



Análisis de la diversidad genética de la paloma domestica (*Columba livia*) en Bogotá, Colombia utilizando genes que codifican la coloración y diseño del plumaje

Enrique Pardo P¹; Teodora Cavadía M¹, Gustavo Alvarino²

¹Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología. Montería, Colombia.

²Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Física. Montería, Colombia.

Resumen

Objetivo. Caracterizar genéticamente las poblaciones de paloma doméstica (*Columba livia*) en Bogotá, Colombia, utilizando genes que codifican la coloración y diseño del plumaje. **Materiales y métodos.** Se realizaron muestreos aleatorios en 28 colonias en la ciudad de Bogotá en el periodo comprendidos entre enero y junio del año 2014. Mediante excursiones urbanas, observación directa y registros fotográficos se estudiaron 2903 palomas. Se utilizaron los marcadores autosómicos que codifican la coloración y diseño del plumaje: *Grizzle (G)*; *Spread (S)*; *Checker (C)*, y el *locus* ligado al sexo *Ash-Red (B)*. Los parámetros genéticos: frecuencia alélica, diversidad genética, equilibrio Hardy-Weinberg y estructura poblacional fueron calculados a través del programa PopGene 1.31; la estructura genética y la distancia genética se evaluaron mediante el programa FSTAT v. 2.9.3.2. La elaboración del dendrograma se realizó empleando el programa MEGA 5. **Resultados.** Los marcadores que presentaron las mayores frecuencias alélicas fueron *Checker* y *Spread*. Se registraron valores poco significativos de variabilidad genética y una escasa diferenciación genética entre las poblaciones, acompañado de un elevado flujo génico; se observó un exceso de heterocigotos; a esto se le suma la ausencia de equilibrio Hardy-Weinberg y se reportaron valores bajos de distancia genética. **Conclusiones.** Las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente, situación que puede obedecer a la cercanía geográfica existente entre ellas, lo que ha favorecido el intercambio genético.

Palabras clave: *Columba livia*, equilibrio Hardy-Weinberg, genes del plumaje, genética de poblaciones, diversidad genética.

Analysis of genetic diversity of the domestic pigeon (*Columba livia*) in Bogotá, Colombia using genes that encode plumage color and design.



Abstract

Objective. Genetically characterize the populations of domestic pigeon (*Columba livia*) in Bogota, Colombia, using genes encoding plumage color and design. **Materials and methods.** Random sampling were made in 28 colonies in Bogota in the period between January and June of 2014. Through urban excursions, direct observation and photographic records, 2903 pigeons were studied. Autosomal markers that encode plumage coloration and design were used: *Grizzle (G)*; *Spread (S)*; *Checker (C)*, and sex-linked locus *Ash-Red (B)*. Genetic parameters: allele frequencies, genetic diversity, Hardy-Weinberg equilibrium and population structure were calculated through the program PopGene 1.31; genetic structure and genetic distance were evaluated by the program FSTAT v.2.9.3.2. The development of the dendrogram was made using the program MEGA 5. **Results:** The markers that showed the highest allele frequencies were *Checker* and *Spread*. The values of genetic variability were insignificant and a low genetic differentiation among populations was registered, accompanied by a high gene flow; an excess of heterozygotes was observed; this is compounded by the absence of Hardy-Weinberg equilibrium and low genetic distance values. **Conclusions.** The populations are highly genetically related, a situation that may be due to the geographical proximity existing between them, which has worked in favor of a big genetic exchange

Keywords: *Columba livia*, Hardy-Weinberg equilibrium, plumage genes, population genetics, genetic diversity.

*Para citar este artículo: Pardo P E, Cavadia M T, Alvarino G. Análisis de la diversidad genética de la paloma domestica (*Columba livia*) en Bogotá, Colombia utilizando genes que codifican la coloración y diseño del plumaje. Revista Bistua.2015.13(1):35-45

+ Autor para el envío de correspondencia y la solicitud de las separatas: Enrique Pardo
P.Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología. email:
epardop@correo.unicordoba.edu.co

