

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA

FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES OCEANOLÓGICAS



Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE

DOCTOR EN CIENCIAS

EN ECOLOGÍA MOLECULAR Y BIOTECNOLOGÍA

PRESENTA

MARÍA DEL ROCÍO CABRERA HUERTA

Ensenada, Baja California, México.

Agosto de 2018

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES OCEANOLÓGICAS
POSGRADO EN ECOLOGÍA MOLECULAR Y BIOTECNOLOGÍA

Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica*
(Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE DOCTOR EN CIENCIAS

PRESENTA

MARÍA DEL ROCÍO CABRERA HUERTA

Aprobada por



Dr. Gorgonio Ruiz Campos

Director de tesis



Dr. Francisco J. García de León

Sinodal



Dr. Horacio J. de la Cueva Salcedo

Sinodal



Dra. Ma. Teresa Viana Castrillón

Sinodal



Dr. Faustino Camarena Rosales

Sinodal

Asunto: Voto aprobatorio sobre trabajo
de tesis de grado de Doctorado

DRA. LUS MERCEDES LÓPEZ ACUÑA
COORDINADORA DE POSGRADO
E INVESTIGACIÓN, F.C.M.
Presente.-

Después de haber efectuado una revisión minuciosa sobre el trabajo de tesis presentado por la estudiante **María del Rocío Cabrera Huerta**, para poder presentar la defensa de su examen y obtener el grado de **Doctor en Ciencias en Ecología Molecular y Biotecnología**, me permito comunicarle que he dado mi voto **Aprobatorio**, sobre su trabajo titulado:

Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

Esperando reciba el presente de conformidad, quedo de usted.

Ensenada, B. C., a 1ro. de agosto de 2018



Dr. Gorgonio Ruiz Campos
Director

c.c.p. Expediente

Asunto: Voto aprobatorio sobre trabajo
de tesis de grado de Doctorado

DRA. LUS MERCEDES LÓPEZ ACUÑA
COORDINADORA DE POSGRADO
E INVESTIGACIÓN, F.C.M.
Presente.-

Después de haber efectuado una revisión minuciosa sobre el trabajo de tesis presentado por la estudiante **María del Rocio Cabrera Huerta**, para poder presentar la defensa de su examen y obtener el grado de **Doctor en Ciencias en Ecología Molecular y Biotecnología**, me permito comunicarle que he dado mi voto **Aprobatorio**, sobre su trabajo titulado:

Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

Esperando reciba el presente de conformidad, quedo de usted.

Ensenada, B. C., a 1ro. de agosto de 2018



Dr. Francisco J. García de León
Sinodal

c.c.p. Expediente

Asunto: Voto aprobatorio sobre trabajo
de tesis de grado de Doctorado

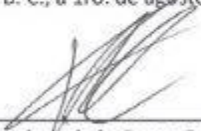
DRA. LUS MERCEDES LÓPEZ ACUÑA
COORDINADORA DE POSGRADO
E INVESTIGACIÓN, F.C.M.
Presente.-

Después de haber efectuado una revisión minuciosa sobre el trabajo de tesis presentado por la estudiante **María del Rocío Cabrera Huerta**, para poder presentar la defensa de su examen y obtener el grado de **Doctor en Ciencias en Ecología Molecular y Biotecnología**, me permito comunicarle que he dado mi voto **Aprobatorio**, sobre su trabajo titulado:

Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

Esperando reciba el presente de conformidad, quedo de usted.

Ensenada, B. C., a 1ro. de agosto de 2018



Dr. Horacio J. de la Cueva Salcedo
Sinodal

c.c.p. Expediente

Asunto: Voto aprobatorio sobre trabajo
de tesis de grado de Doctorado

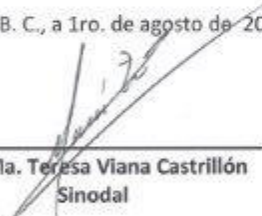
DRA. LUS MERCEDES LÓPEZ ACUÑA
COORDINADORA DE POSGRADO
E INVESTIGACIÓN, F.C.M.
Presente.-

Después de haber efectuado una revisión minuciosa sobre el trabajo de tesis presentado por la estudiante **María del Rocío Cabrera Huerta**, para poder presentar la defensa de su examen y obtener el grado de **Doctor en Ciencias en Ecología Molecular y Biotecnología**, me permito comunicarle que he dado mi voto **Aprobatorio**, sobre su trabajo titulado:

Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

Esperando reciba el presente de conformidad, quedo de usted.

Ensenada, B. C., a 1ro. de agosto de 2018



Dra. Ma. Teresa Viana Castrillón
Sinodal

c.c.p. Expediente

Asunto: Voto aprobatorio sobre trabajo
de tesis de grado de Doctorado

DRA. LUS MERCEDES LÓPEZ ACUÑA

COORDINADORA DE POSGRADO

E INVESTIGACIÓN, F.C.M.

Presente.-

Después de haber efectuado una revisión minuciosa sobre el trabajo de tesis presentado por la estudiante **María del Rocío Cabrera Huerta**, para poder presentar la defensa de su examen y obtener el grado de **Doctor en Ciencias en Ecología Molecular y Biotecnología**, me permito comunicarle que he dado mi voto **Aprobatorio**, sobre su trabajo titulado:

Variación fenotípica y genética de la codorniz de California, *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae), en la península de Baja California, México.

Esperando reciba el presente de conformidad, quedo de usted.

Ensenada, B. C., a 1ro. de agosto de 2018



Dr. Faustino Camarena Rosales
Sinodal

c.c.p. Expediente

*Con todo mi amor para mi esposo Francisco, Gracias por ser mi compañero,
colega, amigo y a veces hasta mi psicólogo. Te amo.*

RESUMEN

Primer Capítulo. Para determinar los caracteres diagnósticos de utilidad en la identificación taxonómica infraespecífica de la codorniz de California (*Callipepla californica*) de la península de Baja California, se examinaron fenotípicamente cuatro subespecies nominales mediante el análisis estadístico multivariado de 18 caracteres: nueve morfométricos y nueve colorimétricos. Se compararon por subespecie putativa y localidad tipo a 338 especímenes de museos provenientes de 114 sitios. El análisis de componentes principales (ACP) no pudo determinar grupos congruentes con las subespecies taxonómicas a pesar de que los caracteres asociados con las medidas del pico y de coloración en ambos sexos fueron significativos, $P < 0.05$. El ACP permitió distinguir claramente a los machos de las subespecies en dos grupos, aunque no estuvieron definidos por la subespecie a la que pertenecían. El análisis de función discriminante (AFD) presentó diferencias significativas en las categorías de comparación *a priori*, $P < 0.05$, donde fenotípicamente la discriminación de las subespecies *C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera* sólo fue posible entre las localidades tipo. Las variables seleccionadas por el AFD para subespecies y localidades tipo fueron: longitud de la mandíbula (ML) y luminosidad del flanco (FL) en los machos, y longitud del pico (BeLN) en las hembras. A partir del AFD se determinó que los machos de *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera* se distinguen de las subespecies norteñas, por un mayor tamaño mandíbula y por presentar una coloración del flanco más clara, mientras que las hembras de *C.c. californica* se diferencian del resto de las subespecies por un mayor tamaño del pico. La presencia de un patrón de mosaico en la variación fenotípica de las poblaciones podría explicar las diferencias morfométricas y colorimétricas observadas. Los resultados obtenidos no aportaron suficiente evidencia para la validación o rechazo de las subespecies nominales.

Segundo Capítulo: Se analizó la variación morfométrica y colorimétrica de las subespecies nominales de *Callipepla californica* de la península de Baja California a diferentes escalas biogeográficas y ecogeográficas con el objeto conocer el nivel de diferenciación fenotípica, así como para identificar caracteres diagnósticos para su discriminación. Se midieron y compararon 18 caracteres, nueve morfométricos y nueve colorimétricos, de 338 especímenes de museo pertenecientes a 114 sitios. El análisis comparativo multivariado se llevó a cabo mediante un análisis de función discriminante (AFD) por regiones climáticas, ecorregiones y zonas de transición. El AFD determinó diferencias significativas en todas las categorías para ambos sexos, $P < 0.05$. Geográficamente, se observó un alto nivel de discriminación en las zonas de transición para ambos sexos. Adicionalmente, las hembras mostraron una alta discriminación entre regiones climáticas, mientras que en la categoría de ecorregiones el nivel de discriminación en ambos sexos fue bajo. Con base en los resultados del AFD para todas las categorías biogeográficas, los machos se diferencian por el tamaño de la mandíbula (ML) y del pico (BeLN), así como por la luminosidad del flanco (RF); las hembras se distinguen únicamente por la luminosidad del pecho (Br). El patrón de variación fenotípica en los caracteres colorimétricos de *C. californica* fue congruente con la regla geoclimática de Gloger en ambos sexos pero a distintas escalas geográficas. En machos el patrón asociado a la coloración se observó al nivel de zonas de transición, mientras que en las hembras se observó a nivel de regiones climáticas. La identificación de los patrones de variación fenotípica en la codorniz de California depende del sexo y está relacionado fuertemente a la escala geográfica del análisis.

Tercer Capítulo: Se examinó el nivel de diversidad genética y estructura poblacional de la codorniz de California *Callipepla californica*, utilizando como marcadores moleculares siete *loci*

microsatélites y secuencias de un fragmento de la región control del ADN mitocondrial (ADNmt) con la finalidad de determinar si los patrones de diversidad genética observados eran congruentes con las subespecies taxonómicas presentes en la península de Baja California *C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*. Se obtuvieron muestras genéticas de 45 individuos provenientes de 26 sitios dentro de la península. Los resultados del análisis de secuencias de ADNmt indican que *C. californica* muestra una diversidad haplotípica moderada y niveles bajos de diversidad nucleotídica en relación con otras especies de codornices. Las pruebas de neutralidad no mostraron evidencia de expansión poblacional o cuello de botella, por lo que se infiere que la población es estable demográficamente. La subespecie con mayor diversidad genética fue *C.c. californica*, mientras que *C.c. plumbea* presentó la menor. El haplotipo 1 estuvo filogenéticamente más relacionado con la especie *C. gambelli* que con *C. californica* y fue el más común de los haplotipos en la subespecie *C.c. achrustera*. Los *loci* microsatélites revelaron que *C. californica* tiene un alto nivel de polimorfismo, mayor a lo reportado en otras especies de Galliformes. Los resultados obtenidos a través de métodos bayesianos indican la presencia de dos poblaciones, sin embargo el análisis de variación molecular no encontró diferencias significativas entre poblaciones de las subespecies. Se demostró la existencia de flujo genético entre las subespecies analizadas. El análisis de la variación genética de la especie no mostró un patrón claramente definido congruente con las subespecies nominales.

Palabras clave:

Subespecie, Diversidad infraespecífica, Caracteres morfométricos, Caracteres colorimétricos. Analisis de Función Discriminate, Biogeografía, Diferenciación clinal, ADNmt, Region Control, Microsatélites, Diversidad genética, Estructura poblacional, Conectividad genética.

ABSTRACT

First Chapter. To determine useful diagnostic characters for infraspecific taxonomic identification of California Quail (*Callipepla californica*) from Baja California Peninsula, we examined phenotypically by means of multivariate statistical analysis of 18 characters: nine morphometric and nine colorimetric. We compared by subspecies and type locality a total of 338 voucher specimens from museums, coming from 114 sites. The principal component analysis (PCA) did not determine congruent groups with taxonomical subspecies despite several characteristics associated with beak and color measures in both sexes showed to be significant, $P < 0.05$. The discriminant function analysis (DFA) showed significant differences in comparison *a priori* categories, $P < 0.05$, where the phenotypical discrimination among subspecies (*C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* and *C.c. achrustera*) was possible among type localities. The selected variables for DFA for subspecies and locality type were lower mandible length (ML) and left flank (FL) in males, and beak from nostril to tip (BeLN) in females. From the DFA, we determined that males of *C.c. decolorata* and *C.c. achrustera* distinguish each of the northern subspecies, by a larger mandible length and clearer left flank, whereas females of *C.c. californica* are different of the rest of subspecies by a larger beak length. The presence of a mosaic pattern in phenotypic variation among populations could explain the morphometric and colorimetric differences observed. The results obtained does not provide enough evidence for validation or reject of nominal subspecies.

Second Chapter: We analyzed the morphometric and colorimetric variation of the nominal subspecies of *Callipepla californica* from Baja California Peninsula to different biogeographic and ecogeographic scales, with the objective of determining the phenotypical differentiation level, also to identify diagnostic characters for their discrimination. We measured and compared

18 characters, nine morphometric and nine colorimetric, from 338 specimens of museum collection coming from 114 sites. We made the multivariate comparative analysis by climatic regions, ecoregions and transition zones, by means of a discriminant function analysis (DFA). The DFA found significant differences in all categories for both sexes, $P < 0.05$. Geographically, we observed a high discrimination level in transition zones for both sexes. Additionally, females showed a high discrimination between climatic regions, whereas the discrimination level of ecoregion category was low for both sexes. Based on DFA results for all biogeographical categories, males were differentiated by lower mandible length (ML), beak from nostril to tip (BeLN) and right flank luminosity (RF); females were differentiated only by breast luminosity (Br). The phenotypical variation pattern in colorimetric characters was congruent with Gogler's geoclimatic rule for both sexes but in distinct geographical scales. In males, we observed a coloration pattern associated to transition zone level, whereas in females we observed to climatic regions level. The phenotypical variation pattern identification in California quail depends from sex and have a strong relation with the geographic scale analysis.

Third Chapter: We examined the genetic diversity level and population structure of the California quail *Callipepla californica*, using seven *loci* microsatellites and sequence fragments of mitochondrial DNA control region as molecular markers, with the objective of determining the congruency of genetic diversity patterns with taxonomic subspecies from Baja California Peninsula (*C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* and *C.c. achrustera*). We obtained genetic samples of 45 individuals from 26 peninsular sites. The results of mtDNA sequence analysis indicated that *C. californica* showed a moderate haplotype diversity and low levels of nucleotide diversity, in comparison with other quail species. The neutrality probes did not evidence any population expansion or bottleneck effects, therefore could be inferred that the

population is demographically stable. The highest genetic diversity subspecies was *C.c. californica*, whereas the lowest was *C.c. plumbea*. The haplotype 1 was more related phylogenetically with *C. gambelli* species than to *C. californica*, and was the most common haplotype found in *C.c. achrustera*. The *loci* microsatellites revealed a higher polymorphism level in *C. californica*, even higher as reported for another Galliformes species. The results obtained by Bayesian methods indicated the presence of two populations, but the molecular variation analysis did not find significant differences among subspecies populations. We demonstrated the presence of a genetic flux among analyzed subspecies. The genetic variation analysis did not show a clear and defined pattern in congruence with nominal subspecies.

Keywords: Subspecies, Intraspecific diversity, Morphometric characters, Colorimetric characters, Discriminant Function Analysis, Biogeography, Clinal differentiation, mtDNA, Control Region, Microsatellites, Genetic diversity, Population structure, Genetic connectivity.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Autónoma de Baja California y a la Facultad de Ciencias Marinas-Instituto de Investigaciones Oceanológicas por aceptarme en su programa doctoral en Ecología Molecular y Biotecnología.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología CONACYT por la beca otorgada 368086 para la realización de mis estudios de doctorado.

Al Dr. Gorgonio Ruiz Campos por su apoyo, guía y dedicación a este proyecto. A nivel personal por su comprensión y palabras de ánimo.

Al Dr. Francisco García de León por su apoyo como codirector de tesis y el tiempo dedicado a este trabajo.

Al comité de tesis integrado por Dr. Faustino Camarena Rosales, Dra. Ma. Teresa Viana Castrillón y Dr. Horacio de la Cueva Salcedo, por enriquecer este trabajo a través de sus valiosos comentarios y observaciones. Por la confianza brindada para concluir este trabajo, mil gracias.

Al personal del San Diego Natural History Museum en especial a Philip Unitt por su apoyo y orientación para la toma de datos morfométricos y colorimétricos de la colección de aves a su cargo.

Al personal del Museum of Vertebrate Zoology-UC Berkeley en especial a su curadora Carla Cicero por su apoyo en la logística para la toma de datos colorimétricos y por permitir la toma de datos de los especímenes depositados en la colección ornitológica bajo su cargo.

Al personal del California Academy of Sciences, en especial a Maureen Flannery de la colección ornitológica por su apoyo en la logística para la toma de medidas colorimétricas y datos curatoriales de los especímenes examinados.

Al Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada (CICESE) por el apoyo económico que financió parte del muestreo de campo.

Al Tec. Eulogio López Reyes, así como a Aurora y Arturo por su apoyo en el muestreo de campo.

Al personal del Serpentario de La Paz por su apoyo durante el muestreo de campo.

A la Fundación JiJi por el financiamiento para la ejecución de este proyecto.

A la Universidad Autónoma de Baja California por la beca de estancia académica BC-2016-1 y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México (CONACyT) por la beca de movilidad 291062 que financiaron parte de la realización de este trabajo.

Al personal del Laboratorio de Vertebrados de la Universidad Autónoma de Baja California, en especial a la M. en C. Martha E. Valles Ríos por su invaluable apoyo en el uso de la colección de aves y en la preparación taxidérmica de especímenes.

Al Dr. Luis Enríquez Paredes y al Tec. Nelva Victoria de la Facultad de Ciencias Marinas (UABC), por su invaluable apoyo y orientación en el trabajo de laboratorio. Sin su ayuda este trabajo no hubiera sido posible.

Al M. en C. Héctor Ceballos por su valioso apoyo en la elaboración de los mapas del segundo capítulo de esta tesis.

Al Dr. Joel Domínguez, por su invaluable apoyo para el análisis de los datos moleculares, por su orientación en el área de genética de poblaciones y por trasmitirme el entusiasmo por esta área de conocimiento.

Al Dr. Bernardo Sachman por su ayuda en la elaboración de los árboles filogenéticos.

A mi familia por estar siempre presente en mi vida

A mi esposo por todo el tiempo dedicado a la revisión de esta tesis por tus valiosos consejos y por ser mi compañero de camino.

ÍNDICE

PAG.

