196	206	277	277	403	405	223	244	323	323	194	194	203	203
H114	Fragmentada	179	198	173	173	194	196	261	272	405	409	0	0	318	318	194	194	199	203
H116	Fragmentada	160	189	173	173	200	206	261	272	403	407	223	238	323	328	194	194	199	203
H118	Fragmentada	160	165	173	173	196	200	292	292	403	409	223	248	318	318	194	194	199	199
H119	Natural	160	165	173	173	0	0	255	267	0	0	244	244	318	339	194	194	199	199
H122	Natural	160	160	173	173	194	200	272	296	0	0	0	0	323	339	194	194	199	203
H123	Fragmentada	184	189	173	173	200	202	277	311	409	409	223	248	318	334	194	194	199	199
H125	Fragmentada	160	198	173	173	194	196	267	301	403	403	223	252	318	334	194	194	199	203
H351	Fragmentada	160	189	173	173	194	202	277	292	403	409	223	223	0	0	194	194	199	199
H354	Fragmentada	160	160	173	173	196	196	267	272	403	409	223	244	339	339	194	194	199	199

H356	Fragmentada	160	179	171	173	194	200	292	292	409	409	223	252	318	318	194	194	199	199
H358	Fragmentada	160	193	171	173	296	206	272	301	401	403	244	252	323	334	194	194	0	0
H360	Natural	160	189	173	173	194	196	255	292	409	409	229	252	318	323	0	0	199	199

---

**Anexo D:** Parejas donde se presentaron valores de probabilidad mayores 0.5 otorgados por COLONY. En hermanos completos la probabilidad correspondió con el grado de relación debido (0.5) en el 66.67% de los casos. Mientras que en medios hermanos el grado de relación debido (0.25) correspondió en el 85.71% de los casos.

Hermanos completos									
Cría#1	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Cría#2	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Probabilidad	grado de relación (r)
<b>H108</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.586</b>	<b>0.045</b>
<b>H118</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>H47</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.96</b>	<b>0.825</b>
<b>H85</b>	184	28/05/09	Área fragmentada	<b>H14</b>	184	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.832</b>	<b>0.486</b>
H46	23	06/07/10	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.205	0.416
H51	119	19/07/10	Área Natural	H52	119	19/07/10	Área Natural	0.451	0.477
Medios Hermanos									
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H110	116	05/05/10	Área fragmentada	0.194	-0.117
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H114	186	13/05/10	Área fragmentada	0.082	-0.257
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.115	-0.226
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.108	0.004
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H356	247	05/06/10	Área fragmentada	0.416	0.005
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.042	-0.349
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.352	0.074

H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H118	254	09/07/10	Área fragmentada	0.444	0.605
<b>H109</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>0.541</b>	<b>0.455</b>
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.31	0.707
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.244	0.390
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.345	0.147
<b>H110</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.646</b>	<b>0.293</b>
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.223	0.173
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H79</b>	167	20/05/09	Área fragmentada	<b>0.719</b>	<b>0.270</b>
H113	48	07/05/10	Área fragmentada	H45	23	06/07/10	Área fragmentada	0.488	0.180
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H358</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.558</b>	<b>0.246</b>
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.035	-0.210
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.394	0.240
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.26	-0.150
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.133	-0.048
<b>H114</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.577</b>	<b>0.228</b>
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.384	0.518
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.147	-0.259
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.252	0.164
H118	254	09/07/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.338	0.591
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.217	0.371
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.144	0.237
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.101	0.165
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H27	188	29/07/09	Área fragmentada	0.483	0.249
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.305	0.479
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.364	0.308
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.4	0.409
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.336	0.669
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.22	0.185

H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.391	0.505
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.385	0.290
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.473	0.514
<b>H79</b>	167	20/05/09	Área fragmentada	<b>H46</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.659</b>	<b>0.188</b>
H79	167	20/05/09	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.296	0.019
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.329	0.127
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.077	0.162
<b>H27</b>	188	29/07/09	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.772</b>	<b>0.337</b>
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.108	-0.135
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.146	0.013
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.127	-0.025
H35	48	07/05/10	Área fragmentada	H38	247	05/06/10	Área fragmentada	0.479	0.165
H35	48	07/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.162	0.015
H39	186	13/05/10	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.408	0.159
H39	186	13/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.213	0.330
H45	23	06/07/10	Área fragmentada	H358	23	06/07/10	Área fragmentada	0.163	0.295
H55	25	07/08/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.463	0.517

**Anexo E:** Parejas donde se presentaron valores de probabilidad mayores 0.4 otorgados por COLONY. En hermanos completos la probabilidad correspondió con el grado de relación debido (0.5) en el 75% de los casos. Mientras que en medios hermanos el grado de relación debido (0.25) correspondió en el 53.84% de los casos.