Recibido: Octubre 02 de 2014

Aceptado: Febrero 26 de 2015

Introducción

En muchas especies animales, el color del plumaje o del pelaje es variable, pero esta variabilidad es continua. Sin embargo, algunas especies exhiben diferencias pronunciadas y discretas en el color. Las palomas domésticas (*Columba livia*), se caracterizan por una amplia variación en su plumaje¹. La especie probablemente se originó al sur de Asia², de un ancestro que vivió allí hace millones de años, de donde migró a colonizar África (Cabo Verde, Guinea, Mauritania y Senegambia); Europa (España, Gran Bretaña, Portugal, Isla de Madeira, Islas Azores); Asia, Oriente Medio y Oceanía (Australia, Nueva Zelanda). Inicialmente vivían en acantilados rocosos inaccesibles, donde nidificaban en las oquedades de la pared. Al desplazarse diariamente a los campos cercanos a buscar el agua y las semillas, desarrollaron un fino mecanismo de orientación, basado en una vista y en una memoria prodigiosa. Se encuentran entre las aves que forman colonias de mayor éxito de nuestras ciudades, donde viven semidomésticas.

La paloma doméstica (*Columba livia*) es de tamaño mediano (de 30.5 a 35.5 cm) y cola mediana. Pico oscuro con cera blanca en la base, patas rojizas. Sin dimorfismo sexual y plumaje muy variable entre individuos. El patrón original es gris claro con dos grandes franjas de color negro en las alas, presentan iridiscencias moradas y verdes en el cuello. Mide entre 30,5 y 35,5 centímetros y pesa entre 180 y 355 gramos³. Las bases genéticas del color y diseño del plumaje que se presenta en

las poblaciones de palomas fue señalado por^{1,2,4-9}.

El tipo de coloración conocido como azul barra (plumaje azul grisáceo), con dos barras negras paralelas en cada ala es considerado el fenotipo silvestre. Los colores del plumaje y patrones de alas reportados en palomas son producidos por cuatro sistemas de alelos primarios: *Checker*, *Ash-Red*, *Grizzle* y *Spread*

Son escasas las investigaciones que en coloración y diseño del plumaje hasta el momento se han realizado poblaciones de palomas^{1,2,10-12}

En el presente trabajo se estudió la diversidad genética de la paloma doméstica (*Columba livia*) en Bogotá, utilizando genes que codifican la coloración y diseño del plumaje en 2903 palomas de Bogotá distribuidas en 28 colonias.

MATERIALES Y METODOS

Sitio de estudio. El estudio se realizó en la zona urbana de Bogotá (4° 35' 53" de latitud Norte y 74° 4' 33" de longitud Oeste) ubicada en la sabana del mismo nombre, sobre el altiplano cundiboyacense de la cordillera Oriental de Los Andes a una altitud de 2640 metros y una temperatura que oscila entre los 7° C y 18° C, con una temperatura media anual de 14°C. Se recolectaron muestras de 28 colonias: Parque de los Periodistas, Parque Avianca, Plaza de Bolívar, Iglesia de San Agustín, Plaza Girardot, La Candelaria, Chorro de Quevedo, Colsubsidio de la 67, Calle 70 con 11, Parque de la 63, Clínica Palermo, Carulla de la 22, Avenida 34 con 17, Iglesia de la 17, Hotel Tequendama, Calle 13 con 19, La perseverancia, Parque Nacional, La Capuchina, Voto Nacional, Santa

Isabel, San José, Paloquemao, El Campín, Calle 62 con 27, Calle 47 con 7, Calle 42 con 17 y SAO de la 1 de Mayo.

Obtención de datos. Se realizaron muestreos aleatorios entre los meses de enero a junio del año 2014; mediante excursiones urbanas, observación directa y registros fotográficos, se realizó una clasificación fenotípica de cada uno de los individuos de las diferentes bandadas de palomas encontrados en Bogotá (n= 3384), cada ruta se utilizó sólo una vez, a fin de evitar el remuestreo, atendiendo a la presencia o ausencia de los marcadores autosómicos: *Grizzle* (G); *Spread* (S); *Checker* (C), y el *locus* ligado al sexo *Ash-Red* (B) (Tabla 1).

Diseño estadístico. La estimación de las frecuencias alélicas de cada marcador a nivel poblacional y global, así como las medidas de diversidad genética establecidas por Nei correspondientes a la heterocigosidad esperada (H_e), heterocigosidad observada (H_o), equilibrio Hardy-Weinberg y la distancia genética entre las poblaciones, se estimaron a través del programa PopGene 1.31¹³, la estructura genética de las poblaciones, atendiendo a los índices de fijación propuestos por Wright: F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} , se calcularon mediante el programa FSTAT v. 2.9.3.2¹⁴.