RESUMEN	i
ABSTRACT	iv
AGRADECIMIENTOS	vii
LISTA DE TABLAS	xi
LISTA DE FIGURAS	xiv
CAPÍTULO 1: Variación fenotípica infraespecífica de la Codorniz de California (<i>Callipepla californica</i> , Aves: Odontophoridae) de la península de Baja California, México	1
1.1 INTRODUCCIÓN CAPÍTULO 1 Y 2	1
1.2 MATERIALES Y MÉTODOS	6
1.2.1 Identificación taxonómica infraespecífica	8
1.2.2 Medidas corporales y de color	8
1.2.3 Análisis estadístico	14
1.2.3.1 Análisis de componentes principales	14
1.2.3.2 Comparación de especímenes a través del Análisis de Función Discriminante	15
1.3 RESULTADOS	16
1.3.1 Determinación de unidades de comparación	16
1.3.2 Identificación de caracteres fenotípicos a través del análisis de componentes principales	18
1.3.3 Análisis comparativo de especímenes a través del AFD	20
1.3.3.1 Comparación de subespecies por sexo	20
1.3.3.2 Comparación de subespecies por localidades tipo	26
1.3.3.3 Caracteres diagnósticos para la identificación taxonómica obtenidos del AFD	29
1.4 DISCUSIÓN	32
CAPÍTULO 2: Comparación fenotípica y biogeografía de <i>Callipepla californica</i> (Aves: Odontophoridae) de la península de Baja California, México	39
2.1 MATERIALES Y MÉTODOS	39
2.1.1 Organización de los datos en categorías biogeográficas	39
2.2. RESULTADOS	42
2.2.1. Análisis de Función Discriminante	42
2.3. DISCUSIÓN	54
CAPÍTULO 3: Diversidad genética y estructura poblacional de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> (Aves: Odontophoridae) de la Península de Baja California, México.	56
3.1. INTRODUCCIÓN	56
3.2. MATERIALES Y MÉTODOS	58
3.2.1. Muestreo de los individuos	58
3.2.2. Obtención de la muestra genética, amplificación y secuenciación	59
3.2.3. Análisis de las secuencias de la Región Control ADNmt	64
3.2.4. Análisis de los <i>loci</i> microsatélites	64
3.2.5. Diversidad genética ADNmt e historia demográfica	65
3.2.6. Relaciones filogenéticas	66
3.2.7. Diversidad genética y estructura poblacional	67
3.2.8. Conectividad genética	69
3.3. RESULTADOS	70
3.3.1. Análisis de las secuencias de la Región Control ADNmt	70
3.3.2. Diversidad genética ADNmt e historia demográfica	71
3.3.3. Relaciones filogenéticas	73
3.3.4. Análisis de los <i>Loci</i> microsatélites	74
3.3.5. Diversidad genética y estructura poblacional	75
3.3.6. Conectividad genética	82
3.4. DISCUSIÓN	85
3.4.1. Diversidad genética ADNmt e historia demográfica	85
3.4.2. Relaciones filogenéticas	86
3.4.3. Análisis genéticos usando <i>Loci</i> microsatélites	87
3.4.4. Diversidad genética y estructura poblacional	89

3.4.5. Conectividad genética	91
3.4.6. Implicaciones taxonómica y de conservación	92
CONCLUSIONES GENERALES	95
LITERATURA CITADA	97
APÉNDICES	108

LISTA DE TABLAS

TABLA	DESCRIPCIÓN	PAG.
Tabla 1.1	Descripción de los criterios utilizados para la clasificación taxonómica de los especímenes en subespecies y delimitación de las localidades tipo. Las medidas somáticas se expresan en milímetros.	9
Tabla 1.2	Caracteres morfométricos y colorimétricos cuantificados para las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> en la península de Baja California, México y California, EEUU. (Véase Figura 1.6 para puntos de referencia).	12
Tabla 1.3	Autovalores, varianza total (%), autovalores acumulados y porcentaje acumulado obtenidos del Análisis de Componentes Principales de las medidas fenotípicas morfométricas y colorimétricas de poblaciones de <i>Callipepla californica</i> en la península de Baja California y California, EEUUA: Machos totales (n = 201), hembras totales (n = 121) y por localidad tipo: machos (n = 29) y hembras (n = 16).	22
Tabla 1.4	Valor de correlación de cada variable y proporción de varianza explicada por cada factor, obtenidos del Análisis de Componentes Principales de las medidas fenotípicas morfométricas y colorimétricas de poblaciones de <i>Callipepla californica</i> en la península de Baja California y California, EEUUA: Machos totales (n = 201), hembras totales (n = 121) y por localidad tipo: machos (n = 29) y hembras (n = 16). Los factores 1 y 2 explicaron el mayor porcentaje de varianza observada. Valores significativos en negritas.	23
Tabla 1.5	Valores de Lambda de Wilks, λ nivel de P y tolerancia para las variables morfométricas y colorimétricas seleccionadas para el Análisis de Función Discriminante de poblaciones de <i>Callipepla californica</i> por grupos de análisis y por sexo en la península de Baja California y California, EEUUA: Machos totales (n = 201), hembras totales (n = 121) y por localidad tipo: machos (n = 29) y hembras (n = 16). Machos de subespecies: 7 pasos, variables en el modelo: 7, λ : 0.55807, $F(27,552) = 4.5245$, $P < 0.0001$; Hembras de subespecies: 11 pasos, variables en el modelo: 11, λ : 0.32130, $F(33,315) = 4.5014$, $P < 0.0001$; machos de localidad tipo: 7 pasos, variables en el modelo: 7, λ : 0.01798, $F(21,55) = 8.0117$, $P < 0.0001$; hembras de localidad tipo: 3 pasos, variables en el modelo: 3, λ : 0.12801, $F(6,22) = 6.5816$, $P < 0.0004$. Valores significativos en negritas.	24
Tabla 1.6	Coefficientes estandarizados para variables canónicas, resultado del análisis de función discriminante para datos morfométricos y colorimétricos de <i>Callipepla californica</i> , agrupaciones por sexo y categoría: Subespecie y Localidad tipo en la península de Baja California, México y California, EEUUA.	25
Tabla 2.1	Criterios para la clasificación de especímenes en las categorías de análisis de Región Climática, Ecorregión y Zona de Transición.	41
Tabla 2.2.	Valores de Lambda de Wilks, nivel de P y tolerancia para las nueve variables morfométricas y nueve variables colorimétricas seleccionadas para el Análisis de Función Discriminante de poblaciones de <i>Callipepla californica</i> por categorías biogeográficas y por sexo en la península de Baja California y California, EEUUA: 1) Machos (n=190) y hembras por región (n=111). 2) Machos (n=190) y hembras por ecorregión (n=111). 3) Machos (n=80) y hembras por zona de transición (n=53). Valores significativos en negritas.	43

Tabla 2.3.	Coeficientes estandarizados para variables canónicas, resultado del análisis de función discriminante para datos morfométricos y colorimétricos de <i>Callipepla californica</i> , agrupaciones por sexo y categoría biogeográfica en la península de Baja California, México y California, EEUUA.	45
Tabla 3.1.	Codorniz de California (<i>Callipepla californica</i>). Sitios de recolecta y clave (Mapa en Fig. 3.1). Número de muestras (N). Muestras de especímenes recolectados en campo (Co) y de especímenes de museo (Mu) de México y EEUUA usados en este estudio. Los especímenes de museo se obtuvieron de la colección de aves de la Universidad Autónoma de Baja California (UABC) y de la colección de aves del Museo de Historia Natural de San Diego (SDNHM). Año en que se colectó el espécimen (Año).	62
Tabla 3.2.	<i>Loci</i> microsatélites polimórficos usados para <i>Callipepla californica</i> . Incluye: Número de acceso del GeneBank, Nombre del microsatélites, Secuencia del cebador, Motivo repetido, Intervalo de la talla alélica en pares de bases (Tamaño), Intervalo de la talla alélica esperado en pb (Tamaño*), Fluorocromo usado (FC), Temperatura de alineamiento (Ta), Concentración de MgCl ₂ .	63
Tabla 3.3.	Resultados de diversidad genética y de las pruebas de neutralidad obtenidos de las secuencias de la región control del ADNmt para las poblaciones de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> y comparación de valores obtenidos en otras especies de codornices del nuevo mundo. Número de muestras (N), Tamaño del fragmento en pares de bases (Tf), Número de haplotipos (Nh), Sitios variables (Sv), Diversidad haplotípica (<i>h</i>) y desviación estándar (SD), Diversidad nucleotídica (π) y desviación estándar (SD), Número promedio de diferencias por pares (<i>k</i>). Pruebas de neutralidad (<i>F_s</i> de <i>F_u</i>) y (<i>D</i> de Tajima).	76
Tabla 3.4.	Distribución de frecuencias y proporción de bases nucleotídica de los haplotipos obtenidos de las secuencias de la región control del ADNmt para las poblaciones de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> presentes en la península de Baja California, México. Número de muestras (N), Frecuencia absoluta (<i>n_i</i>), Frecuencia absoluta acumulada (<i>N_i</i>), Frecuencia relativa (<i>f_i</i>), Frecuencia relativa acumulada (<i>F_i</i>), Proporción de bases púricas (Adenina y Guanina) y pirimidínicas (Timina y Citosina) en relación al tamaño del fragmento: Adenina (A), Guanina (G), Citosina (C) y Timina (T), Total de pares de bases del fragmento analizado (pb).	77
Tabla 3.5.	Medidas de diversidad genética por locus, valores estimados del Equilibrio Hardy-Weinberg, estadísticos <i>F</i> y medidas para la evaluación de la calidad los microsatélites usados en <i>Callipepla californica</i> en la península de Baja California. Número de alelos observados (A), Riqueza alélica (RA), Alelos privados (AP), Heterocigosidad observada (<i>H_o</i>), Heterocigosidad esperada (<i>H_e</i>), Probabilidad de desviación del Equilibrio Hardy-Weinber (EHW). Coeficiente de endogamia (<i>F_{is}</i>), Índice de fijación (<i>F_{st}</i>), Índice de fijación conjunto (<i>F_{it}</i>), Frecuencia de alelos nulos (AN), Conteo de información polimórfica CIP y Probabilidad de identidad (PI). Significancia estadística, <i>P</i> < 0.05, no significativo (ns).	78
Tabla 3.6.	Medidas de diversidad genética por población y valores estimados del Equilibrio Hardy-Weinberg en <i>Callipepla californica</i> en la península de Baja California. Tamaño de muestra (N), Número de alelos observados (A), Riqueza alélica (RA), Alelos efectivos (AE), Alelos privados (AP), Heterocigosidad observada (<i>H_o</i>), Heterocigosidad esperada (<i>H_e</i>), Probabilidad de desviación del Equilibrio Hardy-Weinber (EHW), significancia estadística, <i>P</i> < 0.05, remarcado en negritas. Coeficiente de endogamia (<i>F_{is}</i>) y Probabilidad de identidad (PI).	78
Tabla 3.7.	Diversidad genética por locus por población para las subespecies de <i>C. californica</i> presentes en la península de Baja California.	78

Tabla 3.8.	Matriz de distancias genética de Nei por pares para cada población. Las subespecies <i>C.c. californica</i> (Ccc), <i>C.c. plumbea</i> (Ccp), <i>C.c. decolorata</i> (Ccd) y <i>C.c. achrustera</i> (Cca)	83
Tabla 3.9.	Análisis Jerárquico de la varianza molecular AMOVA de cuatro poblaciones. Grados de libertad (g.l.), componentes de la varianza y porcentaje de variación molecular son explicados por el nivel jerárquico. En negritas valores estadísticamente significativo ($p < 0.05$).	84
Tabla 3.10.	Matriz de diferenciación de la población genética por pares para cada población. Valores de F_{st} debajo de la diagonal y Número de migrantes sobre la diagonal N_m . Ningún valor de F_{st} fue significativamente diferente de cero, $P < 0.05$. Las subespecies <i>C.c. californica</i> (Ccc), <i>C.c. plumbea</i> (Ccp), <i>C.c. decolorata</i> (Ccd) y <i>C.c. achrustera</i> (Cca)	84
Tabla 3.11.	Tasa de migración (número de migrantes) analizado entre las poblaciones. Las poblaciones en las columnas están dando migrantes a las poblaciones en los renglones. En negritas se indica flujo genético unidireccional entre las poblaciones. Las subespecies <i>C.c. californica</i> (Ccc), <i>C.c. plumbea</i> (Ccp), <i>C.c. decolorata</i> (Ccd) y <i>C.c. achrustera</i> (Cca).	84

LISTA DE FIGURAS

FIGURA	DESCRIPCIÓN	PAG.
Figura 1.1.	Sitios de muestreo de las subespecies <i>Callipepla californica californica</i> en la península de Baja California, México y de la localidad tipo de la subespecie <i>C.c. californica</i> en Monterey California, Estados Unidos de América. Los números corresponden a los sitios detallados en el Apéndice 1.	7
Figura 1.2.	Vista dorsal de especímenes machos de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: a) espalda alta, b) espalda baja, c) cola y d) alas derecha e izquierda. 2A Espécimen CAS # 58760 recolectado por D.A. Cohen el 14 de diciembre 1925; 2B Espécimen MVZ # 46213 recolectado por Chester C. Lamb el 23 de octubre de 1925; 2C Espécimen SDNHM # 15251 recolectado por J. Elton Green el 26 de marzo de 1930; 2D Espécimen MVZ # 45146 recolectado por Chester C. Lamb el 15 de octubre de 1924.	10
Figura 1.3.	Vista ventral de especímenes machos de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: e) pecho, f) parche amarillo y g) parche café. Los especímenes son los mismos del panel superior.	10
Figura 1.4.	Vista dorsal de especímenes hembras de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: a) espalda alta, b) espalda baja, c) cola y d) alas derecha e izquierda. 4A Espécimen CAS # 58761 recolectado por D.A. Cohen el 14 de diciembre 1925; 4B Espécimen MVZ # 46212 recolectado por Chester C. Lamb el 19 de octubre de 1925; 4C Espécimen MVZ # 50754 Recolectado por Chester C. Lamb el 9 de mayo de 1927; 4D Espécimen MVZ # 45145 recolectado por Chester C. Lamb el 11 de octubre de 1924.	11
Figura 1.5.	Vista ventral de especímenes hembras de las subespecies de <i>Callipepla californica</i> presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: e) pecho y f) abdomen. Los especímenes son los mismos del panel superior.	11
Figura 1.6.	Puntos de referencia de las medidas morfométricas y colorimétricas de los especímenes de <i>Callipepla californica</i> analizados. A y B) corresponden a las medidas del pico analizadas. C, D, E y F) corresponden a las medidas de color analizadas. A, D y F corresponden a hembras mientras que B, C y E corresponden a machos de <i>Callipepla californica</i>	13
Figura 1.7.	Diagrama de dispersión de componentes principales de las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> separados por sexo y categoría. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo. El factor 1 y 2 indica el porcentaje de variación explicada por el mismo, la elipse indica el límite de confianza a 95%.	17
Figura 1.8.	Diagrama de dispersión de las variables significativas de los componentes principales de las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> separados por sexo y categoría. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo.	19
Figura 1.9.	Dendrograma resultante de la Distancia cuadrática de Mahalanobis para las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> por sexos y categorías. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo.	26

Figura 1.10.	Diagrama de dispersión de centroides de las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> analizadas por sexo y categoría. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo.	28
Figura 1.11.	Medidas de dispersión y tendencia central (media \pm IC) de los caracteres morfométricos y cromáticos que separaron mejor las poblaciones de las localidades tipo de las subespecies <i>C.c. californica</i> , <i>C.c. plumbea</i> , <i>C.c. decolorata</i> y <i>C.c. achrustera</i> para los machos (A, B, C, D y E) y para las hembras (F, G y H).	31
Figura 2.1.	Sitios de muestreo de las subespecies <i>Callipepla californica californica</i> , <i>C.c. plumbea</i> , <i>C.c. decolorata</i> y <i>C.c. achrustera</i> en la Península de Baja California, México y de la localidad tipo de la subespecie <i>C.c. californica</i> en Monterey California, Estados Unidos de América. Los números corresponden a los sitios detallados en el apéndice 1. Los mapas con mayor resolución pueden consultarse en los apéndices 3.1, 3.2 y 3.3.	40
Figura 2.2.	Dendograma resultante de la distancia cuadrática de Malahanobis para las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> por sexos y categoría: Región Climática, Ecorregión y Zona de Transición. A) Machos por región, B) Hembras por región; C) Machos por ecorregión, y D) Hembras por ecorregión; E) Machos por zona de transición y F) Hembras por zona de transición.	48
Figura 2.3.	Diagrama de dispersión de centroides de las poblaciones de <i>Callipepla californica</i> analizadas por sexo y categoría: Región, Ecorregión y Zona de Transición. En todos los casos Root 1 vs Root 2, coeficientes canónicos en Tabla 2.3. A) Machos por región, B) Hembras por región; C) Machos por ecorregión, y D) Hembras por ecorregión; E) Machos por zona de transición y F) Hembras por zona de transición.	50
Figura 2.4.	Medidas de dispersión y tendencia central (media \pm IC) de los caracteres morfométricos y cromáticos que separaron a las hembras de las Regiones Climáticas (A, B y C,) y a los machos de las Zonas de Transición (D, E, F, G, H, I y J).	51
Figura 3.1.	Sitios de muestreo de las poblaciones y subespecies nominales de la codorniz de California <i>Callipepla californica</i> en la península de Baja California, México para este estudio. Ver Tabla 3.1 para la clave de los sitios y tamaño de muestra.	61
Figura 3.2.	Distribuciones no coincidentes "Mismatch" para todas las muestras analizadas. La distribución observada (obs) fue comparada con la distribución esperada (Exp) bajo el modelo de expansión repentina calculado a través del programa DNAsp.	73
Figura 3.3.	Árbol filogenético enraizado, muestra la relación entre los haplotipos de <i>C. californica</i> con once especies de Galliformes. Obtenido a través del método de Máxima verosimilitud y usando el modelo de sustitución nucleotídica TN plus G.	79
Figura 3.4.	Número de grupos genéticamente homogéneos K calculado por la tasa de cambio de la función de verosimilitud ΔK siguiendo el método de Evanno <i>et al.</i> (2005).	80
Figura 3.5.	Grafica de estructura de la poblacional con un valor optimo estimado de K=2. Analizada utilizando los modelos: No admixture model y Allele frecuencias independent. Datos obtenidos del programa STRUCTURE.	81
Figura 3.6.	Grafica de estructura de las poblaciones (K=4) analizadas utilizando los modelos: No admixture model, Allele frecuencias independent. Datos obtenidos del programa STRUCTURE.	81
Figura 3.7.	Visualización de las relaciones genéticas y separación entre las poblaciones analizadas basadas en las distancias genéticas de Nei entre los microsatélites utilizando el método del vecino más cercano. La longitud de los brazos es proporcional al número de sustituciones nucleotídicas. Las subespecies <i>C.c. californica</i> (Ccc), <i>C.c. plumbea</i> (Ccp), <i>C.c. decolorata</i> (Ccd) y <i>C.c. achrustera</i> (Cca)	83

CAPITULO 1: Variación fenotípica infraespecífica de la Codorniz de California (*Callipepla californica*, Aves: Odontophoridae) de la península de Baja California, México.

1.1 INTRODUCCIÓN CAPÍTULO 1 Y 2

La familia Odontophoridae es un grupo de aves terrestres exclusivas de América, también conocidas como codornices del Nuevo Mundo. Este grupo cuenta con nueve géneros y 32 especies (Mesta *et al.* 2011). La mayoría de las especies de codornices del Nuevo Mundo concurren en México, Centro América y la mitad norte de América del Sur. Su nombre se debe al enorme parecido con las codornices europeas (codornices del Viejo Mundo). Sin embargo, no están estrechamente relacionadas y se clasifican en diferentes familias (Mobley 2009). En México se distribuyen 15 especies de codornices clasificadas en ocho géneros (Hernández *et al.* 2014), lo que representa el 47% de la totalidad las especies y el 89% de los géneros. Además, México es considerado como el centro de la historia evolutiva y origen geográfico de estas especies, por lo que se identifica como un país de importancia para la conservación y diversidad de este grupo (Hernández *et al.* 2014).

Se desconocen muchos aspectos de la ecología básica e historia natural de la codornices mexicanas y se carece de información actual sobre su estatus poblacional. Son escasos los estudios que abordan el estatus de conservación de las codornices mexicanas (*e.g.* Carroll y Eitniear 2000, Eitniear y Aragon 2004) a pesar de que seis de las 15 especies de codornices presentes en nuestro país se encuentra bajo estado de protección por la NOM-059-SEMARNAT (2010). La información disponible proviene de estudios realizados sobre especies que se distribuyen en América del Norte (Hernández *et al.* 2014). El problema se extiende a especies de importancia cinegética como la codorniz nortea (*Colinus virginianus*),

codorniz escamosa (*Callipepla squamata*), codorniz de California (*Callipepla californica*) y codorniz de Gambel (*Callipepla gambelii*) (Hernández *et al.* 2014).