Hermanos completos									
Cría#1	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Cría#2	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Probabilidad	grado de relación (r)
<b>H108</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.586</b>	<b>0.045</b>
<b>H118</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>H47</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.96</b>	<b>0.825</b>
<b>H85</b>	184	28/05/09	Área fragmentada	<b>H14</b>	184	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.832</b>	<b>0.486</b>
H46	23	06/07/10	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.205	0.416
<b>H51</b>	119	19/07/10	Área Natural	<b>H52</b>	119	19/07/10	Área Natural	<b>0.451</b>	<b>0.477</b>
Medios Hermanos									
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H110	116	05/05/10	Área fragmentada	0.194	-0.117
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H114	186	13/05/10	Área fragmentada	0.082	-0.257
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.115	-0.226
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.108	0.004
<b>H108</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H356</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.416</b>	<b>0.005</b>
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.042	-0.349
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.352	0.074
<b>H109</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H118</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.444</b>	<b>0.605</b>
<b>H109</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>0.541</b>	<b>0.455</b>
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.31	0.707
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.244	0.390
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.345	0.147
<b>H110</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.646</b>	<b>0.293</b>
H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.223	0.173

<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H79</b>	167	20/05/09	Área fragmentada	<b>0.719</b>	<b>0.270</b>
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H45</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.488</b>	<b>0.180</b>
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H358</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.558</b>	<b>0.246</b>
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.035	-0.210
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.394	0.240
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.26	-0.150
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.133	-0.048
<b>H114</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.577</b>	<b>0.228</b>
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.384	0.518
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.147	-0.259
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.252	0.164
H118	254	09/07/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.338	0.591
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.217	0.371
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.144	0.237
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.101	0.165
<b>H354</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>H27</b>	188	29/07/09	Área fragmentada	<b>0.483</b>	<b>0.249</b>
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.305	0.479
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.364	0.308
<b>H354</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>H55</b>	25	07/08/10	Área fragmentada	<b>0.4</b>	<b>0.409</b>
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.336	0.669
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.22	0.185
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.391	0.505
H356	241	14/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.385	0.290
<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>H47</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.473</b>	<b>0.514</b>
<b>H79</b>	167	20/05/09	Área fragmentada	<b>H46</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.659</b>	<b>0.188</b>
H79	167	20/05/09	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.296	0.019
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.329	0.127
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.077	0.162

<b>H27</b>	188	29/07/09	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.772</b>	<b>0.337</b>
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.108	-0.135
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.146	0.013
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.127	-0.025
<b>H35</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.479</b>	<b>0.165</b>
H35	48	07/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.162	0.015
<b>H39</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H55</b>	25	07/08/10	Área fragmentada	<b>0.408</b>	<b>0.159</b>
H39	186	13/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.213	0.330
H45	23	06/07/10	Área fragmentada	H358	23	06/07/10	Área fragmentada	0.163	0.295
<b>H55</b>	25	07/08/10	Área fragmentada	<b>H87</b>	76	08/06/09	Área Natural	<b>0.463</b>	<b>0.517</b>

---



**Anexo F:** Parejas donde se presentaron valores de probabilidad mayores 0.35 otorgados por COLONY. En hermanos completos la probabilidad correspondió con el grado de relación debido (0.5) en el 75% de los casos. Mientras que en medios hermanos el grado de relación debido (0.25) correspondió en el 62.5% de los casos.

