

ÍNDICE

ABREVIATURAS.....	VII
RESUMEN	XI
ABSTRACT	XIII
INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO I	3
ANTECEDENTES	3
1.1 ECOLOGÍA DE LAS AVES MIGRATORIAS NEOTROPICALES.....	3
1.2. LOS HÁBITATS INVERNALES	4
1.3. CONECTIVIDAD MIGRATORIA.....	6
1.4. ESTIMACIÓN DE LA CONECTIVIDAD MIGRATORIA.....	9
1.4.1. Marcaje-recaptura	12
1.4.2. Geolocalizadores de luz	12
1.4.3. Telemetría	14
1.4.4. Marcadores isotópicos.....	15
1.4.5. Marcadores moleculares	17
1.5. GENÉTICA Y GENÓMICA DE LA CONSERVACIÓN	20
1.6. EFECTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO EN LAS AVES MIGRATORIAS.....	23
1.7. ESPECIE MODELO: <i>Geothlypis trichas</i>	24
1.7.1. Variación Geográfica	26
1.7.2. Variación Morfológica	31
1.7.3. Hábitat.....	33
1.7.4. Reproducción	34
1.7.5. Alimentación.....	34
JUSTIFICACIÓN	36
PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN	39
OBJETIVO	39

ÍNDICE

OBJETIVOS ESPECÍFICOS	39
CAPÍTULO II	41
MATERIALES Y MÉTODOS	41
2.1. ÁREA DE ESTUDIO.....	41
2.3. MÉTODOS	45
2.3.1. Recolección de muestras biológicas.....	45
2.3.2. Esfuerzo de muestreo de la colecta de muestras biológicas.....	47
2.3.3. Procedimientos de Laboratorio ejecutados en el Proyecto Bird Genoscape	49
2.3.3.1. Extracción de ADN	49
2.3.3.2. Secuenciación de genoma completo de baja cobertura.....	50
2.3.3.3. Descubrimiento de SNPs.....	50
2.3.3.4. Genotipado de poblaciones invernales	51
2.3.4. Análisis de asignación	52
2.3.4.1 Análisis de estructura genética de la población de origen.....	52
2.3.4.2. Análisis de identificación de stock genético.	53
CAPÍTULO III	57
RESULTADOS.....	57
3.1. CAPTURAS DE <i>Geothlypis trichas</i>	57
3.1. ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN REPRODUCTIVA.....	57
3.2. COMPOSICIÓN DE LAS POBLACIONES INVERNALES	59
3.3. CONECTIVIDAD MIGRATORIA DE <i>Geothlypis trichas</i>	62
CAPÍTULO IV	65
DISCUSIÓN	65
4.1. CONECTIVIDAD MIGRATORIA CONTINENTAL DE <i>Geothlypis trichas</i>	65
4.2. CONECTIVIDAD MIGRATORIA REGIONAL DE <i>Geothlypis trichas</i>	67
4.3. LA CONECTIVIDAD MIGRATORIA EN EL MARCO DE LA GENÓMICA DE LA CONSERVACIÓN	68
4.4. USO DE HÁBITAT DE <i>Geothlypis trichas</i> EN EL CONTEXTO DEL CAMBIO CLIMÁTICO.	70
CAPÍTULO V	73
CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS.....	73
5.1. CONCLUSIONES.....	73

5.2. PERSPECTIVAS.....	74
BIBLIOGRAFÍA	77

RESUMEN

Entender el ciclo de vida completo de las aves migratorias es un gran reto para el estudio de la ecología de las especies y su conservación. Una manera de descifrarlo ha sido mediante la estimación de la conectividad migratoria, definida como la vinculación espaciotemporal de los individuos o las poblaciones entre los sitios que ocupan en los diferentes estados de su ciclo de vida. Para estimar la conectividad migratoria se han empleado diversos métodos que funcionan a diferentes escalas espaciales y temporales. Sin embargo, la mayoría de las técnicas requieren de períodos de ejecución prolongados, son costosos y generan información a una escala espacial gruesa. Para lograr abordar la conectividad migratoria a una escala más fina es necesario implementar otras tecnologías, de las cuales destaca la secuenciación de nueva generación. El objetivo de este estudio consistió en el análisis de conectividad migratoria del ave Mascarita Común (*Geothlypis trichas*) mediante la implementación de marcadores de polimorfismos de nucleótido simple (SNPs). Se analizaron 96 SNPs altamente divergentes en una muestra de 209 individuos pertenecientes a 31 poblaciones invernales de Norteamérica y el Caribe. Para conocer la estructura genética de las poblaciones reproductivas se realizó un análisis de asignación genética con Structure, con el que se reconocieron dos grupos genéticamente diferenciados. Además, con un análisis de identificación de stock genético, se estimó la mezcla de individuos con diferentes orígenes reproductivos que conforman las poblaciones invernales. Los resultados muestran poblaciones invernales desde el extremo noroeste de Estados Unidos hasta el centro de Belice y señalan que el grado de conectividad migratoria depende de la escala espacial: fuerte a escala continental y mixta a escala regional. Es decir, las aves que se reproducen al oeste de Norteamérica pasan el invierno en el oeste de Estados Unidos y México, mientras que las aves que se reproducen al este de Norteamérica invernan hacia el este de Estados Unidos, México, Centroamérica y el Caribe. Por otro lado, de las 31 poblaciones invernales, 17 se componen de individuos procedentes de solo un origen reproductivo y 14 de individuos provenientes de dos a tres orígenes reproductivos. Esta investigación destaca la utilidad del enfoque genómico en el estudio de la ecología de las aves, así como la importancia de la cooperación internacional, institucional y civil para fomentar su conservación.

Palabras clave: *Geothlypis trichas*, conectividad migratoria, genómica, marcadores moleculares, SNP.

ABSTRACT

Understanding the full life-cycle of migratory birds is a challenge for the study of their ecology and their conservation. One way to unravel migration is by estimating migratory connectivity, defined as the spatial and temporal linkage of individuals or populations between the sites they occupy in the different phases of their life cycle. Plenty of tracking methods have been used to estimate migratory connectivity and each works at different spatial and temporal scales. However, most of these methods involve a large effort and expense and operate at mostly coarse spatial scales. Therefore, to address migratory connectivity at a finer scale it is necessary to implement other technologies, such as next generation sequencing. The objective of this research was to analyze the migratory connectivity of the Common Yellowthroat (*Geothlypis trichas*) by using single nucleotide polymorphism markers. I analyzed 96 highly divergent SNPs in a sample of 209 individuals belonging to 31 wintering populations from North America and the Caribbean. To know the genetic structure of the breeding populations I used a Structure analysis; it indicated two genetic clusters. Also, I ran Genetic Stock Identification analysis to estimate the mixture of individuals from different breeding origins that comprise the wintering populations. I found that the degree of migratory connectivity depended on the spatial scale: strong at the continental scale and mixed at the regional scale. Specifically, I found that birds breeding in western North America wintered in western United States and Mexico and that birds breeding in eastern North America wintered in east United States and Mexico, Central America, and the Caribbean. On the other hand, 17 wintering populations are composed of individuals from only one breeding origin and the remaining 14 wintering populations are composed of individuals from two or three breeding origins. The information generated in this research highlights the usefulness of a genomic approach in the study of the ecology of migratory birds, as well as the importance of international cooperation between institutions and civil society to promote their conservation.

Key words: *Geothlypis trichas*, migratory connectivity, genomics, molecular markers, SNP.