En México se permite la caza de nueve especies de codornices en 29 estados de la República. La cacería y el ecoturismo son actividades económicas emergentes para el país, principalmente en los estados del norte, donde miles de codornices son cazadas anualmente. Sin embargo, no existe una regulación apropiada de esta actividad que garantice un aprovechamiento adecuado. Los desafíos que enfrenta la conservación y el manejo de las codornices son las limitaciones propias del modelo de Unidades de Manejo Ambiental (UMA) o unidades de manejo para la conservación de la vida silvestre son predios e instalaciones que operan con un plan de manejo aprobado y dan seguimiento al estado del hábitat, poblaciones y especímenes distribuidos ahí (SEMARNAT 2018): la caza ilícita, la pérdida de hábitat y la incongruencia entre las legislación de cosecha y la conservación (Contreras-Gil *et al.* 2007, Hernández *et al.* 2014).

Existe una limitante escasamente abordada y que se refiere al uso reciente del nivel taxonómico de subespecie como unidad en la conservación y gestión de especies (Eo *et al.* 2010). El problema radica en que muchas subespecies de aves reflejan únicamente la variación geográfica de caracteres fenotípicos. En estos casos, la nomenclatura subespecífica representa de forma subjetiva un patrón de división clinal (Zink *et al.* 2016). Por ejemplo, se han reconocido 22 subespecies nominales de la codorniz nortea (*Colinus virginianus*), identificadas por la variación geográfica del plumaje masculino. Sin embargo, el análisis genético de cuatro de las subespecies encontró poca estructura genética incompatible con los límites de las subespecies como unidades significativas para su manejo y conservación. Los resultados sugieren que *C.v. virginianus*, *C.v. marilandicus* y *C.v. mexicanus*, tres de las cuatro

subespecies podrían fusionarse como una sola unidad de manejo separadas de la subespecie *C.v. floridanus* (Eo *et al.* 2010).

Si se considera a la subespecie como una unidad discreta evolutiva y significativa para la especie, resulta necesario el estudio integrativo de la variación entre sus poblaciones que pueda probar que las subespecies son unidades evolutivas significativas (Zink *et al.* 2016). Tal como se ha podido demostrar en colibríes de las especies *Campylopterus curvipennis* y *Calliphlox evelynae*. El análisis integral de la variación morfométrica, acústica y genética de *C. curvipennis*, un colibrí con estrategia reproductiva “lek”, corroboró la existencia de tres linajes consistentes con la clasificación taxonómica de sus tres subespecies reportadas para las zona del Istmo de Tehuantepec, México (González *et al.* 2011). Mientras que para *C. evelynae*, un colibrí endémico del Archipiélago de las Bahamas, el análisis de la divergencia morfológica, acústica y genética de la subespecie *C.e. lyrura*, mostró evidencias que soportan el estatus de especie biológica o filogenética (Feo *et al.* 2014). De manera similar ocurre en dos subespecies de *Pharomachrus mocinno*, un quetzal endémico de Mesoamérica, donde a través del análisis morfométrico y genético de sus poblaciones se encontraron claras evidencias de divergencia para proponer a las subespecies de *P. mocinno* como especies independientes (Solórzano y Oyama 2010).

La codorniz de California (*Callipepla californica*) con distribución en la costa occidental de Norteamérica desde Colombia Británica, Canadá, a la península de Baja California, México desde el nivel del mar hasta los 2800 msnm (Leopold 1977, Howell y Webb 1995, Calkins *et al.* 2014), es una de estas especies norteñas que destacan por su aprovechamiento cinegético, especialmente en la porción noroeste mediterránea (Koford 1987). Esta codorniz es gregaria, de tamaño mediano (machos: 260-270 mm, hembras: 241-266 mm) y con dimorfismo sexual marcado; donde el macho es ligeramente más grande que la hembra. Han sido descritas siete

subespecies nominales de *C. californica*, cuatro de ellas se encuentran en la península de Baja California: *C.c. californica* [= *vallicola*], *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*, definidas a través de un gradiente latitudinal y climático (Grinnell 1928, Van Rossem 1946, Wilbur 1987, Calkins *et al.* 2014). La codorniz de California presenta variaciones morfológicas y cromáticas a lo largo de su distribución, con una aparente asociación de la coloración con las condiciones climáticas prevalecientes, siendo el color más claro en climas subtropicales que en el clima mediterráneo (Ridgway y Friedmann 1946, Van Rossem 1946).

La diferenciación fenotípica entre las subespecies de la codorniz de California ha sido fundamentada en el tamaño corporal, coloración del dorso, pecho y alas, así como tamaño y tonalidad del parche ventral (Van Rossem 1939, 1946; Ridgway y Friedmann 1946). Sin embargo, más allá de los estudios realizados para la descripción de las subespecies peninsulares que fueron basados en un limitado número de caracteres, no existen estudios que hayan evaluado y comparado cuantitativamente la variación fenotípica de las subespecies de *C. californica* de la península de Baja California.

La diferenciación y estructura poblacional genética de la codorniz de California fue analizada utilizando aloenzimas (Zink *et al.* 1987). Los resultados indicaron una leve variación genética entre las poblaciones de California y Baja California, con excepción de la población continental de Tule Lake, que fue genéticamente más similar a las poblaciones peninsulares de Baja California que otras poblaciones vecinas geográficamente. Adicionalmente, se estimó que su dispersión desde el sureste de California hacia la península de Baja California fue aproximadamente hace entre 3 y 5 millones de años (Zink *et al.* 1987). Más recientemente y utilizando secuencias de ADN nuclear y mitocondrial, Vázquez-Miranda (2014) calculó que la divergencia desde el continente de la comunidad de aves en la península de Baja California se dio en tres eventos. El segundo evento ocurrió en el Pleistoceno temprano hace

aproximadamente 0.92 millones de años, momento en el cual especies como *C. californica* divergieron de las especies continentales.

La Península de Baja California es un área de interés biogeográfico debido a sus características particulares. Tiene un origen tectónico complejo y una dinámica ecológica e histórica que ha influido en la evolución, distribución y estructura genética de los vertebrados de ese macizo peninsular (Rojas-Soto *et al.* 2003). Debido a su ubicación, características climáticas, topográficas y a su historia geológica, presenta una alta heterogeneidad de hábitats con una amplia diversidad de especies biológicas endémicas (Álvarez-Castañeda *et al.* 2008). Presenta un mosaico de formaciones vegetales en un sentido latitudinal y altitudinal, mismas que han sido resultado de los procesos geológicos, climáticos y edafológicos que ha experimentado el macizo peninsular desde la última glaciación del Pleistoceno (Axelrod 1948). Estas formaciones vegetales pueden ser fuente de procesos de diferenciación a nivel de especie o subespecie, por lo que estudios sobre la composición y variación morfológica de especies peninsulares con amplia distribución, como *C. californica*, resultan necesarios para entender e interpretar los procesos de divergencia y especiación en esta región peninsular.

En virtud de lo anterior, comparamos estadísticamente 18 caracteres morfométricos y de coloración entre las subespecies nominales de *Callipepla californica* de la península de Baja California, con el propósito de evaluar su valor diagnóstico para la discriminación taxonómica infraespecífica, utilizando cinco categorías de análisis: Subespecies, Localidades Tipo, Regiones Climáticas, Ecoregiones y Zonas de Transición.

1.2 MATERIALES Y MÉTODOS

Para el análisis comparativo de las características morfométricas y cromáticas de las subespecies nominales de *C. californica* se obtuvieron datos de 338 especímenes de museo, de los cuales 325 proceden de 107 localidades de la península de Baja California y otros 13 individuos proceden de siete localidades de California, E.E.U.U. (Figura 1.1 y Apéndice 1). Los especímenes examinados (n) fueron de las siguientes colecciones ornitológicas: Universidad Autónoma de Baja California (UABC, n = 54), Museo de Historia Natural de San Diego (SDNHM, n = 103), Museo de Zoología de Vertebrados de la Universidad de California Berkeley (MVZ, n = 131) y Academia de Ciencias de California (CAS, n = 50).

Los especímenes analizados fueron seleccionados con base en los siguientes criterios: condición general del espécimen y calidad del plumaje, organismos con plumaje completo de adulto, identificado taxonómicamente a nivel de subespecie en la colección con excepción de los organismos de la colección de aves de la UABC, los cuales fueron identificados a nivel de subespecie con base en los criterios descritos en el Tabla 1.1. No se incluyeron en el análisis los especímenes deteriorados, es decir, con pérdida de plumaje.

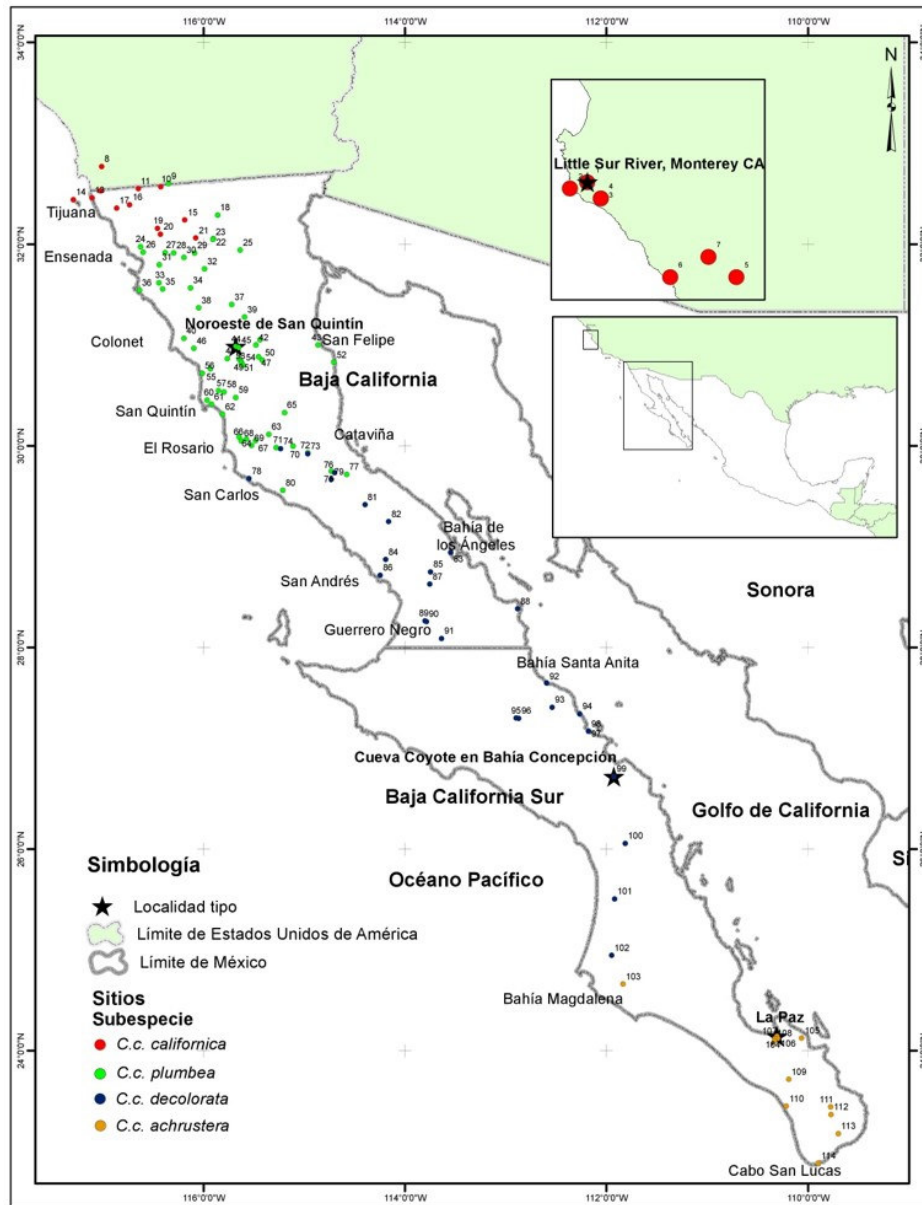


Figura 1.1. Sitios de muestreo de las subespecies *Callipepla californica* en la península de Baja California, México y de la localidad tipo de la subespecie *C. c. californica* en Monterey California, Estados Unidos de América. Los números corresponden a los sitios detallados en el Apéndice 1.

Se referenciaron los datos históricos de las etiquetas a través de las bases de datos de Ruiz-Campos *et al.* (2004), Arctos (2016), GBIF (2016) y VertNet (2016), lo cual permitió verificar la ubicación de los sitios de recolecta y actualizar la nomenclatura de identificación taxonómica en los casos necesarios.

1.2.1 Identificación taxonómica infraespecífica

Cada individuo examinado fue asignado a la subespecie correspondiente, basado en la información contenida en su etiqueta y corroborado con la distribución de la subespecie en cuestión. Se confirmó la identificación de cada individuo a nivel subespecífico con base en la distribución geográfica conocida previamente y el patrón de color del plumaje según el sexo (Tabla 1.1 y Figuras 1.2, 1.3, 1.4 y 1.5), utilizando los criterios de Grinnell (1926, 1931), Ridgway y Friedmann (1946) y Van Rossem (1946). Así mismo, identificamos aquellos individuos de los sitios reconocidos como localidades tipo de las diferentes subespecies peninsulares (Figura 1.1 y Tabla 1.1).

1.2.2 Medidas corporales y de color

Seleccionamos las variables, basados en los caracteres morfométricos propuestos por Pyle *et al.* (1997) y caracteres colorimétricos referidos en Grinnell (1926), Ridgway y Friedmann (1946) y Van Rossem (1946). Con el uso de un vernier digital (precisión 0.01 mm) Mitutoyo (Japón) Modelo DC-56C, se tomaron nueve medidas morfológicas (mm) basadas en Pyle *et al.* (1997) (Tabla 1.2, Figuras 1.6A y 1.6B).

Tabla 1.1. Descripción de los criterios utilizados para la clasificación taxonómica de los especímenes en subespecies y delimitación de las localidades tipo. Las medidas somáticas se expresan en milímetros.

SUBESPECIE	CRITERIOS DE CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA USADOS	REFERENCIAS
<i>C.c. californica</i> (Shaw y Nodder 1798)	<p>Codorniz del valle de California</p> <p>Distribución: Residentes en el interior semiárido de California. En la península de Baja California se han reportado en Tijuana, Tecate, sur del valle de las Palmas y en las Islas Coronado.</p> <p>General: Color marrón grisáceo más oscuro que las subespecies de zonas áridas pero más claro que <i>C.c. brunnescens</i>.</p> <p>Macho Adulto: Dorso en promedio más café que gris en plumaje fresco (Figura 1.2: 2A) y pecho de color gris neutro más oscuro que <i>C.c. achruster</i> (Figura 1.3: 3A) pero más pálido que la subespecie <i>C.c. brunnescens</i>. Medidas promedio (mm): Ala 110.6; Cola 89.2; Culmen 15.1; Tarso 32.9 y Dedo medio 27.4.</p> <p>Hembra Adulto: Dorso como los machos (Figura 1.4: 4A) y pecho café ante grisáceo en plumaje fresco (Figura 1.5: 5A). Medidas promedio (mm): Ala 107.8; Cola 83.8; Culmen 14.8; Tarso 30.4 y Dedo medio 26</p> <p>Localidad Tipo: Monterey, California, Estados Unidos de América. <i>Coordenadas propuestas</i> 36°20'24"N, 121°48'09"O, altitud 261 msnm del sitio Little Sur River, Monterey, CA. (Figura 1).</p>	<p>Grinnell 1931</p> <p>Ridgway y Friedmann 1946</p>
	<p>Codorniz del valle de San Quintín</p> <p>Distribución: Residentes en chaparral abierto desde suroeste del condado de San Diego al noroeste de Baja California, alrededor de la latitud 30°N.</p> <p>General: Tono de coloración menos pardo, gris plomo en dorso, pecho y flancos, pero más oliváceo en las alas.</p> <p>Macho Adulto: Dorso más gris en plumaje fresco con poca o nula fusión marrón (Figura 1.2: 2B) y pecho de color gris neutro (Figura 1.3: 3B) más oscuro que <i>C.c. orecta</i>. Medidas promedio (mm): Ala 107.3; Cola 83; Culmen 14.5; Tarso 30.9 y Dedo medio 25.8.</p> <p>Hembra Adulto: Dorso evidentemente gris menos marrón (Figura 1.5: 5B), pecho de color gris ratón opuesto al color grisáceo en <i>C.c. achruster</i> (Figura 1.5: 5D). Medidas promedio (mm): Ala 105.3; Cola 82.2; Culmen 14.5; Tarso 29.8 y Dedo medio 25.</p> <p>Localidad Tipo: San Quintín Baja California, México (Holotipo # 46206 MVZ, espécimen no disponible). <i>Coordenadas propuestas</i> 30°59'N, 115°41'W, altitud 762 msnm, del sitio San José alrededor 45 millas Noreste de San Quintín, cerca de 31° latitud N, BC, México. Figura 1.</p>	<p>Grinnell, 1926</p> <p>Ridgway y Friedmann, 1946</p>
<i>C.c. decolorata</i> (Van Rossem 1946)	<p>Codorniz del centro de la península</p> <p>Distribución: Residentes en Baja California desde la latitud 25°N hasta 30°N.</p> <p>General: Gris más uniforme caracterizado por una casi ausencia de tonos oliváceos en el dorso y tonos marrones en los costados y flancos.</p> <p>Machos: Dorso gris casi ausentes tonos oliva y marrón en los costados (Figura 1.2: 2C) y parche ventral amarillo más pálido (Figura 1.3: 3C). Medidas promedio (mm): Ala 107.16; Cola 91.88; Culmen 13.26; Tarso 32.59 y Dedo medio 26.05 (datos propios).</p> <p>Hembras: Tono pálido similar a las subespecies <i>C.c. achruster</i> y <i>C.c. canfieldae</i> pero difiere por la ausencia de tonos pardos y oliváceos (Figuras 1.4: C y 1.5: C).</p> <p>Localidad Tipo: Bahía Concepción, Baja California Sur, México. <i>Coordenadas propuestas:</i> 26°43'13"N, 111°55'44"O, altitud 267 msnm del sitio Isla en Cueva Coyote, Bahía Concepción, BCS, México. Figura 1. Medidas promedio (mm): Ala 103.40 Cola 89.43; Culmen 12.97; Tarso 31.79 y Dedo medio 25.44 (datos propios).</p>	<p>Van Rossem 1946</p>
	<p>Codorniz de San Lucas</p> <p>Distribución: Residentes en la parte sur de península de Baja California, desde Cabo San Lucas a la latitud 25°N.</p> <p>General: Similar a la <i>C.c. canfieldae</i> pero menos pálida.</p> <p>Machos: Dorso oscuro en promedio más gris que café en plumaje fresco (Figura 1.2: 2D) (lo opuesto para <i>C.c. californica</i>). Pecho gris neutro profundo más oscuro que <i>C.c. plumbea</i> (Figura 1.3: 3D). Medidas promedio (mm): Ala 110; Cola 91; Culmen 15.4; Tarso 31.2 y Dedo medio 25.8</p> <p>Hembras: Dorso más grisáceo que pardusco (Figura 1.4: 4D) y pecho grisáceo a gris claro (Figura 1.5: 5D). Medidas promedio (mm): Ala 106; Cola 84.9; Culmen 15; Tarso 30.2 y Dedo medio 24.8</p> <p>Localidad Tipo: La Paz, Baja California Sur, México. <i>Coordenadas propuestas</i> 24°08'32"N, 110°18'39"O, altitud 32.57 msnm del sitio La Paz, BCS. México. Figura 1.</p>	<p>Ridgway y Friedmann 1946</p>

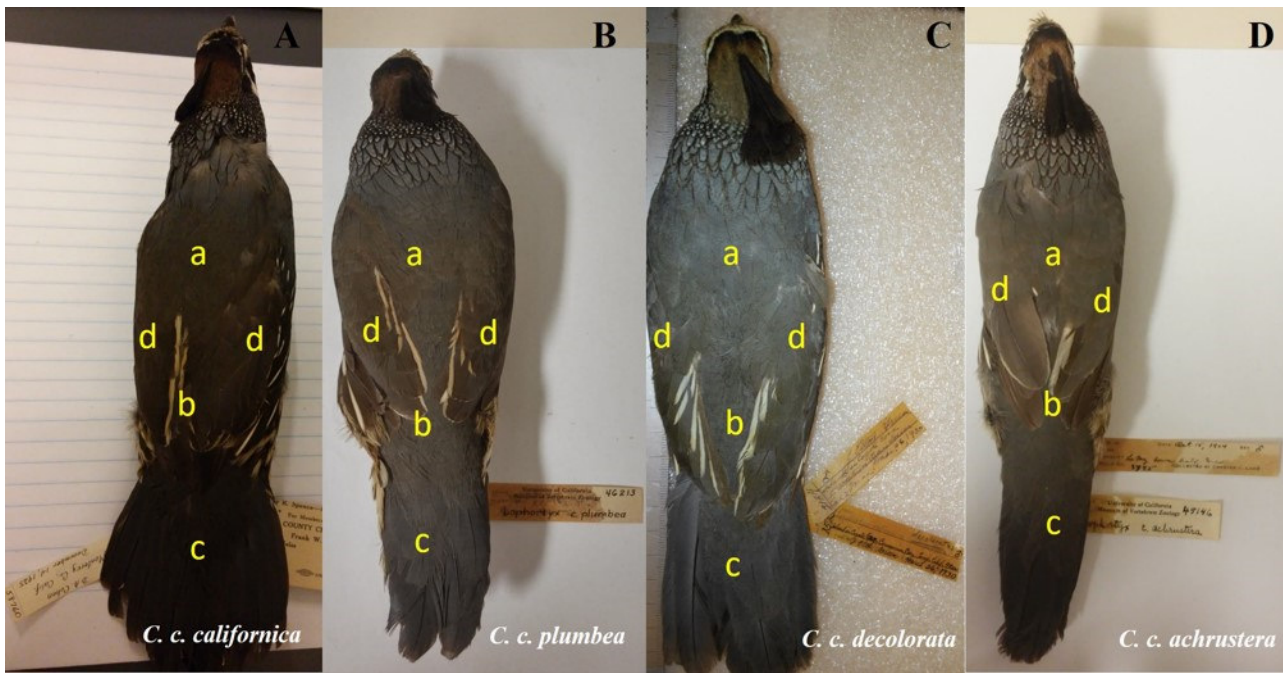


Figura 1.2. Vista dorsal de especímenes machos de las subespecies de *Callipepla californica* presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: a) espalda alta, b) espalda baja, c) cola y d) alas derecha e izquierda. 2A Especímen CAS # 58760 recolectado por D.A. Cohen el 14 de diciembre 1925; 2B Especímen MVZ # 46213 recolectado por Chester C. Lamb el 23 de octubre de 1925; 2C Especímen SDNHM # 15251 recolectado por J. Elton Green el 26 de marzo de 1930; 2D Especímen MVZ # 45146 recolectado por Chester C. Lamb el 15 de octubre de 1924.