La elaboración del dendrograma que representa los valores estimados de distancia genética se realizó a través del método Neighbor-Joining empleando el programa MEGA 5¹⁵.

RESULTADOS

En las 28 colonias estudiadas se analizó un total de 2903 palomas de Bogotá atendiendo a los cuatro marcadores de codificación morfológica.

Frecuencias alélicas. Al calcular las frecuencias alélicas para cada colonia (Tabla 2) se obtuvo que el gen *Checker* fue el más frecuente, especialmente en las colonias de Iglesia de la 17 ($p= 0.604$), Avenida 34 con 17 ($p= 0.541$) y Paloquemao (0.498) y en el segundo lugar en términos de mayor frecuencia se ubicó el marcador *Spread* en las colonias Iglesia de la 17 ($p= 0.377$), La Capuchina ($p= 0.340$) y Avenida 34 con 17 ($p= 0.331$).

Por su parte, el marcador *Grizzle*, responsable de la presencia de manchas blancas, mostró las frecuencias menores y no se registró en varias colonias entre ellas Iglesia de la 17, Hotel Tequendama y Parque Nacional. Por otro lado, la colonia Paloquemao fue la que presentó las mayores frecuencias para todos los marcadores.

A nivel promedio, el gen *Checker* se ubicó como el marcador con la mayor frecuencia, seguido de *Spread* (Tabla 2), en contraste, los genes *Grizzle* y *Ash-Red* presentaron las menores frecuencias.

Diversidad genética.

La heterocigosidad esperada más alta se encuentra para el marcador *Checker* con un valor de 0.542 y la más baja para el marcador *Ash-Red* con un valor de 0.129 (Tabla 3). Los valores de heterocigosidad observada oscilan entre un máximo de 0.421 para el marcador *Checker* y un mínimo de 0.090 para el gen *Grizzle*. Los valores medios de H_e y H_o son 0.273 y 0.203 respectivamente. Con relación al test de equilibrio Hardy-Weinberg (Tabla 4), a nivel global las poblaciones reportaron ausencia de equilibrio.

Diferenciación genética y flujo génico.

El nivel de diferenciación genética en la población de Bogotá fue muy bajo (Tabla 5), lo cual indica que aproximadamente el 4.5 % de la variación detectada se debe a diferencias entre las colonias, por lo tanto, las poblaciones no fueron significativamente diferentes para los marcadores estudiados

En contraste, el elevado valor de flujo génico permite suponer que las poblaciones mantienen un grado considerable de intercambio genético, asumiéndose un total de diez migrantes por generación.

Estructura poblacional.

Los valores negativos para el coeficiente F_{IS} en cada marcador y en promedio (Tabla 6) reflejan un exceso de heterocigotos de los individuos con respecto a cada población y por lo tanto se asume ausencia de consanguinidad, con valores de -0.129 para el marcador *Grizzle* hasta -0.398 para el gen *Checker*, con relación al estadístico F_{IT} , en promedio se obtuvo un exceso de heterocigotos de los individuos con respecto a la población total, abarcando valores de -0.111 a -0.401 para los marcadores *Grizzle* y *Checker* respectivamente. Por otro lado el valor promedio de F_{ST} resultó ser bajo, lo que indica la escasa diferenciación génica existente entre las poblaciones, cabe resaltar un valor similar se registró para para el coeficiente G_{ST} .

Distancia Genética.

La distancia genética entre las poblaciones fue baja, siendo La Candelaria y Plaza de Bolívar las poblaciones más cercanas (Tabla 7), mientras que la colonia Calle 62 con 27 y la colonia Iglesia de la 17 resultaron ser

las de mayor diferencia génica, cifra poco significativa, pues no superó el 10 %, en este contexto, la colonia Iglesia de la 17 presentó los valores mayores de distancia genética en comparación con el resto de colonias.

El dendrograma (Figura 1) evidencia la similitud genética entre las colonias de La Candelaria y Plaza de Bolívar a las cuales se asocia la colonia Hotel Tequendama, también se observa la asociación entre las colonias Colsubsidio de la 67 y Parque de la 63. Por otro lado, las colonias de Iglesia de la 17 y Avenida 34 con 17, se mantuvieron alejadas de las demás, pero con un valor de distancia poco significativo, que permite deducir que las poblaciones en conjunto están muy relacionadas.