Hermanos completos									
Cría#1	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Cría#2	Nido	Fecha de captura	Tipo de área	Probabilidad	grado de relación (r)
<b>H108</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.586</b>	<b>0.045</b>
<b>H118</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>H47</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.96</b>	<b>0.825</b>
<b>H85</b>	184	28/05/09	Área fragmentada	<b>H14</b>	184	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.832</b>	<b>0.486</b>
H46	23	06/07/10	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.205	0.416
<b>H51</b>	119	19/07/10	Área Natural	<b>H52</b>	119	19/07/10	Área Natural	<b>0.451</b>	<b>0.477</b>
Medios Hermanos									
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H110	116	05/05/10	Área fragmentada	0.194	-0.117
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H114	186	13/05/10	Área fragmentada	0.082	-0.257
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H116	186	13/05/10	Área fragmentada	0.115	-0.226
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.108	0.004
<b>H108</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H356</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.416</b>	<b>0.005</b>
H108	116	05/05/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.042	-0.349
<b>H108</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H9</b>	78	27/05/09	Área Natural	<b>0.352</b>	<b>0.074</b>
<b>H109</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H118</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.444</b>	<b>0.605</b>
<b>H109</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>0.541</b>	<b>0.455</b>
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H47	254	09/07/10	Área fragmentada	0.31	0.707
H109	116	05/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.244	0.390
<b>H110</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H116</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>0.345</b>	<b>0.147</b>
<b>H110</b>	116	05/05/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.646</b>	<b>0.293</b>

H110	116	05/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.223	0.173
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H79</b>	167	20/05/09	Área fragmentada	<b>0.719</b>	<b>0.270</b>
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H45</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.488</b>	<b>0.180</b>
<b>H113</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H358</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.558</b>	<b>0.246</b>
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H351	62	03/06/10	Área fragmentada	0.035	-0.210
<b>H114</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>0.394</b>	<b>0.240</b>
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.26	-0.150
H114	186	13/05/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.133	-0.048
<b>H114</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.577</b>	<b>0.228</b>
<b>H114</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H39</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>0.384</b>	<b>0.518</b>
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.147	-0.259
H116	186	13/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.252	0.164
H118	254	09/07/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.338	0.591
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H356	241	14/06/10	Área fragmentada	0.217	0.371
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H12	98	28/05/09	Área fragmentada	0.144	0.237
H351	62	03/06/10	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.101	0.165
<b>H354</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>H27</b>	188	29/07/09	Área fragmentada	<b>0.483</b>	<b>0.249</b>
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H35	48	07/05/10	Área fragmentada	0.305	0.479
<b>H354</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>H39</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>0.364</b>	<b>0.308</b>
<b>H354</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>H55</b>	25	07/08/10	Área fragmentada	<b>0.4</b>	<b>0.409</b>
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.336	0.669
H354	247	05/06/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.22	0.185
<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>H12</b>	98	28/05/09	Área fragmentada	<b>0.391</b>	<b>0.505</b>
<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>H39</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>0.385</b>	<b>0.290</b>
<b>H356</b>	241	14/06/10	Área fragmentada	<b>H47</b>	254	09/07/10	Área fragmentada	<b>0.473</b>	<b>0.514</b>
<b>H79</b>	167	20/05/09	Área fragmentada	<b>H46</b>	23	06/07/10	Área fragmentada	<b>0.659</b>	<b>0.188</b>
H79	167	20/05/09	Área fragmentada	H106	221	09/11/09	Área Natural	0.296	0.019
H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.329	0.127

H12	98	28/05/09	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.077	0.162
<b>H27</b>	188	29/07/09	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.772</b>	<b>0.337</b>
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H39	186	13/05/10	Área fragmentada	0.108	-0.135
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H55	25	07/08/10	Área fragmentada	0.146	0.013
H27	188	29/07/09	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.127	-0.025
<b>H35</b>	48	07/05/10	Área fragmentada	<b>H38</b>	247	05/06/10	Área fragmentada	<b>0.479</b>	<b>0.165</b>
H35	48	07/05/10	Área fragmentada	H9	78	27/05/09	Área Natural	0.162	0.015
<b>H39</b>	186	13/05/10	Área fragmentada	<b>H55</b>	25	07/08/10	Área fragmentada	<b>0.408</b>	<b>0.159</b>
H39	186	13/05/10	Área fragmentada	H87	76	08/06/09	Área Natural	0.213	0.330
H45	23	06/07/10	Área fragmentada	H358	23	06/07/10	Área fragmentada	0.163	0.295
<b>H55</b>	25	07/08/10	Área fragmentada	<b>H87</b>	76	08/06/09	Área Natural	<b>0.463</b>	<b>0.517</b>

---