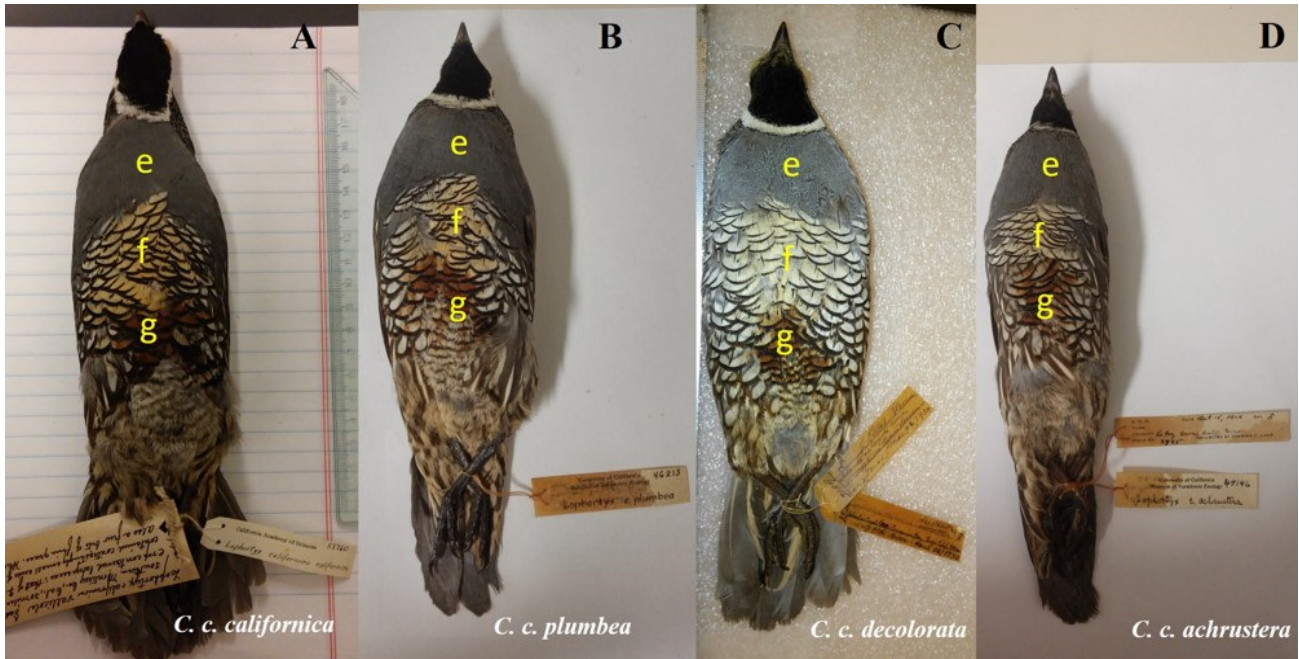


Figura 1.3. Vista ventral de especímenes machos de las subespecies de *Callipepla californica* presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: e) pecho, f) parche amarillo y g) parche café. Los especímenes son los mismos del panel superior.

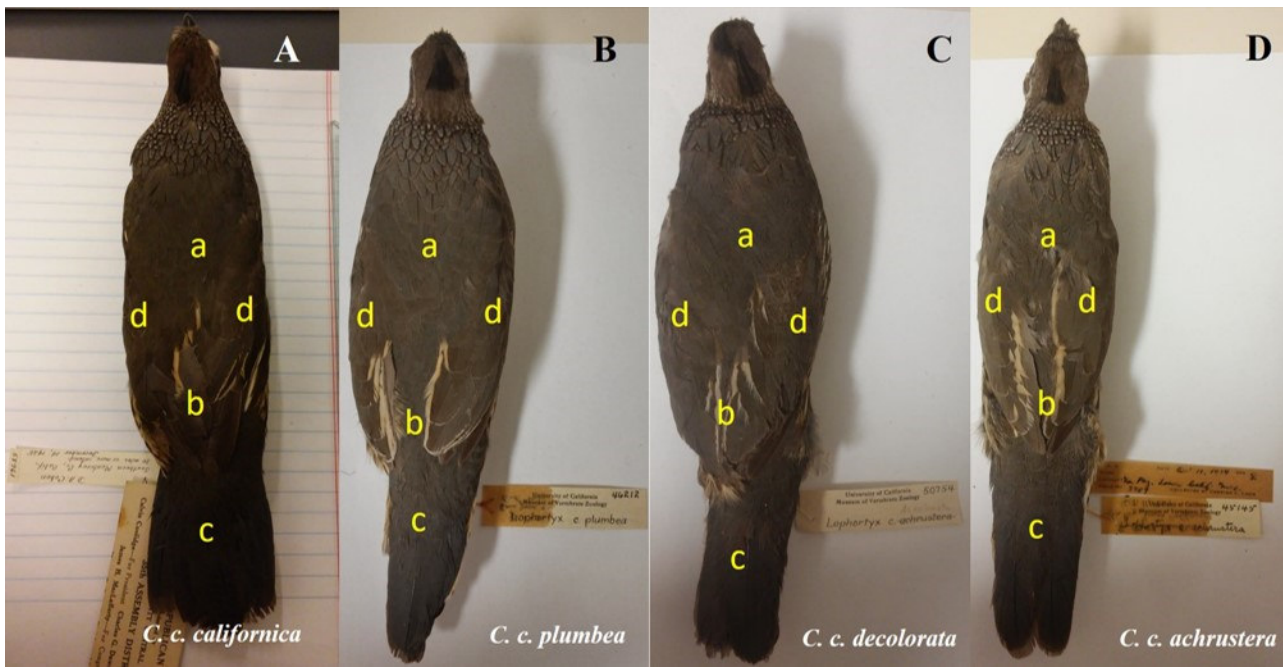


Figura 1.4. Vista dorsal de especímenes hembras de las subespecies de *Callipepla californica* presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: a) espalda alta, b) espalda baja, c) cola y d) alas derecha e izquierda. 4A Especímen CAS # 58761 recolectado por D.A. Cohen el 14 de diciembre 1925; 4B Especímen MVZ # 46212 recolectado por Chester C. Lamb el 19 de octubre de 1925; 4C Especímen MVZ # 50754 Recolectado por Chester C. Lamb el 9 de mayo de 1927; 4D Especímen MVZ # 45145 recolectado por Chester C. Lamb el 11 de octubre de 1924.

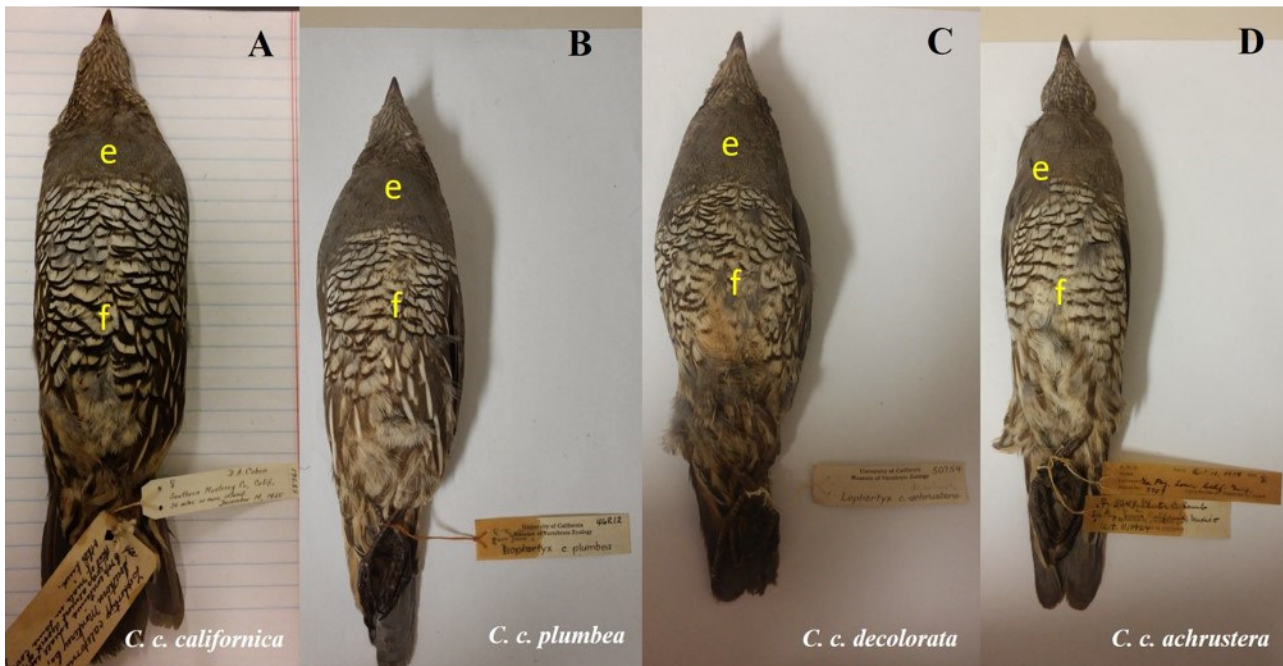


Figura 1.5. Vista ventral de especímenes hembras de las subespecies de *Callipepla californica* presentes en la península de Baja California. Los incisos corresponden: e) pecho y f) abdomen. Los especímenes son los mismos del panel superior.

Realizamos la medición cuantitativa del color de los especímenes utilizando un colorímetro Minolta (Japón) Modelo CR-300, el cual mide el espectro reflectante de la superficie del plumaje en un diámetro de 8 mm. Tomamos nueve medidas de color para machos y siete medidas de color para hembras (Tabla 1.2 y Figuras 1.6C, 1.6D, 1.6E, 1.6F) con base en los caracteres específicos utilizados para la identificación taxonómica de las subespecies de Grinnell (1926), Ridgway y Friedmann (1946) y Van Rossem (1946). El análisis colorimétrico lo llevamos a cabo usando la configuración del método CIELAB 1976 (Minolta 1991), el cual expresa el color y luminosidad de un objeto a través de un atributo numérico objetivo. Este atributo se calcula como $CIE = L^*a^*b^*$, donde: L^* = luminosidad; a^* = coordenadas rojo/verde (valores positivos +a indica rojo y valores negativos -a indica verde); b^* = coordenadas amarillo/azul (+b indica amarillo y -b indica azul) (Minolta 1991). Al usar el espacio de color $L^*a^*b^*$, sólo es posible comparar el atributo de luminosidad, L. Para este análisis únicamente incluimos los especímenes de las colecciones ornitológicas de SDNHM, MVZ y CAS.

Tabla 1.2. Caracteres morfométricos y colorimétricos cuantificados para las poblaciones de *Callipepla californica* en la península de Baja California, México y California, EEUU. (Véase Figura 1.6 para puntos de referencia).

Código	Caracter morfométrico	Código	Caracter Cromático
WCL	Longitud de la cuerda del ala derecha	Br	Luminosidad del pecho
TiL	Longitud de la cola	TP ^M	Luminosidad del parche amarillo
TrL	Longitud del tarso derecho	BP ^M	Luminosidad del parche café
MTo	Longitud dedo medio derecho	UBa	Luminosidad de la espalda alta
ML	Longitud de la mandíbula	LBa	Luminosidad de la espalda baja
BeLN	Longitud del pico desde la nostrila a la punta	TB	Luminosidad de la cola
BeW	Ancho del pico	RF	Luminosidad del flanco derecho
BeD	Alto de pico	LF	Luminosidad del flanco izquierdo
ECL	Longitud del culmen expuesto	AB ^F	Luminosidad del abdomen

^M Caracter sólo para machos. ^F Caracter sólo para hembras.

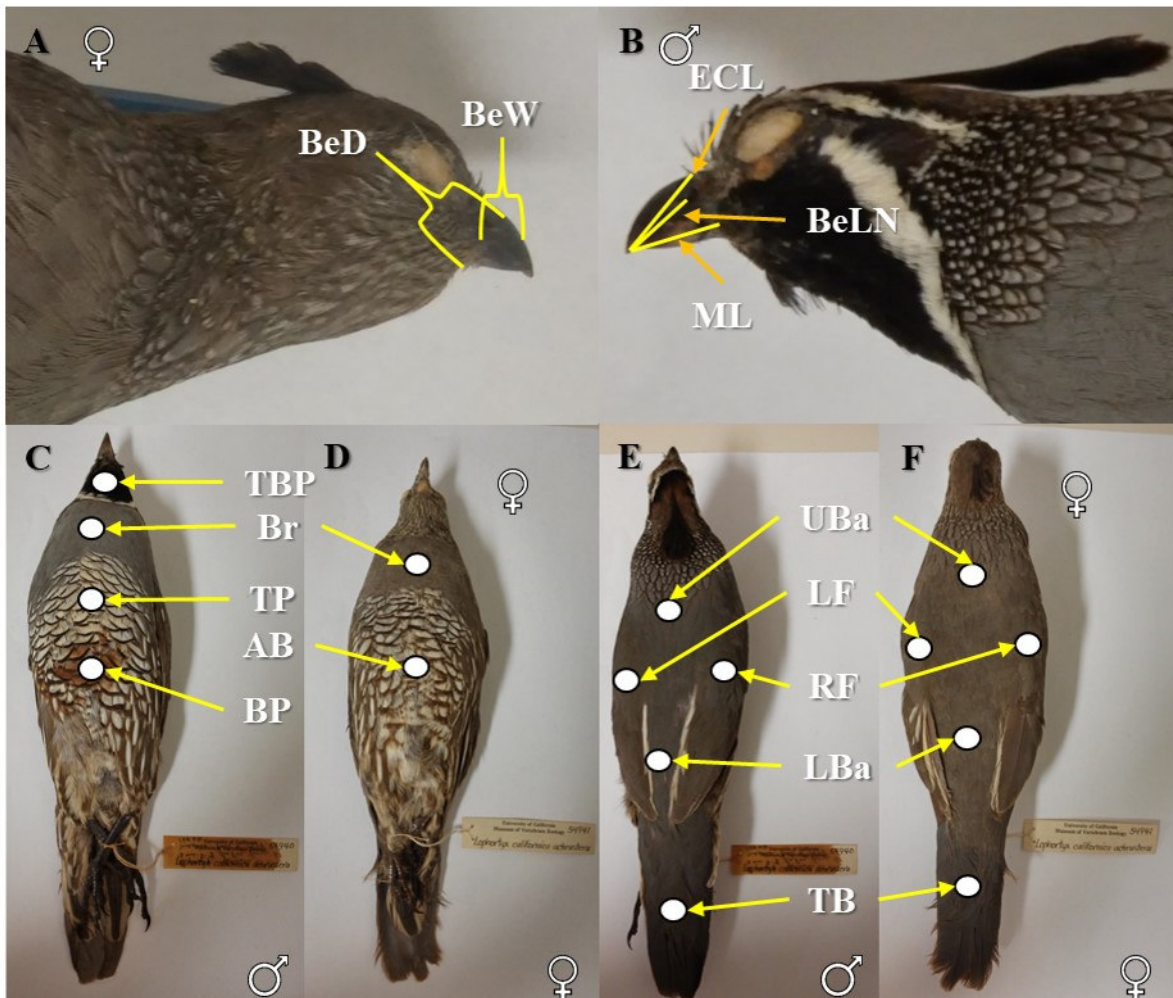


Figura 1.6. Puntos de referencia de las medidas morfométricas y colorimétricas de los especímenes de *Callipepla californica* analizados. A y B) corresponden a las medidas del pico analizadas. C, D, E y F) corresponden a las medidas de color analizadas. A, D y F corresponden a hembras mientras que B, C y E corresponden a machos de *Callipepla californica*

El uso de especímenes de colección es apropiado para el análisis de color. Esto incluye a ejemplares recolectados de distintas décadas, ya que estudios independientes sobre el desvanecimiento de color en especímenes de museo determinaron que, aun existiendo decoloración entre ejemplares, esto no fue causa suficiente para una mala interpretación. La decoloración en especímenes antiguos (con más de 150 años) no afectó la tonalidad, sólo la luminosidad (McNaught y Owens 2002). Por lo que, con base en esta información, trabajamos bajo el supuesto de que no existió decoloración del plumaje por deterioro de los especímenes, ya que los ejemplares pueden conservarse por muchas décadas (Rojas-Soto *et al.* 2002). El intervalo de años entre los ejemplares analizados colorimétricamente para el presente estudio

fue de 71 años (1893-1964). Los especímenes más antiguos correspondieron a dos ejemplares, hembra y macho de la colección de aves de la Academia de Ciencias de California (CAS 73800 y CAS 73801, respectivamente) recolectados el 6 de julio de 1893, en rancho San Antonio, Sierra de San Pedro Mártir. El espécimen más reciente analizado para coloración en nuestro estudio fue una hembra de la colección de aves del Museo de Historia Natural de San Diego, recolectado el 31 de diciembre de 1964, en Rancho Escondido, Baja California (SDNHM 35277).