DISCUSION

La elevada frecuencia de los genes melánicos *Checker* y *Spread* coincide con lo reportado por¹⁶ para la población de Kosice en Eslovaquia en el año 2003, además los marcadores oscuros fueron los más abundantes con un 53.5 %, para la población Gdańsk del norte de Polonia¹² reportando el mismo fenómeno de aumento de frecuencias melánicas y como reporta Obukhova¹⁷ al aumentar el tamaño poblacional de las palomas, también aumentan las frecuencias de las palomas melánicas. Estudios han reportado ventajas selectivas de los marcadores melánicos como: los individuos juveniles de colores melánicos tienen más probabilidad de convertirse en adultos, en comparación con juveniles no oscuros¹¹; el aumento de melanización en las plumas de las palomas eleva la resistencia a la degradación bacteriana que afecta dichas estructuras^{18,19}; además por su comportamiento

característico son más resistentes a elevadas densidades poblacionales y muestran una mayor resistencia a las fluctuaciones de las condiciones ambientales²⁰; la existencia de preferencia de las hembras por machos melánicos sobre machos no melánicos²¹ y el desarrollo de una fuerte respuesta inmune a endoparásitos por parte de palomas melánicas²².

La baja diversidad genética en cada una de las poblaciones, fue ocasionada por el alto flujo génico que se presentó entre las poblaciones muestreadas lo cual refleja la estrecha relación que existe entre las poblaciones, pues un alto intercambio genético supera los efectos de la deriva génica y previene la distinción local²³, razón por la cual, el grado de diferenciación genética entre las poblaciones fue bajo ($G_{ST} = 0.0452$). La diversidad genética además de la estrecha relación que sostiene con el nivel de flujo génico en las poblaciones, también influye de manera significativa en las distancias génicas²⁴, de tal modo que los valores de distancia serán pequeños mientras menor sea la diversidad entre las poblaciones, lo cual indica una relación directa entre estas variables, esto permite inferir que los bajos niveles de diversidad génica encontrados fueron determinantes sobre los valores de distancia registrados.

El exceso de heterocigotos obtenidos a través de los distintos índices de fijación (F_{IS} y F_{IT}) en cada una de las poblaciones, conduce a la suposición de que éstas presentan una estructura casi homogénea, hecho que sería atribuible al elevado flujo génico que hay entre ellas, dado que la existencia de un alto intercambio de genes previene eventos de endogamia al interior de las poblaciones²⁵, provocando por lo tanto una reducción de genotipos

homocigotos, o a que las colonias estudiadas tienden a la heterocigosis, condición que puede estar asociada a un apareamiento aleatorio dentro de poblaciones, lo que evidencia que no se han presentado en esta población cruzamientos dirigidos para los marcadores analizados. Este índice es una medida indirecta de consanguinidad y concuerda con los resultados obtenidos mediante la prueba de equilibrio HW donde las poblaciones mostraron una desviación significativa con respecto al equilibrio H-W revelando un exceso de heterocigotos. El exceso de heterocigotos en una población podría ser el resultado de la existencia de posible estructura genética por subdivisión, expresada como efecto Wahlund, o que los marcadores analizados pueden estar siendo sometidos a selección natural.

En lo relacionado con las distancias génicas, encontradas entre las colonias analizadas pueden ser justificadas por el alto flujo génico que se presentan entre ellas. Otra posibilidad es que los procesos selectivos sean unificantes en todas las poblaciones y la similitud sea simplemente un fenómeno de convergencia evolutiva. Sin embargo la homogeneización por flujo génico parece muy factible.

Por otro lado, la gran cercanía génica resultante entre las poblaciones de La Candelaria y Plaza de Bolívar, concuerda con lo expuesto por²⁶ en su trabajo con *Psychotria acuminata*, en donde la distancia genética resultó ser directamente proporcional a la geográfica, pues las poblaciones antes mencionadas mantienen una considerable cercanía geográfica.