1.2.3 Análisis estadístico

En el análisis comparativo de especímenes entre subespecies, se incluyeron todos los individuos identificados a nivel de subespecie en las colecciones ornitológicas, además de los identificados taxonómicamente en este estudio. Los criterios utilizados se detallan en el apartado identificación taxonómica.

En el análisis comparativo de especímenes entre localidades tipo de las subespecies peninsulares, se incluyeron los especímenes de referencia de la subespecie nortea *C.c. californica*. Las localidades tipo son aquellos sitios de donde proceden los especímenes utilizados para la descripción original de la subespecie en cuestión, de acuerdo con Grinnell (1926, 1931), Ridgway y Friedmann (1946) y Van Rossem (1946).

1.2.3.1 Análisis de componentes principales

Realizamos un análisis de componentes principales (ACP) para identificar las variables fenotípicas más importantes en la formación de grupos y para determinar el patrón de variación de caracteres fenotípicos (morfométricos y coloración) entre las subespecies. Este método

estadístico permite determinar la contribución de un conjunto de variables intercorrelacionadas (componentes principales) sobre un problema sin la pérdida de información (Aldás y Uriel 2017).

La variable subespecie se utilizó como una variable suplementaria en el análisis con la finalidad de corroborar que los especímenes identificados como *C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*, correspondieran a grupos en el espacio multivariado y de esta manera determinar unidades de comparación.

1.2.3.2 Análisis comparativo de especímenes a través del Análisis Función Discriminante

Utilizamos un análisis estadístico de función discriminante (AFD) de paso por paso hacia adelante, para evaluar la variación de caracteres fenotípicos (morfométricos y coloración) de los especímenes clasificados *a priori* a nivel de subespecies y de localidades tipo para determinar la combinación de variables que discriminan mejor entre las subespecies y entre las localidades tipo. Utilizamos el programa Statistica 7.0 (StatSoft, Inc., EEUA), considerando como variables de agrupamiento a las subespecies y localidades tipo, respectivamente. Las variables independientes seleccionadas fueron nueve morfométricas y nueve de coloración. Todas las medidas anatómicas y de color fueron tomadas por triplicado para cada ejemplar. Las medias y desviaciones estándar se presentan en el Apéndice 3.

Para la delimitación de los sitios considerados en la categoría de localidades tipo, efectuamos análisis de función discriminante entre las subespecies, identificando de modo radial aquellos sitios que permitieron una discriminación adecuada.

En el AFD se mide el poder de discriminación entre grupos usando la Lambda de Wilks (λ), cuyos valores oscilan entre 0.0 (poder de discriminación perfecto) y 1.0 (ausencia de poder de discriminación). En este mismo análisis se determinan los coeficientes estandarizados de

las variables canónicas (raíces) que indican el poder de discriminación de cada variable en el análisis global (Ruiz-Campos *et al.* 2016). Adicionalmente, construimos dendrogramas de agrupamiento basado en la matriz de distancias cuadráticas de Mahalanobis (D^2) de las variables morfométricas y cromáticas entre los grupos (subespecies o localidades tipo) comparados.

1.3. RESULTADOS

1.3.1 Determinación de unidades de comparación

Las unidades de comparación se basaron en las categorías de análisis previamente seleccionadas (Subespecie taxonómica y Localidad Tipo de la subespecie), con base en la información disponible de la literatura y en el examen de especímenes de las colecciones ornitológicas consideradas. Los resultados del análisis de componentes principales para determinación de unidades de comparación fueron:

Machos: El análisis incluyó 201 individuos que se clasificaron con un 95% de confianza en un grupo subdividido en dos claramente definidos (Figura 1.7A). Ambos grupos incluyeron especímenes de todas las subespecies taxonómicas *C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*. Por otra parte, los 29 machos de las localidades tipo formaron un solo grupo y no se observó una subdivisión (Figura 1.7C). El traslape entre los especímenes machos de las subespecie se puede observar en las Figuras 1.7A y 1.7C con sus respectivos límites de confianza (95%).

Hembras: El análisis incluyó 115 individuos que, al igual que los machos, se clasificaron con un 95% de confianza en un solo grupo heterogéneo que incluyó todas las subespecies. Sin embargo se registraron cinco individuos fuera del grupo (Figura 1.7B). De igual forma, las

hembras de las localidades tipo (16 individuos) se agruparon en un solo conjunto (Figura 1.7D). El traslape entre los especímenes hembras de las subespecies se puede observar en las Figuras 1.7B y 1.7D con sus respectivos límites de confianza de 95%.

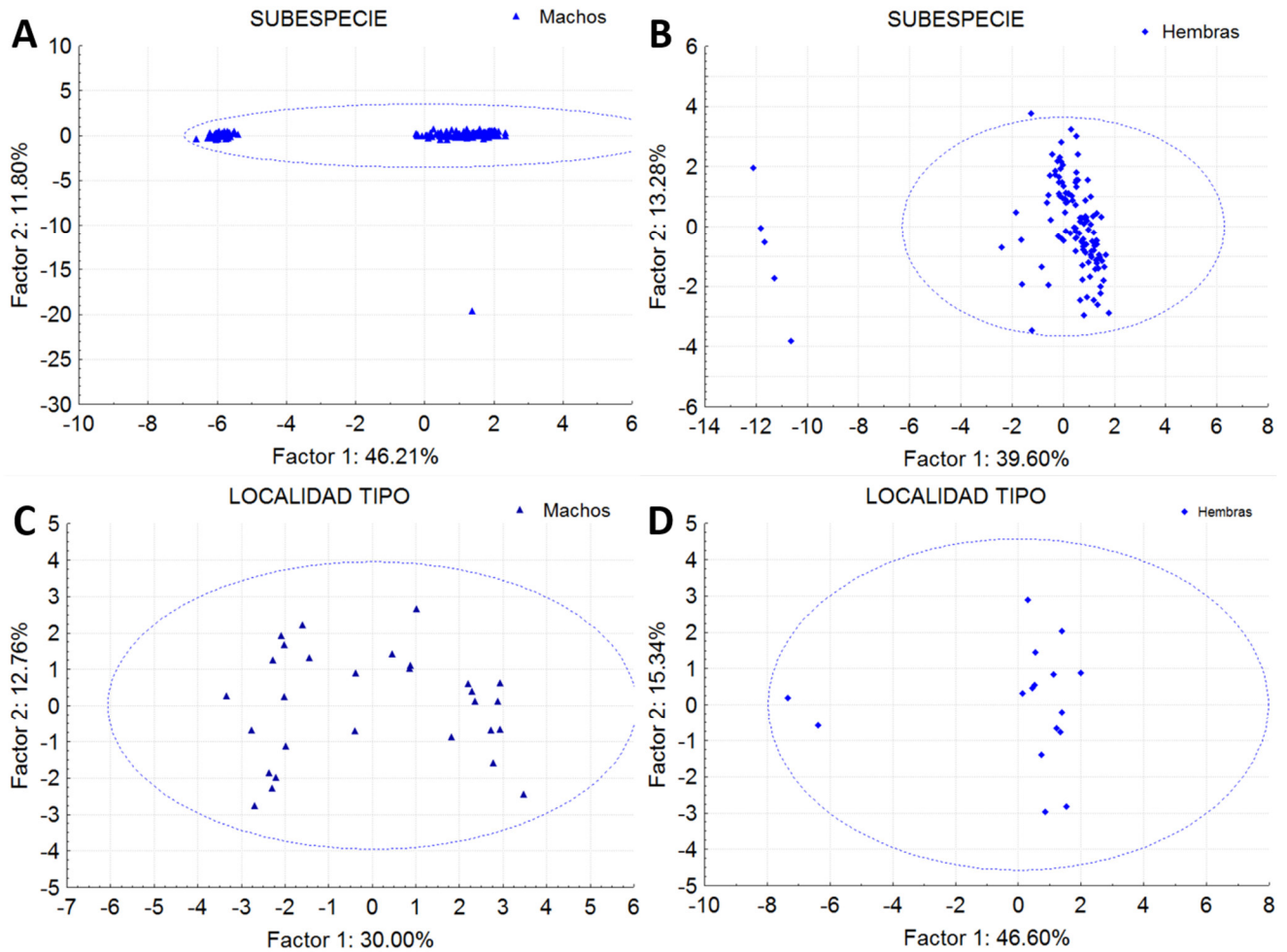


Figura 1.7. Diagrama de dispersión de componentes principales de las poblaciones de *Callipepla californica* separados por sexo y categoría. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo. El factor 1 y 2 indica el porcentaje de variación explicada por el mismo, la elipse indica el límite de confianza a 95%.

1.3.2 Identificación de caracteres fenotípicos a través del análisis de componentes principales

Los resultados de los análisis de componentes principales (ACP) para la identificación de los caracteres fenotípicos más importantes en la formación de grupos para machos y hembras se muestran a continuación:

Machos: Los dos primeros factores explican el 58.01% de la varianza; el factor 1 explicó el 46.21% y el factor 2 el 11.80% (Tabla 1.3). El factor 1 está integrado por las ocho variables de coloración (Br, TP, BP, UBa, LBa, TB, RF, LF); mientras que el factor 2 está determinado por el ancho y alto del pico (BeW y BeD) (Tabla 1.3, Tabla 1.4 y Figura 1.8A).

Hembras: Los dos primeros factores explicaron el 52.88% de la varianza (Tabla 1.3). El factor 1 con el 39.60% de la varianza está integrado, al igual que en los machos, por todas las medidas de color (Br, AB, UBa, LBa, TB, RF, LF); mientras que el Factor 2 no está determinado por ninguna medida en particular (Tabla 1.3, Tabla 1.4 y Figura 1.8B).

Para la categoría de Localidad Tipo, la identificación de los caracteres fenotípicos más importantes en la formación de grupos para machos y hembras, se encontró de la siguiente manera:

Machos: Los dos primeros factores explicaron el 42.76% de la varianza; el factor 1 explicó el 30% y el factor 2 el 12.76% (Tabla 1.3). El factor 1 se define por la longitud de la mandíbula (ML), el ancho del pico (BeW) y por la luminosidad del pecho (Br), del parche amarillo (TP), y del flanco derecho (RF); mientras que el factor 2 está determinado por la longitud del pico medido desde la nostrila a la punta (BeLN) (Tabla 1.3, Tabla 1.4 y Figura 1.8C).

Hembras: Los dos primeros factores explicaron el 61.94% de la varianza (Tabla 1.3). El factor 1 con el 46.60% de la varianza está integrado por todas las medidas de color (Br, AB,

UBa, LBa, TB, RF, LF); mientras que el Factor 2 con el 15.34% sólo está determinado por el ancho del pico (BeW) (Tabla 1.3, Tabla 1.4 y Figura 1.8D).

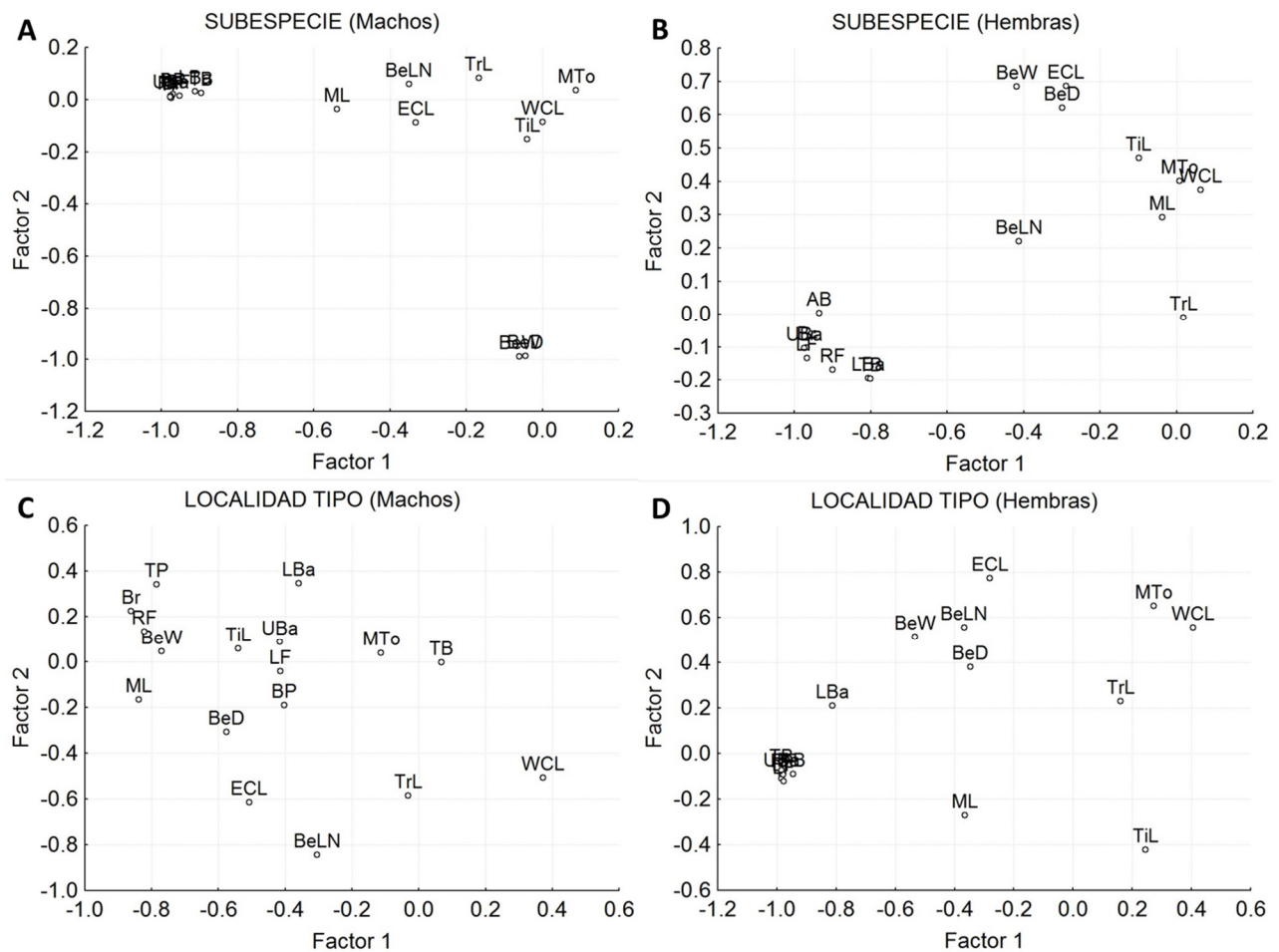


Figura 1.8. Diagrama de dispersión de las variables significativas de los componentes principales de las poblaciones de *Callipepla californica* separados por sexo y categoría. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo.

1.3.3. Análisis comparativo de especímenes a través del AFD

Los resultados de los análisis de función discriminante (AFD) para la comparación de sexos a nivel de subespecies y de localidades tipo son los siguientes:

1.3.3.1 Comparación de subespecies por sexo

El AFD para machos incluyó 201 especímenes: 23 de *C.c. achrustera*, 42 de *C.c. decolorata*, 109 de *C.c. plumbea* y 27 de *C.c. californica*. Las nueve variables seleccionadas por el análisis mostraron un valor global de $\lambda = 0.56$ $P < 0.0001$, e indica un nivel relativamente bajo de discriminación entre las subespecies. Sin embargo, de manera particular, hubo cinco variables que discriminaron de modo significativo $P < 0.01$ entre las subespecies, las cuales fueron la longitud del pico desde la nostrila a la punta (BeLN, $\lambda = 0.64$), longitud de la mandíbula (ML, $\lambda = 0.60$), luminosidad del parche amarillo (TP, $\lambda = 0.61$), luminosidad del parche café (BP, $\lambda = 0.58$) y la luminosidad del flanco derecho (RF, $\lambda = 0.58$) (Tabla 1.5). Los coeficientes estandarizados de la raíz canónica 1 explicaron el 76.9% de la variación total observada entre las subespecies, mientras que la raíz canónica 2 contribuyó con el 15.1% de la variación total observada (Tabla 1.6). La clasificación predictiva de los individuos en los grupos fue de 61.69%, siendo de 8.7% para *C.c. achrustera*, 48% para *C.c. decolorata*, 91% para *C.c. plumbea* y 11% para *C.c. californica*.

En el diagrama de árbol generado por las distancias cuadráticas de Mahalanobis (D^2) se distinguen dos subdivisiones, una subdivisión integrada por las subespecies de la región central (*C.c. decolorata*) y sureña (*C.c. achrustera*) y la otra conformada por las subespecies norteñas (*C.c. plumbea* y *C.c. californica*) (Figura 1.9A). En el diagrama de dispersión de los centroides de los especímenes de las subespecies comparadas (Figura 1.10A) no se distingue

una separación clara entre ellas, existiendo un amplio traslape entre las subespecies *C.c. achrustrera* y *C.c. decolorata*, así como entre *C.c. plumbea* y *C.c. californica*.

En el caso de comparación de hembras entre subespecies, el AFD incluyó 115 individuos: 29 de *C.c. achrustrera*, 20 de *C.c. decolorata*, 54 de *C.c. plumbea*, 12 de *C.c. californica* de localidades de California (EEUU). Once variables fueron seleccionadas por el modelo que dio un valor global de Lambda de Wilks (λ) de 0.32 $P < 0.0001$, el cual indica un mayor poder de discriminación entre las hembras de las distintas subespecies comparadas entre los machos (Tabla 1.5). Las variables independientes que mostraron un valor significativo de discriminación, $P < 0.01$, entre las hembras de las subespecies fueron longitud del tarso (TrL, $\lambda = 0.35$), longitud del pico desde la nostrila a la punta (BeLN, $\lambda = 0.35$), ancho de pico (BeW, $\lambda = 0.35$), la luminosidad del pecho (Br, $\lambda = 0.37$) y de la espalda baja (UBa, $\lambda = 0.36$) (Tabla 1.5).

Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas 1 y 2 obtenidas del análisis explicaron el 57% y 33% de la variación observada, respectivamente (Tabla 1.6). El porcentaje de clasificación correcta general fue 69.4%, siendo de 43% para *C.c. achrustrera*, 69% para *C.c. decolorata*, 87% para *C.c. plumbea* y 23% para *C.c. californica*.

El dendrograma basado en las distancias cuadráticas de Mahalanobis (D^2), demuestra la formación de dos subdivisiones: la primera formada por las subespecies *C.c. decolorata*, *C.c. plumbea* y *C.c. californica*, y la segunda contiene sólo a la subespecie sureña *C.c. achrustrera* (Figura 1.9B). En el diagrama de dispersión de los centroides de los especímenes hembra de las diferentes subespecies, sólo es posible discriminar a las hembras de la subespecie más sureña *C.c. achrustrera* del resto de las subespecies *C.c. decolorata*, *C.c. plumbea* y *C.c. californica* (Figura 1.10B).

Tabla 1.3. Autovalores, varianza total (%), autovalores acumulados y porcentaje acumulado obtenidos del Análisis de Componentes Principales de las medidas fenotípicas morfométricas y colorimétricas de poblaciones de *Callipepla californica* en la península de Baja California y California, EEUA: Machos totales (n = 201), hembras totales (n = 121) y por localidad tipo: machos (n = 29) y hembras (n = 16).

SUBESPECIE	Autovalores		Varianza total %		Autovalores Acumulados		Acumulado %		SUBESPECIE	Autovalores		Varianza total %		Autovalores acumulados		Acumulado %	
	Sexo	Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Sexo	Hembras		Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras		
Morfométricos					Morfométricos												
WCL		7.855986	46.2168	7.85599	46.2117	WCL		6.336420	39.60262	6.33642	39.6026						
TiL		2.005985	11.7991	9.86197	58.0116	TiL		2.124591	13.27869	8.46101	52.8813						
TrL		1.509283	8.87813	11.37125	66.8897	TrL		1.290807	8.06754	9.75182	60.9489						
MTo		1.161456	6.83210	12.53271	73.7218	MTo		1.100642	6.87902	10.85246	67.8279						
ML		1.075653	6.32737	13.60836	80.0492	ML		1.065702	6.66064	11.91816	74.4885						
BeLN		1.010500	5.94412	14.618886	85.9933	BeLN		0.774675	4.84172	12.69284	79.3302						
ECL		0.814242	4.78966	15.43311	90.7830	ECL		0.742088	4.63805	13.43393	83.9683						
BeW		0.595374	3.50220	16.02848	94.2852	BeW		0.699143	4.36964	14.13407	88.3379						
BeD		0.365854	2.15208	16.39433	96.4373	BeD		0.564205	3.52628	14.69827	91.8642						
Colorimétricos					Colorimétricos												
Br		0.194570	1.14453	16.58890	97.5818	Br		0.526657	3.29160	15.22493	95.1558						
TP		0.170076	1.00045	16.75898	98.5822	AB		0.389194	2.43246	15.61412	97.5883						
BP		0.082031	0.48253	16.84101	99.0648	UBa		0.156000	0.97500	15.77012	98.5633						
UBa		0.049167	0.28922	16.89018	99.3540	LBa		0.132033	0.82521	15.90216	99.3885						
LBa		0.034782	0.20460	16.92496	99.5586	TB		0.082921	0.51263	15.98418	99.9011						
TB		0.033646	0.19792	16.92496	99.7565	RF		0.010902	0.06814	15.99508	99.9693						
RF		0.028625	0.16838	16.98723	99.9249	LF		0.004920	0.03075	16.00000	100.000						
LF		0.012769	0.07511	17.00000	100.000												

LOCALIDAD TIPO	Autovalores		Varianza total %		Autovalores acumulados		Acumulado %		LOCALIDAD TIPO	Autovalores		Varianza total %		Autovalores acumulados		Acumulado %	
	Sexo	Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Sexo	Hembras		Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras			
Morfométricos					Morfométricos												
WCL		5.100087	30.00051	5.10009	30.0005	WCL		7.456747	46.60467	7.45675	46.6047						
TiL		2.168509	12.75593	7.26860	42.7564	TiL		2.453929	15.33706	9.91068	61.9417						
TrL		1.826309	10.74299	9.09490	53.4994	TrL		2.058310	12.86444	11.96899	74.8062						
MTo		1.429691	8.40995	10.52460	61.9094	MTo		1.251135	7.81960	13.22012	82.6258						
ML		1.321641	7.77436	11.84624	69.6837	ML		0.831181	5.19488	14.05130	87.8206						
BeLN		1.152334	6.77844	12.99857	76.4622	BeLN		0.687245	4.29528	14.73855	92.1159						
ECL		0.917750	5.39853	13.91632	81.8607	ECL		0.541393	3.38271	15.27994	95.4996						
BeW		0.695943	4.09378	14.61226	85.9545	BeW		0.302469	1.89043	15.58341	97.3901						
BeD		0.635878	3.74046	15.24814	89.6950	BeD		0.185460	1.15913	15.76787	98.5492						
Colorimétricos					Colorimétricos												
Br		0.486231	2.86018	15.73473	92.5551	Br		0.143791	0.89869	15.91166	99.4479						
TP		0.380327	2.23722	16.11470	94.7924	AB		0.064812	0.40508	15.97647	99.8530						
BP		0.304318	1.79011	16.41902	96.5825	UBa		0.016199	0.10124	15.99267	99.9542						
UBa		0.234140	1.37729	16.65316	97.9598	LBa		0.005761	0.03601	15.99843	99.9902						
LBa		0.147637	0.86845	16.80080	98.8282	TB		0.001539	0.00962	15.99997	99.9998						
TB		0.103185	0.60697	16.90398	99.4352	RF		0.000027	0.00017	16.00000	100.000						
RF		0.069007	0.40592	16.97299	99.8411	LF											
LF		0.027012	0.15890	17.00000	100.000												

Tabla 1.4. Valor de correlación de cada variable y proporción de varianza explicada por cada factor, obtenidos del Análisis de Componentes Principales de las medidas fenotípicas morfométricas y colorimétricas de poblaciones de *Callipepla californica* en la península de Baja California y California, EEUUA: Machos totales (n = 201), hembras totales (n = 121) y por localidad tipo: machos (n = 29) y hembras (n = 16). Los factores 1 y 2 explicaron el mayor porcentaje de varianza observada. Valores significativos en negritas.

MACHOS					HEMBRAS				
	SUBESPECIE	SUBESPECIE	LOCALIDAD	LOCALIDAD		SUBESPECIE	SUBESPECIE	LOCALIDAD	LOCALIDAD
VARIABLE	Factor 1	Factor 2	TIPO	TIPO	VARIABLE	Factor 1	Factor 2	TIPO	TIPO
Morfométricos					Morfométricos				
WCL	0.000524	-0.084938	0.372089	-0.506686	WCL	0.063481	0.374159	0.405625	0.555610
TiL	-0.040086	-0.150967	-0.540589	0.059724	TiL	-0.098878	0.470399	0.244787	-0.421774
TrL	-0.167163	0.082846	0.031255	-0.585940	TrL	0.018815	-0.0099316	0.161119	0.229396
MTo	0.088696	0.035539	0.112644	0.040765	MTo	0.007370	0.401681	0.272070	0.651474
ML	-0.539448	-0.036179	-0.838457	-0.164937	ML	-0.036920	0.291663	-0.366090	-0.270280
BeLN	-0.350676	0.060384	-0.304433	-0.842342	BeLN	-0.412612	0.220226	-0.367768	0.556514
ECL	-0.332216	-0.087418	-0.508479	-0.615534	BeW	-0.288995	0.686769	-0.281057	0.773088
BeW	-0.060087	-0.989023	-0.770236	0.047703	BeD	-0.417685	0.684116	-0.533256	0.513851
BeD	-0.044886	-0.987056	-0.575176	-0.307383	ECL	-0.298702	0.620503	-0.345872	0.380677
Colorimétricos					Colorimétricos				
Br	-0.974976	0.009959	-0.861605	0.225706	Br	-0.968237	-0.101809	-0.984082	-0.110431
TP	-0.974298	0.005546	-0.785982	0.340932	AB	-0.935754	0.003903	-0.945512	-0.090565
BP	-0.970051	0.021536	-0.402700	-0.189443	UBa	-0.974836	-0.103290	-0.984987	-0.088962
UBa	-0.975436	0.014497	-0.415356	0.089143	LBa	-0.807543	-0.194616	-0.812070	0.209945
LBa	-0.911642	0.032148	-0.359355	0.346474	TB	-0.801793	-0.195354	-0.985610	-0.073149
TB	-0.895688	0.025615	-0.068045	-0.001403	RF	-0.899916	-0.168960	-0.979609	-0.092222
RF	-0.977757	0.010671	-0.822665	0.134170	LF	-0.967017	-0.134142	-0.978227	-0.121111
LF	-0.952330	0.014278	-0.414776	-0.042139					
¹ Var. Expl.	7.855986	2.005985	5.100087	2.168509	¹ Var. Expl.	6.336420	2.124591	7.456747	2.453929
² Prop. Total	0.462117	0.117999	0.300005	0.127559	² Prop. Total	0.396026	0.132787	0.466047	0.153371

¹Varianza Explicada

²Proporción Total

Tabla 1.5. Valores de Lambda de Wilks, λ nivel de P y tolerancia para las variables morfométricas y colorimétricas seleccionadas para el Análisis de Función Discriminante de poblaciones de *Callipepla californica* por grupos de análisis y por sexo en la península de Baja California y California, EEUUA: Machos totales (n = 201), hembras totales (n = 121) y por localidad tipo: machos (n = 29) y hembras (n = 16). Machos de subespecies: 9 pasos, variables en el modelo: 9, λ : 0.55807, F (27,552) = 4.5245, $P < 0.0001$; Hembras de subespecies: 11 pasos, variables en el modelo: 11, λ : 0.32130, F (33,315) = 4.5014, $P < 0.0001$; machos de localidad tipo: 7 pasos, variables en el modelo: 7, λ : 0.01798, F (21,55) = 8.0117, $P < 0.0001$; hembras de localidad tipo: 3 pasos, variables en el modelo: 3, λ : 0.12801, F (6,22) = 6.5816, $P < 0.0004$. Valores significativos en negritas.

SUBESPECIE	Lambda de Wilks	Lambda parcial	Valor de F	Nivel de P	Tolerancia	Lambda de Wilks	Lambda parcial	Valor de F	Nivel de P	Tolerancia	
	Sexo	Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	
Morfométricos											
WCL		0.573385	0.973286	1.729205	0.162440	0.968804					
TiL						0.338330	0.949660	1.890634	0.135544	0.835203	
TrL						0.356295	0.901778	3.884842	0.011128	0.926265	
MTo						0.336751	0.954113	1.715328	0.168217	0.811821	
ML		0.606469	0.920192	5.463975	0.001269	0.553334					
BeLN		0.643786	0.866852	9.676731	0.000006	0.693650	0.348019	0.923222	2.966135	0.035313	
BeW						0.351257	0.914713	3.325544	0.022468	0.610851	
ECL		0.570946	0.977444	1.453799	0.228313	0.723657	0.342983	0.936777	2.407128	0.071247	
Colorimétricos											
Br		0.578041	0.965446	2.254798	0.083427	0.047220	0.369821	0.868795	5.386365	0.001718	
TP		0.614376	0.908349	6.356613	0.000397	0.041578					
BP		0.583457	0.956485	2.866135	0.037901	0.061568					
UBa						0.363388	0.884177	4.672182	0.004160	0.013847	
LBa						0.342029	0.939391	2.301188	0.081344	0.263772	
TB		0.577590	0.966200	2.203901	0.089042	0.229196	0.337628	0.951637	1.812622	0.149245	
RF		0.582719	0.957696	2.782899	0.042224	0.042193					
AB						0.342430	0.938290	2.345755	0.076935	0.152853	
LOCALIDAD TIPO											
	Sexo	Lambda de Wilks	Lambda Parcial	Valor de F	Nivel de p	Tolerancia	Lambda de Wilks	Lambda Parcial	Valor de F	Nivel de p	Tolerancia
		Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras
Morfométricos											
WCL		0.025883	0.694664	2.78378	0.068931	0.530441	0.382275	0.334862	10.92468	0.002436	0.723925
MTo											
ML		0.040361	0.445476	7.88366	0.001287	0.758143	0.269878	0.474322	6.09549	0.016535	0.737667
BeLN							0.225576	0.567477	4.19202	0.044332	0.668581
ECL		0.029498	0.609518	4.05738	0.021900	0.466975					
Colorimétricos											
Br		0.058677	0.306422	14.33532	0.000040	0.419897					
TP											
BP											
LBa		0.023226	0.774134	1.84785	0.172771	0.682690					
TB		0.028537	0.630060	3.71862	0.029370	0.543687					
RF		0.027497	0.653885	3.35236	0.040712	0.410780					

Tabla 1.6. Coeficientes estandarizados para variables canónicas, resultado del análisis de función discriminante para datos morfométricos y colorimétricos de *Callipepla californica*, agrupaciones por sexo y categoría: Subespecie y Localidad tipo en la península de Baja California, México y California, EEUUA.

Variable	SUBESPECIE	SUBESPECIE	LOCALIDAD TIPO	LOCALIDAD TIPO	Variable	SUBESPECIE	SUBESPECIE	LOCALIDAD TIPO	LOCALIDAD TIPO
MACHOS					HEMBRAS				
	Raíz 1	Raíz 2	Raíz 1	Raíz 2		Raíz 1	Raíz 2	Raíz 1	Raíz 2
Morfométricos					Morfométricos				
WCL	0.00766	0.04140	-0.33603	0.923409	WCL			-1.03529	-0.139158
TiL					TiL	0.31803	0.069883		
TrL					TrL	-0.32563	0.143889		
MTo					MTo	0.18152	0.288589		
ML	-0.60177	-0.26165	0.82733	0.400929	ML			0.89800	-0.444968
BeLN	-0.73587	0.24029			BeLN	0.12213	-0.520386	-0.82183	-0.771990
BeW					BeW	0.12192	-0.456243		
BeD					BeD				
ECL	-0.29382	-0.01484	0.84557	0.099794	ECL	-0.25389	-0.381194		
Colorimétricos					Colorimétricos				
Br	1.11143	0.07388	1.25819	-0.489606	Br	4.31388	0.872005		
TP	-1.96573	0.12661			UBa	-4.22742	0.550827		
BP	0.54087	-0.08466			LBa	-0.25935	0.591549		
UBa					TB	0.28330	-0.658928		
LBa			0.58544	-0.070385	RF				
TB	0.00617	0.03738	-0.67297	-0.703541	LF				
RF	1.03293	-0.09612	-0.56670	0.620557	AB	0.63494	-0.809418		
LF									
Valor propio	0.53658	0.10406	19.25259	1.008723	Valor propio	0.83337	0.474144	5.90262	0.131735
Prop. Acum.	0.76997	0.91929	0.93330	0.982202	Prop. Acum.	0.57115	0.896101	0.97817	1.000000

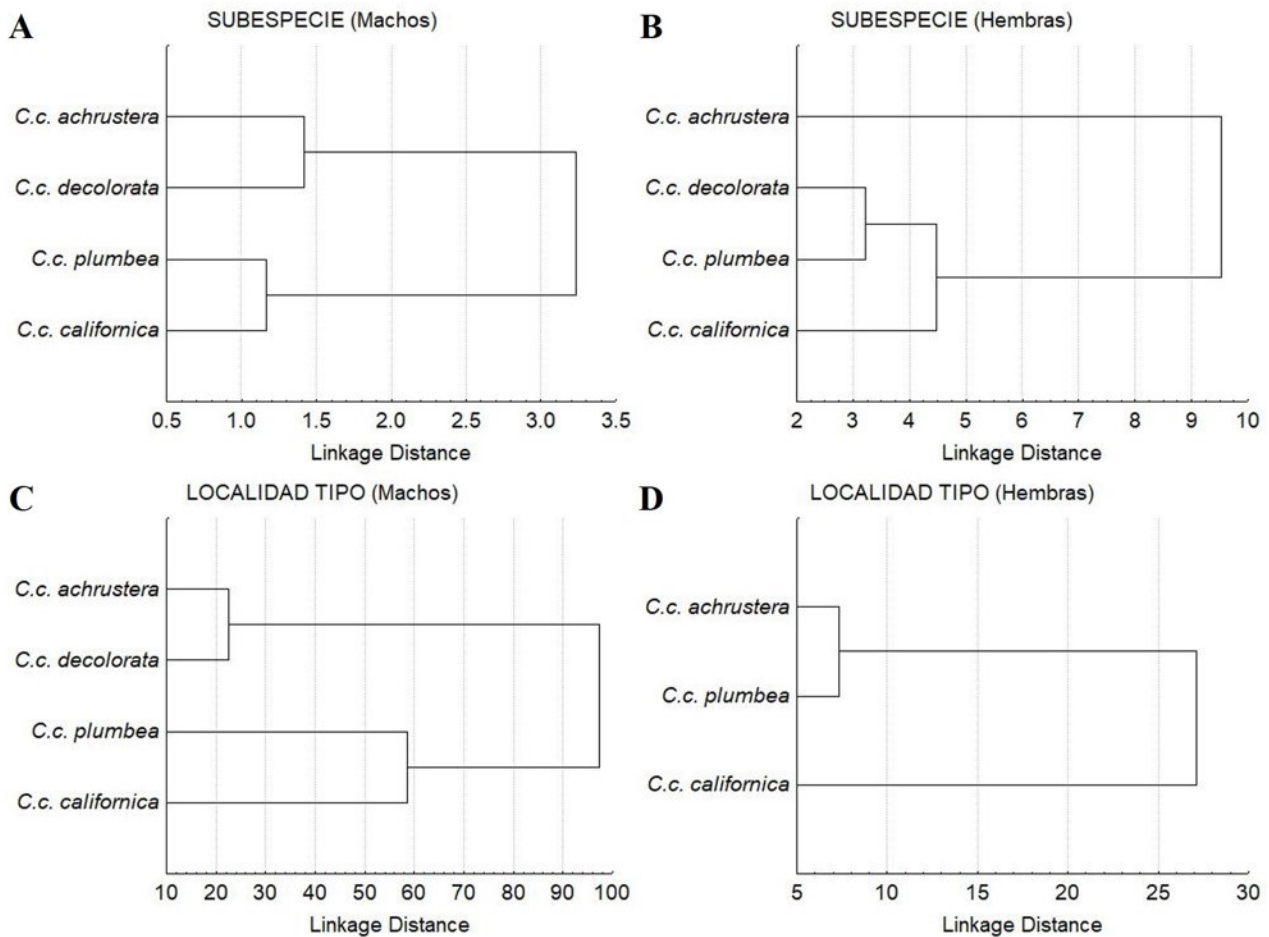


Figura 1.9. Dendrograma resultante de la Distancia cuadrática de Mahalanobis para las poblaciones de *Callipepla californica* por sexos y categorías. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo.

1.3.3.2 Comparación de subespecies por localidades tipo

En el AFD para machos, se analizaron 29 individuos pertenecientes a las localidades tipo de las subespecies *C.c. achruster* (La Paz, BCS., n = 12), *C.c. decolorata* (Bahía Concepción BCS, n = 3), *C.c. plumbea* (San Quintín, BC, n = 5), y *C.c. californica* (Monterey, California, EEUUA, n = 9). Siete variables fueron seleccionadas por el modelo de AFD (Tabla 1.5), registrando un valor global de λ de 0.02, $P < 0.0001$, mismo que denota una discriminación completa entre las poblaciones de localidades tipo comparadas. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas 1 y 2 explicaron de manera combinada el 98% de

la variación observada (Tabla 1.6). Cinco variables contribuyeron de manera significativa ($P < 0.05$) a la discriminación de machos entre las localidades tipo de las subespecies comparadas, dos de tipo morfométrico: la longitud de la mandíbula (ML, $\lambda = 0.04$) y la longitud del culmen expuesto (ECL, $\lambda = 0.03$); y tres de tipo colorimétrico: la luminosidad del pecho (Br, $\lambda = 0.06$), la luminosidad de la cola (TB, $\lambda = 0.03$) y la luminosidad del flanco derecho (RF, $\lambda = 0.03$) (Tabla 1.5). Por tanto, los machos de las localidades tipo se distinguen por la longitud de la mandíbula (ML), longitud del culmen (ECL), luminosidad del pecho (Br), luminosidad de la cola (TB) y del flanco (FR).

El porcentaje de clasificación correcta de los individuos machos por localidad tipo fue de 93%. De manera particular, el 100% de los individuos de *C.c. achrustera* fueron clasificados correctamente en la localidad tipo de La Paz, BCS, mientras que el 33% de los individuos de *C.c. decolorata* fueron clasificados correctamente en la localidad tipo de Bahía Concepción, BCS. Por su parte, el 100% de los individuos de *C.c. plumbea* fueron asignados correctamente a la localidad tipo de San Quintín, BC; y finalmente el 100% de individuos de *C.c. californica* fueron clasificados correctamente a la localidad tipo de Monterey, California, EEUU.

El dendrograma de la Figura 1.9C basado en las distancias cuadráticas de Mahalanobis (D^2), demuestra la presencia de dos grupos a un nivel de corte del 60% de distancia de enlace, el primero integrado por las subespecies *C.c. achrustera* y *C.c. decolorata* de las localidades más sureñas, La Paz, BCS y Bahía Concepción, BCS y el segundo representado por las subespecies *C.c. plumbea* y *C.c. californica* de las localidades tipo más septentrionales, San Quintín, BC y Monterey, California, EEUU. El diagrama de dispersión de las variables canónicas 1 y 2 (Figura 1.10C) permitió observar dos grupos claramente definidos, uno formado por las localidades tipo de las subespecie *C.c. achrustera* (La Paz, BCS) y *C.c. decolorata* (Bahía Concepción, BCS) y el otro formado por las localidades tipo de las subespecies *C.c. plumbea* (San Quintín, BC) y *C.c. californica* (Monterey, California, EEUU).