Referencias bibliográficas



41

1. Leiss A, Haag-Wackernagel D. Gefiederfärbungen bei der Strassentaube (*Columba livia*). J Ornithol. 1999a;140:341–353.
2. Johnston RF, Janiga M. Feral pigeons. Oxford University Press, ISBN 0195084098, London; 1995.
3. Del Hoyo J, Elliott A, Sargatal J. Handbook of the Birds of the World. Volumen 4: Sandgrouse to Cuckoos. Lynx Edicions, Barcelona, Spain. 1997.
4. Cole LJ. Studies on inheritance in pigeons I. Hereditary relations of the principal colors. Rhode Island State College. Agricultural Experiment Station of the Rhode Island State College. Bulletin 158. 1914
5. Cole LJ, Kelley FJ. Studies on inheritance in pigeons III. Description and linkage relations of two sex-linked characters. Genetics. 1919;4:183-203.
6. Jones SVH. Studies on inheritance in pigeons IV. Checks and bars and other modifications of black. Genetics. 1922;7:466-507.
7. Horlacher WR. Studies on inheritance in pigeons VII. Inheritance of red and black patterns in pigeons. Ibid. 1930;15:312-346.
8. Hawkins LE. Studies on inheritance in pigeons X. Relation of chocolate to black and dominant red. Genetics. 1931;16:547-573.
9. Hollander WF. Inheritance of certain "blue-black" patterns and "bleached" colorations in the domestic pigeon. Ibid. 1938a;23:12-23.
10. Murton RK, Westwood NJ, Thearle RJP. Polymorphism and the evolution of a continuous breeding season in the pigeon, *Columba livia*. J Reprod Fertil Suppl. 1973;19:563–577.
11. Haag-Wackernagel D, Heeb P, Leiss A. Phenotype-dependent selection of juvenile urban feral pigeons *Columba livia*. Bird Study. 2006;53:153–170
12. Hetmański T, Jarosiewicz A. **Plumage polymorphism and breeding parameters of various feral pigeons (*Columba livia* GM.) morphs in urban area (Gdansk, North Poland).** Pol J Ecol. 2008;56:683–691.
13. Yeh F, Yang R, Mao J, Ye Z, Boyle T. POPGENE, the Microsoft Windows-based user-friendly software for population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Department of Renewable Resources. University of Alberta. Edmonton, Alta; 1999.
14. Goudet J. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). 2002. Available from <http://www.unil.ch/izea/software/Fstat.html>. Updated from Goudet (1995).
15. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods. Mol Biol Evol. 2011;28 (10):2731-2739.
16. Canády A, Mosansky L. Population size and plumage polymorphism of feral pigeon (*Columba livia* forma urbana) from urban environment of Kosice city (Slovakia). Zool and Ecol 2013;23(2):104-110
17. Obukhova NY. Dynamics of Balanced Polymorphism Morphs in Blue Rock Pigeon *Columba livia*. Russian Journal of Genetics. 2011; 47(1):83–89.
18. Gunderson AR. Feather-degrading bacteria: a new frontier in avian and host-parasite research? Auk. 2008;125:972–979.
19. Ruiz R, Burt EH, González S, Moreno J. Bacterial degradability of an intrafeather unmelanized ornament: a role for feather-degrading bacteria in sexual selection. Biol J Linnean Soc. 2012;105:409–419.
20. Obukhova NY. Polymorphism and Phene Geography of the Blue Rock

42

Pigeon in Europe. Russian Journal of Genetics. 2007; 43(5):492–501.

21. Johnston RF, Johnson SG. Nonrandom mating in feral pigeons. The Condor 1989;91:23-29

22. Jacquin L, Lenouvel P, C, Haussy Ducatez S, Gasparini J. Melanin-based coloration is related to parasite intensity and celular immune response in an urban free living bird: the feral pigeon *Columba livia*. J Avian Biol. 2011;42:11-15

23. Piñero D, Barahona A, Eguiarte L, Rocha A, Salas R. La variabilidad genética de las especies: aspectos conceptuales y sus aplicaciones y perspectivas en México. Conabio. ;1:415-435.

;1:415-435.

24. Demarchi D. Microsatélites, distancias genéticas y estructura de poblaciones nativas Sudamericanas. Rev Argen de Antropol Biol. 2009;11:73-88.

25. Cortés O. Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. [Tesis doctoral]. Madrid: Universidad Complutense de Madrid; 2008.