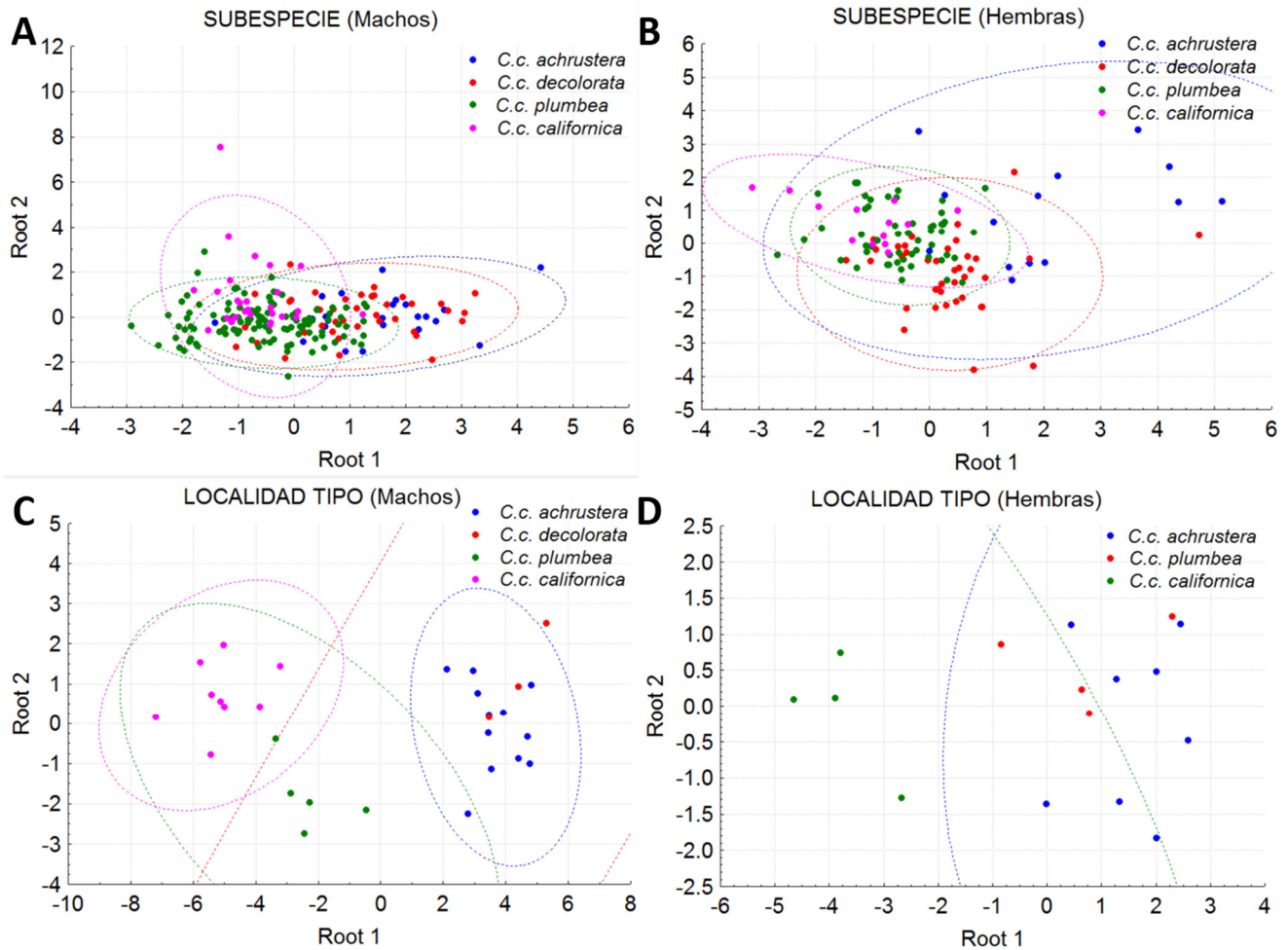


Figura 1.10. Diagrama de dispersión de centroides de las poblaciones de *Callipepla californica* analizadas por sexo y categoría. A) Machos por subespecie, B) Hembras por subespecie, C) Machos por localidad tipo y D) Hembras por localidad tipo.

El AFD para hembras incluyó sólo a 16 individuos pertenecientes a las localidades tipo de las subespecies *C.c. achrustera* (La Paz, BCS $n = 8$), *C.c. plumbea* (San Quintín, BC $n = 4$) y *C.c. californica* (Monterey, California, EEUU $n = 4$). No existieron registros de individuos hembra para la localidad tipo de la subespecie *C.c. decolorata* (Bahía Concepción, BCS). Tres variables fueron seleccionadas por el análisis discriminante (Tabla 1.5). El valor global de λ fue 0.13, $P < 0.0001$, lo que indican un alto poder de discriminación de estas variables entre las poblaciones. Las variables morfométricas que resultaron ser significativas, $P < 0.05$, fueron la longitud de la cuerda del ala (WCL, $\lambda = 0.38$), la longitud del pico desde la nostrila a la punta

(BeLN, $\lambda = 0.23$) y la longitud de la mandíbula (ML, $\lambda = 0.27$) (Tabla 1.5). En suma, las hembras de las localidades tipo se discriminan por la longitud del ala (WCL), longitud de la mandíbula (ML) y longitud del pico (BeLN).

Los coeficientes estandarizados de la variable canónica 1 explicaron el 97.8% de la variación observada (Tabla 1.6). De manera general, la clasificación correcta de los individuos hembras examinados fue 75%, siendo de 88% para *C.c. achrustera* en la localidad tipo de La Paz, 25% para *C.c. plumbea* en la localidad tipo de San Quintín, y 100% para *C.c. californica* en la localidad tipo de Monterey, California EEUUA.

En el dendrograma resultante de la distancia cuadrática de Mahalanobis (D^2) se formaron dos ramificaciones: una por la subespecie *C.c. californica* de la localidad tipo más norteña (Monterey, California, EEUUA) y la otra conformada por las subespecies *C.c. achrustera* y *C.c. plumbea* de las localidades tipo de La Paz, BCS y San Quintín, BC, respectivamente (Figura 1.9D). Por su parte, el diagrama de dispersión (Figura 1.10D) de las variables canónicas 1 y 2, permitió distinguir a los individuos de la localidad tipo de la subespecie más septentrional *C.c. californica* (Monterey, California, EEUU) de las localidades tipo peninsulares (San Quintín, BC y La Paz, BCS) de las subespecies *C.c. plumbea* y *C.c. achrustera*.

1.3.3.3 Caracteres diagnósticos para la identificación taxonómica obtenidos del AFD

Los caracteres morfológicos y colorimétricos que permitieron, con el valor de Lambda de Wilks (λ), una mayor discriminación entre las poblaciones de *C. californica*, se encontró en la categoría de localidad tipo para ambos sexos (machos, $\lambda = 0.02$ y hembras, $\lambda = 0.13$).

Una mayor longitud de la mandíbula (Figura 1.11A) y del culmen expuesto (Figura 1.11B) entre subespecies fueron registrados en los machos de las localidades tipo de *C.c. achrustera* (La Paz, BCS) y *C.c. decolorata* (Bahía Concepción, BCS), respectivamente. Se observó un patrón descendente latitudinalmente del porcentaje de luminosidad del pecho (Figura 1.11C) y del flanco derecho (Figura 1.11E), donde los machos de las localidades tipo de las subespecies más meridionales *C.c. achrustera* (La Paz, BCS) y *C.c. decolorata* (Bahía Concepción, BCS) poseen una coloración más clara que las subespecies más norteñas (Figuras 1.11C y 1.11E). No así para la luminosidad de la cola, donde el patrón latitudinal mostró que las subespecies más norteñas *C.c. plumbea* (San Quintín, BC) y *C.c. californica* (Monterey, California, EEUU) tuvieron mayor luminosidad que sus contrapartes sureñas (Figura 1.11D).

En las hembras, los resultados obtenidos mostraron que ninguna variable de color discriminó entre las localidades tipo de las subespecies. Los valores más altos de los caracteres morfométricos se observaron en las hembras de la localidad tipo de la subespecie *C.c. californica* (Monterey, California, EEUU) y *C.c. achrustera* (La Paz, BCS). La mayor longitud del pico medido desde la nostrila a la punta (Figura 1.11H) se registró en la localidad tipo de la subespecie más septentrional (*C.c. californica*), así como la longitud de la cuerda del ala (Figura 1.11F). Sin embargo, la longitud de la mandíbula (Figura 1.11G) presentó un patrón latitudinal descendiente, al igual que en los machos, donde las hembras de la localidad tipo de la subespecie más sureña, *C.c. achrustera* (La Paz, BCS) presentaron los valores más altos de longitud de la mandíbula.

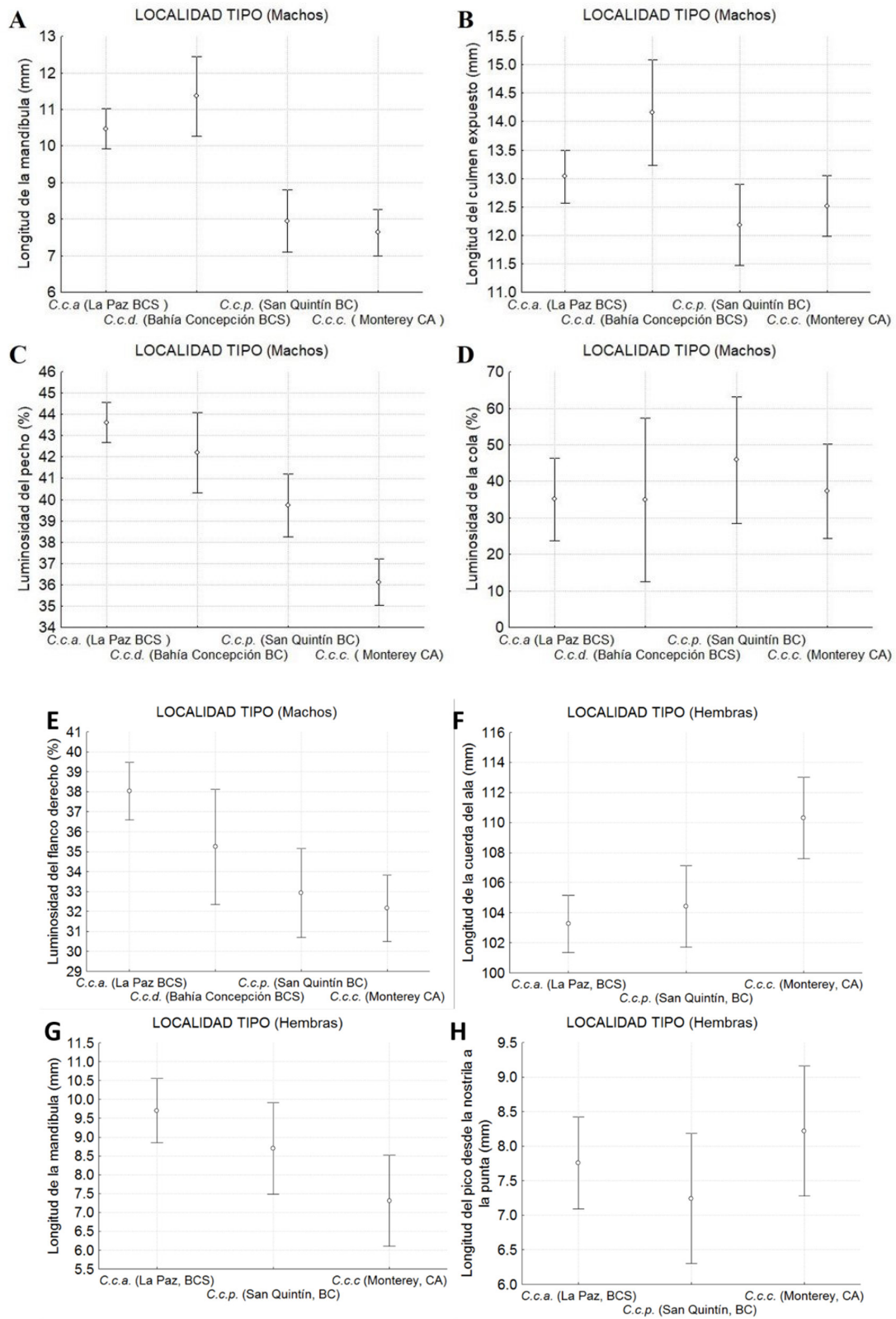


Figura 1.11. Medidas de dispersión y tendencia central (media \pm IC) de los caracteres morfométricos y cromáticos que separaron mejor las poblaciones de las localidades tipo de las subespecies *C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achruster* para los machos (A, B, C, D y E) y para las hembras (F, G y H).

1.4 DISCUSIÓN

La mayoría de las especies de aves que se distribuyen en la península de Baja California exhiben diferenciación morfológica a nivel subespecífico (Grinnell 1928). Las subespecies peninsulares se han descrito principalmente al norte y sur del Vizcaíno, especialmente en la región del Cabo (Zink y Blackwell 1997, Vázquez-Miranda 2014). De forma general, si se considera a la subespecie como una unidad evolutiva discreta y significativa para la especie. Resulta entonces necesario el estudio integrativo de la variación interpoblacional que pueda probar que las subespecies propuestas son unidades evolutivas significativas (Zink *et al.* 2016).

La presencia de variantes morfológicas de una especie a través de su distribución, ha sido durante mucho tiempo el principal criterio para la clasificación nominal a nivel subespecífico (*cf.* Baptista y Martínez-Gómez 2002, Zink *et al.* 2016). La especie *Callipepla californica* ha sido clasificada en siete subespecies nominales, cuatro de las cuales están presentes en la península de Baja California en un gradiente latitudinal que se ha diferenciado a través de su variación morfométrica y colorimétrica (Grinnell 1928, Van Rossem 1946, Leopold 1977). En aves, como en otros grupos de vertebrados, el concepto de subespecie ha generado polémica debido a que en numerosos casos las subespecies sólo representan ejemplos de variación geográfica, ya que no se cuenta con caracteres diagnósticos consistentes que permitan su discriminación. Muchas subespecies de aves fueron descritas empleando pocos especímenes. Un ejemplo de esta problemática lo constituye la perla californiana (*Polioptila californica*), catalogada como especie amenazada, donde el análisis filogeográfico, incluyendo datos morfológicos y ecológicos, no apoyaron la discriminación de

la subespecie *P.c. californica*, la cual habita zonas de matorral costero en California y Baja California (Zink *et al.* 2000, Zink *et al.* 2013, 2016).

En aves de importancia cinegética en México, son muy escasos los trabajos que abordan esta problemática taxonómica, a pesar de la importancia que implica una identificación infraespecífica adecuada para su conservación. La diferenciación de las subespecies de la paloma de ala blanca (*Zenaida asiatica*), un ave de caza que habita en Texas, Arizona y Nuevo México, está basada principalmente en su variación morfológica (Pruett *et al.* 2000). Sin embargo, al evaluar los caracteres morfométricos y genéticos de sus poblaciones, se encontró congruencia entre la variación de la región control y el tamaño corporal de las palomas, así como heterogeneidad geográfica de las áreas de distribución histórica de las cuatro subespecies reconocidas. Los resultados obtenidos apoyan el reconocimiento de sólo dos subespecies con una zona de intergradación entre ellas (Pruett *et al.* 2000).

El estudio que aquí nos ocupa que representó un análisis comparativo y extensivo, tanto morfométrico como colorimétrico, para 338 especímenes examinados de cuatro subespecies nominales de *C. californica* de la península de Baja California, hizo evidente un nivel de discriminación relativamente bajo entre ellas. Esto indica que no hay una formación aparente de unidades poblacionales discretas que apoyen la identidad taxonómica de las subespecies nominales peninsulares.

Debido a que no fue posible definir unidades de comparación en el análisis de componentes principales (ACP) congruentes con las subespecies *a priori*, los resultados del análisis de función discriminante (AFD) deben tomarse con cautela. Si bien el AFD en la categoría de localidades tipo evidenció cuantitativamente que la discriminación infraespecífica y los caracteres diagnósticos identificados son congruentes con las subespecies taxonómicas, también es necesario contar con un número mayor de datos de estas localidades, ya que los

especímenes de éstas representaron sólo el 13.31% de la totalidad de los individuos analizados. Es necesario un análisis más robusto de las localidades tipo para corroborar los resultados obtenidos. La importancia de las localidades tipo radica en que estos sitios pueden presentar ciertas particularidades que permitan el mantenimiento de rasgos fenotípicos que han sido utilizados típicamente para la descripción taxonómica de subespecies y que podrían representar sólo adaptaciones locales.

En este sentido, los resultados obtenidos del ACP y AFD muestran diferenciación fenotípica para atributos relacionados con el tamaño del pico y coloración tanto en hembras como en machos. En aves, el tamaño del pico y el color del plumaje son caracteres asociados con patrones de la variación clinal y geográfica (Thorpe 1987). En el trepador pechiblanco (*Sitta carolinensis*), el tamaño del pico muestra un patrón de variación clinal que permite distinguir poblaciones peninsulares de la Florida del resto de las poblaciones continentales (Wood 1992).

En la codorniz de California (*C. californica*) examinada en el presente trabajo existió un incremento del tamaño del pico en los especímenes recolectados al extremo sur de la península en la región del Cabo (Figuras 1.11A, 1.11B, 1.11G y 1.11H), lo que nos indica que estos caracteres podrían estar relacionados a un patrón clinal al igual que las diferencias observadas en las variables de luminosidad del plumaje (Br, TP, BP, UBa, LBa, TB, RF, LF y AB). Siendo el patrón de coloración el principal criterio para la identificación de las subespecies en *C. californica*, existe la posibilidad de que todas sus subespecies, que se distribuyen desde Canadá hasta la provincia de Los Cabos en Baja California Sur, presenten la misma dificultad de identificación taxonómica observado en este estudio, donde las variaciones de coloración sean mejor explicadas por su ajuste a la regla geoclimática de Gloger, la cual indica que las plumas tienden a tener tonos más oscuros en hábitats donde la humedad relativa es más alta

y tonos más claros donde la humedad relativa es más baja (Gloger 1883). Esta condición es debida a la proliferación de bacterias degradadoras del plumaje en hábitats con mayor porcentaje de humedad (Burt e Ichida 2004). En este sentido, las diferencias observadas entre las siete subespecies descritas de *C. californica* podrían ser explicadas por este factor causal, ya que individuos provenientes de hábitats con mayor humedad como *C.c. brunneceus* (franja costera de California) y *C.c. catalinensis* (Isla Catalina) presentan una tonalidad más oscura, mientras que organismos de hábitats más áridos son más claros, como las subespecies *C.c. canfieldae*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*, pudiendo existir individuos con tonalidades intermedias como *C.c. californica* y *C.c. plumbea*.

Existieron en el AFD diferencias en el nivel de discriminación por sexos en ambas categorías de subespecies y localidades tipo. En especies con dimorfismo sexual, como la codorniz de California, el análisis por sexo resulta necesario para una interpretación adecuada de la información obtenida. Sin embargo, la presencia de diferencias en el nivel de discriminación relacionada con el sexo, aporta nuevas interrogantes sobre aspectos de la biología, la ecología y la etología de la especie que pueden estar influyendo la permanencia o pérdida de caracteres involucrados en su identificación infraespecífica.