26. Lara A, Valverde R, Rocha O, Gómez L. Variabilidad y diferenciación genética en cuatro poblaciones de la planta medicinal *Psychotria acuminata* en Costa Rica. Agronomía Costarricense 2003;27(2):29-42.

Tabla 1. Descripción de los marcadores estudiados.

Locus	Alelos	Característica
<i>B</i> (gen ligado al sexo)	<i>B</i>	Mutante; produce palomas rojas
	<i>b</i>	Silvestre; origina palomas no rojas.
<i>G</i> (gen autosómico)	<i>G</i>	Mutante; produce manchas blancas extendidas alrededor de la cabeza o el cuerpo
	<i>g</i>	Silvestre; sin manchas blancas.
<i>S</i> (gen autosómico)	<i>S</i>	Mutante; origina palomas negras.
	<i>s</i>	Silvestre; palomas no negras.
<i>C</i> (gen autosómico)	<i>C</i>	Mutante; produce un patrón de manchas triangulares gris claro o azul, sobre fondo oscuro en el dorso de las alas.
	<i>c</i>	Silvestre; sin manchas triangulares.

B: Ash-Red; G: Grizzle; S: Spread; C: Checker

Tabla 2. Frecuencias alélicas de las colonias estudiadas en Bogotá

	Checker	Ash Red	Spread	Grizzle
Parque de los Periodistas	0.370	0.022	0.174	0.014
Parque Avianca	0.399	0.039	0.139	0.043
Plaza de Bolívar	0.359	0.015	0.251	0.023
Iglesia de San Agustín	0.227	0.040	0.210	0.020
Plaza Girardot	0.393	0.059	0.243	0.032
La Candelaria	0.234	0.067	0.279	0.045
Chorro de Quevedo	0.351	0.023	0.221	0.020
Colsubsidio de la 67	0.334	0.054	0.348	0.045
Calle 70 con 11	0.383	0.022	0.413	0.023
Parque de la 63	0.298	0.024	0.242	0.013
Clínica Palermo	0.327	0.029	0.325	0.018
Carulla de la 22	0.352	0.032	0.281	0.020
Avenida 34 con 17	0.541	0.034	0.331	0.010
Iglesia de la 17	0.604	0.055	0.377	0.000
Hotel Tequendama	0.417	0.057	0.158	0.000
Calle 13 con 19	0.449	0.033	0.156	0.020
La perseverancia	0.369	0.055	0.226	0.028
Parque Nacional	0.403	0.044	0.148	0.000
La Capuchina	0.495	0.029	0.340	0.020
Voto Nacional	0.491	0.031	0.250	0.000
Santa Isabel	0.372	0.058	0.135	0.053
San José	0.336	0.040	0.218	0.000
Paloquemao	0.498	0.068	0.370	0.037
El Campín	0.367	0.052	0.135	0.000
Calle 62 con 27	0.226	0.062	0.232	0.008
Calle 47 con 7	0.360	0.039	0.459	0.019
Calle 42 con 17	0.440	0.038	0.218	0.000
SAO de la 1 de Mayo	0.327	0.144	0.145	0.089
Promedio	0.382	0.045	0.250	0.021

Tabla 3. Marcadores utilizados, heterocigosidad esperada, heterocigosidad observada y p-value.

Marcador	He	Ho	p-val
Checker	0.542	0.421	0.395 NS
Spread	0.213	0.176	0.663 NS
Ash-Red	0.129	0.128	0.898 NS
Grizzle	0.210	0.090	0,1232 NS
Promedio	0.273	0.203	

Tabla 4. Equilibrio de Hardy-Weinberg para los marcadores utilizados

Locus	x ²	Grados de libertad	P valor
Checker	32,8	1	0.042
Spread	25,7	1	0.007
Ash Red	21,9	1	0.012
Grizzle	17,5	1	0.000

Tabla 5. Coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}) y flujo génico (Nm)

G _{ST}	Nm
0.0452	10.5

Tabla 6. Valores de los estadísticos F para cada marcador en la población global.

Marcador	F _{IS}	F _{ST}	F _{IT}
Checker	-0.398	0.026	-0.401
Spread	-0.259	0.013	-0.289
Ash Red	-0.213	0.017	-0.248
Grizzle	-0.129	0.022	-0.111
Promedio	-0.249	0.019	-0.262



Tabla 7. Matriz de distancia genética (Nei, 1972) entre las poblaciones.

Table with 20 columns (A-T) and 20 rows (A-T) showing genetic distance values between populations. The diagonal elements are all 0.000. Values range from 0.001 to 0.046.

A: Parque de los Periodistas, B: Parque Avianca, C: Plaza de Bolívar, D: Iglesia de San Agustín, E: Plaza Girardot, F: La Candelaria, G: Chorro de Quevedo, H: Colsubsidio de la 67, I: Calle 70 con 11, J: Parque de la 63, K: Clínica Palermo, L: Carulla de la 22, M: Avenida 34 con 17, N: Iglesia de la 17, Ñ: Hotel Tequendama, Nacional, R: La Capuchina, S: Voto Nacional, T: Santa Isabel, U: San José, V: Paloquemao, W: El Campín, X: Calle 62 con 27, Y: Calle 47 con 7, Z: Calle 42 con 17, α: SAO de la 1 de Mayo.

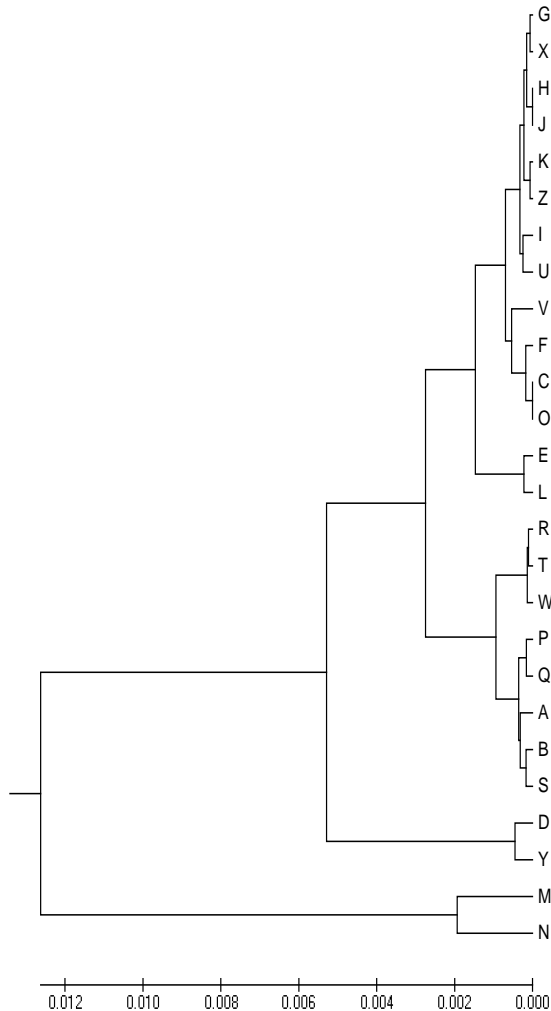


Figura 1. Dendrograma basado en las distancias genéticas (Nei, 1972) entre las poblaciones estudiadas, obtenido bajo el método UPGMA., donde A: Parque de los Periodistas, B: Parque Avianca, C: Plaza de Bolívar, D: Iglesia de San Agustín, E: Plaza Girardot, F: Hotel Tequendama, G: Chorro de Quevedo, H: Colsubsidio de la 67, I: Calle 70 con 11, J: Parque de la 63, K: Clínica Palermo, L: Carulla de la 22, M: Avenida 34 con17, N: Iglesia de la 17, Ñ:, O: La Candelaria Calle 13 con 19, P: La perseverancia, Q: Parque Nacional, R: La Capuchina, S: Voto Nacional, T: Santa Isabel, U: San José, V: Paloquemao, W: El Campín, X: Calle 62 con 27, Y: Calle 47 con 7, Z: Calle 42 con 17.

Enrique Pardo P:

Ph.D. Universidad de Córdoba,
Facultad de Ciencias Básicas,
Departamento de Biología. Montería,
Colombia. Email: epardop@orreo.unicordoba.edu.co

Teodora Cavadia M:

M.Sc. Universidad de Córdoba,
Facultad de Ciencias Básicas,
Departamento de Biología. Montería,
Colombia. Email: cavdiamartinez@gmail.com

Gustavo Alvarino:

M.Sc. Universidad de Córdoba,
Facultad de Ciencias Básicas,
Departamento de Física. Montería,
Colombia. Email: alvarinog@hotmail.com