La diferencia en el nivel de discriminación entre sexos podría explicarse por el intercambio de individuos, principalmente machos vagabundos, durante la formación de la parvada y por el proceso de selección de pareja reproductiva. *C. californica* es una especie gregaria que presenta parvadas dinámicas en constante cambio, mismas que son mantenidas por el reclutamiento de nuevos individuos (Genelly 1955, Leopold 1977). El proceso dinámico de formación de la parvada donde existe reclutamiento de individuos foráneos, sugiere una posible discontinuidad de las características locales, debido al intercambio de aves entre

parvadas. Por otra parte, las hembras tienden a aparearse con machos de su misma parvada. Sin embargo, se ha demostrado experimentalmente que las hembras de la codorniz de California presentan preferencias activas y flexibles en la selección de pareja para rasgos ya existentes en los machos, pero también para rasgos novedosos y combinados (Calkins y Burley 2003). Esta flexibilidad en el proceso de selección de pareja sugiere que los machos reclutados recientemente tienen la posibilidad de reproducirse en una nueva parvada, promoviendo así mayor aleatoriedad en la reproducción.

Los resultados obtenidos en este estudio a través del AFD indican que los machos de la codorniz de California provenientes de las localidades tipo, son fenotípicamente distinguibles entre las subespecies norteñas y sureñas. También es posible distinguir a las hembras de la localidad tipo de la subespecie más norteña (*C.c. californica*) por la longitud del pico y del ala, y a las hembras de la subespecie más sureña (*C.c. achrustera*) por la longitud de la mandíbula. A pesar de no encontrar evidencias morfométricas ni colorimétricas suficientes que apoyen la existencia de cuatro subespecies nominales para la península de Baja California distribuidas latitudinalmente, no podemos descartar la existencia de al menos dos subespecies, ya que al igual que en un patrón de mosaico, los caracteres diagnósticos encontrados a través del AFD en las localidades tipo, pueden estar presentes de forma aleatoria en la península de Baja California.

En relación a lo antes mencionado, los caracteres diagnósticos de variación del tamaño del pico y coloración pueden estar distribuidos como parches o mosaicos, limitados por la capacidad de dispersión de la codorniz y por un proceso de reproducción aleatorio. La variación morfológica en mosaico se refiere a áreas geográficas habitadas por poblaciones distintivas que se distribuyen al azar a través del intervalo de distribución de la especie (Thorpe 1987).

Por otra parte, se desconoce la estructura genética de las poblaciones peninsulares de esta codorniz, por lo que no es posible descartar flujo genético restringido, debido al aislamiento por distancia geográfica. Cabe mencionar que el trabajo genético de la especie realizado por Zink *et al.* (1987) sólo incluyó tres sitios de muestreo en la península y se llevó a cabo usando aloenzimas como marcador molecular. El uso de aloenzimas para este tipo de estudios presenta problemas relacionados con la sobreestimación de la variabilidad genética por modificaciones postraduccionales de las proteínas y con la subestimación porque las secuencias de aminoácidos no reflejan la variabilidad de los codones, debido a la degeneración del código genético. Por tanto, es necesario realizar un estudio de variabilidad genética con marcadores moleculares adecuados para las poblaciones peninsulares.

Se sugiere considerar que en los futuros trabajos con poblaciones de aves terrestres, un muestreo adecuado de los especímenes y de su hábitat en las localidades tipo de las subespecies, ya que podrían tener información biológica y ecológica que pudiera estar asociada con la conservación o pérdida de caracteres fenotípicos característicos de las subespecies. Es recomendable que instituciones como SEMARNAT y CONABIO promuevan estudios sobre la biología y ecología de la codorniz de California, debido a que se desconoce el estatus actual de sus poblaciones en la península de Baja California. A pesar de ser una especie con manejo cinegético en la región, no se cuenta con información ecológica local. Por otra parte, las recomendaciones para su manejo y conservación provienen de una gran cantidad de estudios realizados hace ya varias décadas en poblaciones de California, por lo que es apremiante contar con información adecuada para su manejo y conservación.

La comparación fenotípica de las poblaciones peninsulares de *C. californica* para determinar caracteres diagnósticos para la identificación taxonómica infraespecífica reveló un

posible patrón de variación geográfica en mosaico que obstaculiza la identificación taxonómica a nivel de subespecie, por lo que es recomendable que para asignar un individuo a una subespecie no sólo se considere la distribución latitudinal del mismo, sino que se ponga especial atención a la diferenciación en la tonalidad del plumaje y el tamaño del pico, así como de las características ambientales del sitio como temperatura y humedad, todo ello para identificar posibles variaciones debidas a las condiciones microclimáticas. De otra forma, no es recomendable la identificación taxonómica infraespecífica para esta especie en la península de Baja California.

CAPITULO 2: Comparación fenotípica y biogeografía de *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae) de la Península de Baja California, México.

2.1. MATERIALES Y MÉTODOS

El análisis comparativo de las características morfométricas y cromáticas de *Callipepla californica* a distintas escalas biogeográficas, se llevo acabo de acuerdo a la metodología descrita en el primer capítulo con respecto al muestreo, toma de datos morfométricos y colorimétricos y el análisis estadístico a través del Analisis de Función Discriminante. Ver apartados 1.2.1, 1.2.2 y 1.2.3.2 del primer capítulo.

2.1.1. Organización de los datos en categorías biogeográficas

El análisis de los especímenes a nivel geográfico se realizó asignando a cada individuo en las siguientes categorías: Región Climática, Ecorregión y Zona de Transición con base en la información del sitio de recolecta. La delimitación de estas categorías de análisis se llevó a cabo tomando en cuenta la ubicación geográfica (latitud, longitud y altitud), clima y vegetación predominante con base en los trabajos de Howell 2001 y González-Abraham *et al.* 2010 (Figura 2.1, Tabla 2.1, Apéndices 3.1, 3.2 y 3.3). La escala biogeográfica con menor resolución divide de forma general a la península en tres grandes regiones; mediterránea, desértica y tropical (Gonzalez-Abraham *et al.* 2010). Las ecorregiones incluyeron la división de la península en cinco áreas terrestres de importancia para la avifauna reproductiva de la península (Howell 2001). Las seis zonas de transición presentan fronteras entre las ecorregiones que pueden operar a nivel micro-geográfico (Gonzalez-Abraham *et al.* 2010).

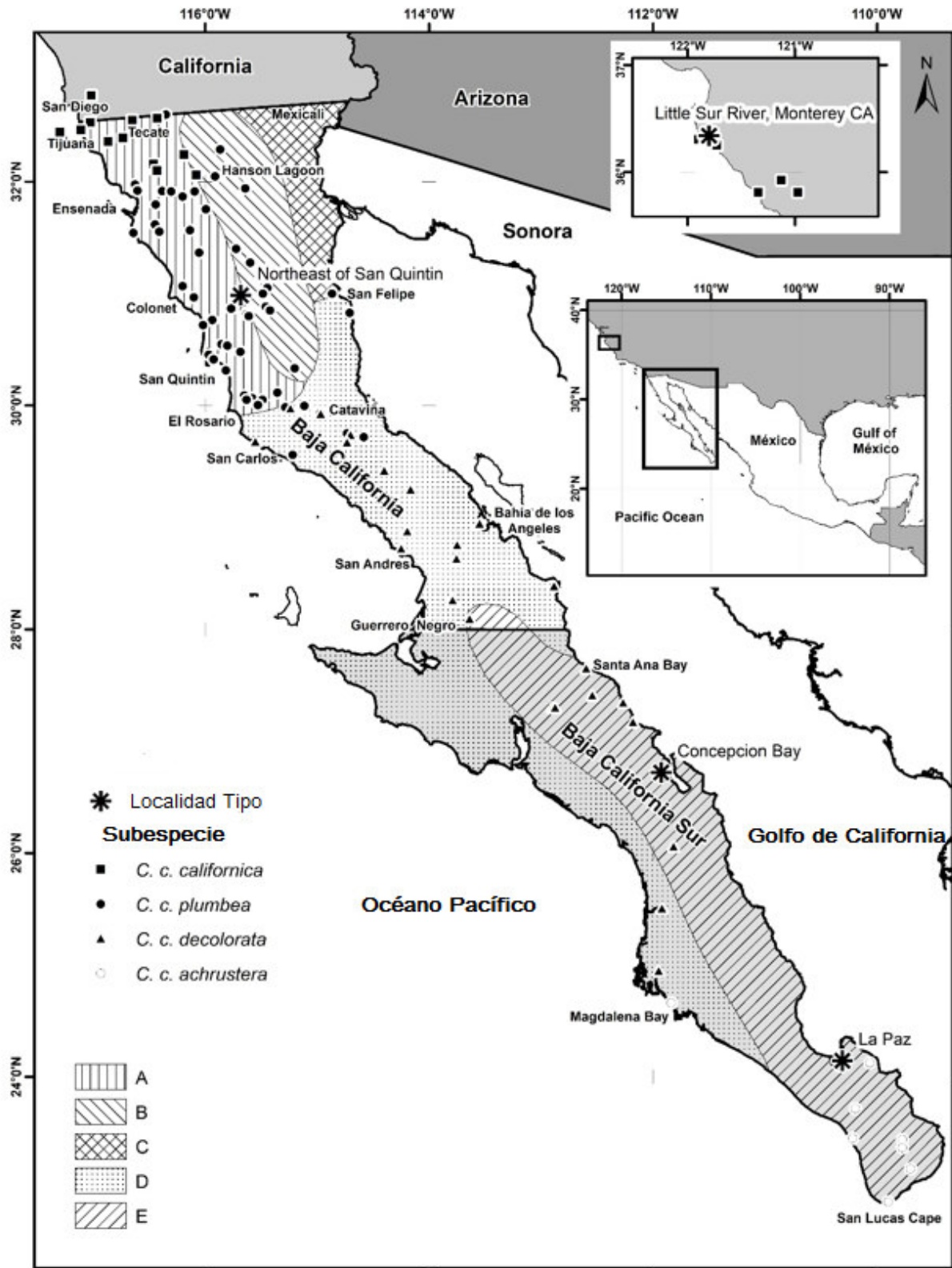


Figura 2.1 Sitios de muestreo de las subespecies *Callipepla californica californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustrera* en la Península de Baja California, México y de la localidad tipo de la subespecie *C.c. californica* en Monterey California, Estados Unidos de América. Los números corresponden a los sitios detallados en el apéndice 1. Los mapas con mayor resolución pueden consultarse en los apéndices 3.1, 3.2 y 3.3.

Tabla 2.1 Criterios para la clasificación de especímenes en las categorías de análisis de Región Climática, Ecorregión y Zona de Transición.

	REGIONES CLIMÁTICAS	CRITERIOS DE CLASIFICACIÓN GEOGRÁFICA USADOS
1	Mediterránea	Clima templado en el noroeste influido por una cadena montañosa. Incluye ecorregiones A y B.
2	Desértica	Región transicional entre climas templado y tropical, y una cadena montañosa intermitente orientada este-oeste. Se incluyen ecorregiones C, D y E.
3	Tropical	Clima tropical al extremo sur de la Península, desde Cabos a 24°N alrededor de La Paz y algunos lugares de la ecorregión E.
	ECORREGIONES	
A	Pendiente Costera del Noroeste	Matorral costero a lo largo de la costa Pacífico, desde la frontera con EUA a 30°N (Tijuana / El Rosario). Altitud desde 0 a 600 m.s.n.m.
B	Sierras Norteñas	Sierra de San Pedro Martir (SSPM) y Sierra Juarez (SJ), desde la base (Chaparral 600 m a 1800 m) a bosque de coníferas (2300 m).
C	Valle de Mexicali	Desde el límite con B en el oeste, hasta la costa del Golfo de California, al sur hasta la proximidad con San Felipe.
D	Desierto del Vizcaíno	Se divide en: Desierto central (30°-28°N)*, Desierto del Vizcaíno (29°-26°N)** y Planicies de Magdalena (26° 15'N-23°26'N-110° 13'O)***.
E	Distrito del Cabo	Desde el norte de San Ignacio y Sierra de San Francisco, adjacente al borde de los montes y hasta el extremo sur de la Península.
	ZONAS DE TRANSICIÓN	
a	Mediterránea-Desértica	Alrededor de El Rosario 30°08'N, concordando con el matorral costero rosetófilo, a Punta San Carlos 29°40'N
b	Subregionalización Mediterránea	Martirenses: Entre Punta Banda 31°40'N a San Quintín (SQ) 30°30'N, y entre SQ 30°30'N y El Rosario 30°08'N.
c	Transición entre Desiertos Costeros	Desierto de San Felipe. Del sur de SSPM a la costa de Bahía de Los Angeles, alrededor de 350 m de altitud.
d	Centro Peninsular	Fauna tropical y no-tropical en latitudes 28-27 °N en y alrededor de San Ignacio.
e	Sierra de la Giganta	De 27°30'N a 24°45'N y aproximadamente 500 m de altitud.
f	Desierto-Tropical	Se localiza en el Istmo de La Paz.

* De los alrededores de San Felipe 31°N a la Sierra de San Francisco aprox. 28°N y desde la costa Pacífico al Golfo de California. ** Líneas bajo 100 m a lo largo de la pendiente Pacífico, de la costa a Sierra de la Giganta. *** Tierras bajas de la Bahía San Juanico (26 °15'N) a Todos Santos (23 ° 26'N).

2.2. RESULTADOS

Los valores promedio de las medidas morfométricas y colorimétricas obtenidos para este análisis se encuentran en los apéndices 4 y 5.

2.2.1. Análisis de Función Discriminante

Regiones climáticas (Machos): El análisis de función discriminante aplicado a 190 machos clasificados en tres regiones climáticas (Mediterránea $n= 111$, Desértica $n= 57$, y Tropical $n= 22$) dentro de la península de Baja California, seleccionó 12 variables en el análisis (Tabla 2.2). El valor general del λ fue de 0.55, lo que indica que la discriminación observada fue baja entre los grupos comparados. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas (roots) 1 y 2 explicaron de manera respectiva el 83% y 17% de la variación total encontrada (Tabla 2.3). Siete variables discriminaron entre los grupos: longitud de la mandíbula (ML, $\lambda = 0.58$), longitud del pico de la nostrila a la punta (BeLN, $\lambda = 0.60$), longitud del culmen expuesto (ECL, $\lambda=0.58$), luminosidad del pecho (Br, $\lambda = 0.57$), del parche amarillo (TP, $\lambda = 0.58$), del parche café (BP, $\lambda = 0.57$) y del flanco derecho (RF, $\lambda = 0.57$) (Tabla 2.2). La clasificación predictiva general de los grupos fue de 74.21%. Por región fue de 88.28% para la región Mediterránea, de 66.66% para la Desértica y de 22.72% para la Tropical. El diagrama de árbol obtenido de la distancia D^2 mostró la formación de dos grupos al nivel de corte del 60%, uno de ellos formado por las regiones Tropical y Desértica, y el otro por la región Mediterránea (Figura 2.2A). El diagrama de dispersión de las variables canónicas 1 y 2 para las regiones no muestra la formación de grupos claramente definidos (Figura 2.3A).

Tabla 2.2. Valores de Lambda de Wilks, nivel de *P* y tolerancia para las nueve variables morfométricas y nueve variables colorimétricas seleccionadas para el Análisis de Función Discriminante de poblaciones de *Callipepla californica* por categorías biogeográficas y por sexo en la península de Baja California y California, EEUUA: 1) Machos (n=190) y hembras por región (n=111). 2) Machos (n=190) y hembras por ecorregión (n=111). 3) Machos (n=80) y hembras (n= 53) por zona de transición. Valores significativos en negritas.

REGION	Lambda de Wilks	Lambda Parcial	Valor de F	Nivel de P	Tolerancia	Lambda de Wilks	Lambda Parcial	Valor de F	Nivel de P	Tolerancia
Sexo	Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras
Morfométricos										
WCL						0.291187	0.992410	0.355643	0.701672	0.846838
TiL						0.299767	0.964002	1.736417	0.181812	0.829446
TrL	0.557636	0.984466	1.388522	0.252163	0.876826	0.296902	0.973304	1.275392	0.284161	0.795251
MTo	0.555613	0.988052	1.064148	0.347231	0.931347	0.308989	0.935232	3.220335	0.044435	0.718437
ML	0.583022	0.941602	5.457734	0.005016	0.550337	0.295158	0.979058	0.994655	0.373751	0.804471
BeLN	0.606480	0.905181	9.218098	0.000156	0.696019	0.316547	0.912901	4.436498	0.014445	0.834554
BeW						0.301885	0.957239	2.077221	0.131052	0.640036
BeD						0.295537	0.977802	1.055625	0.352106	0.707367
ECL	0.582067	0.943147	50.304658	0.005794	0.676641	0.308199	0.937628	3.093223	0.050052	0.678723
Colorimétricos										
Br	0.568454	0.965732	3.122578	0.046493	0.044200	0.345150	0.837248	9.039083	0.000259	0.528389
TP	0.581731	0.943692	5.250790	0.006096	0.037824					
BP	0.570206	0.962766	3.403354	0.035466	0.060588					
UBa	0.555395	0.988439	1.029278	0.347231	0.931347	0.308138	0.937814	3.083395	0.050516	0.317685
LBa						0.289393	0.998560	0.067079	0.935167	0.312664
TB	0.566207	0.969565	2.762400	0.065879	0.203954	0.293726	0.983829	0.764306	0.468559	0.288025
RF	0.570473	0.962314	3.446197	0.034033	0.037864	0.295961	0.976401	1.123885	0.329388	0.879278
LF	0.557205	0.985229	1.319338	0.269943	0.103061	0.290112	0.996087	0.182655	0.833354	0.454655
AB						0.306023	0.944296	2.743035	0.069587	0.852716
ECORREGIÓN	Lambda de Wilks	Lambda Parcial	Valor de F	Nivel de P	Tolerancia	Lambda de Wilks	Lambda Parcial	Valor de F	Nivel de P	Tolerancia
Sexo	Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras
Morfométricos										
TiL	0.605614	0.946921	3.38195	0.019447	0.909865					
MTo	0.583286	0.983169	1.03283	0.379344	0.992138					
ML	0.612452	0.936948	4.10139	0.007603	0.571572					
BeLN	0.677803	0.846069	10.97682	0.000001	0.747986	0.378769	0.962912	1.296727	0.279739	0.951897
BeW						0.395917	0.921206	2.879624	0.039665	0.915350
ECL	0.612687	0.935989	4.12611	0.007362	0.699273					
Colorimétricos										
Br						0.401094	0.909315	3.357533	0.021804	0.642334
UBa						0.406179	0.897933	3.826870	0.012128	0.952036
LBa						0.384385	0.948842	1.815167	0.149180	0.827876
RF						0.380321	0.958982	1.440021	0.235604	0.896597
LF	0.742989	0.771839	17.83491	0.000000	0.614123					
AB						0.395858	0.921343	2.874206	0.039935	0.952036

Tabla 2.2. (Continuación). Valores de Lambda de Wilks, nivel de *P* y tolerancia para las nueve variables morfométricas y nueve variables colorimétricas seleccionadas para el Análisis de Función Discriminante de poblaciones de *Callipepla californica* por categorías biogeográficas y por sexo en la península de Baja California y California, EEUUA: 1) Machos (n=190) y hembras por región (n=111). 2) Machos (n=190) y hembras por ecorregión (n=111). 3) Machos (n=80) y hembras (n=53) por zona de transición. Valores significativos en negritas.

ZONA DE TRANSICIÓN	Lambda de Wilks		Lambda Parcial		Valor de F		Nivel de P		Tolerancia	
	Sexo	Machos	Machos	Machos	Machos	Machos	Hembras	Hembras	Hembras	Hembras
Morfométricos										
WCL		0.200016	0.936706	1.441511	0.238966	0.819425				
TiL		0.213958	0.875667	3.029050	0.035711	0.599774	0.088051	0.921098	1.085045	0.367088
TrL							0.095023	0.853513	2.173962	0.107018
MTo		0.203272	0.921699	1.812319	0.153815	0.891118	0.114245	0.709906	5.176069	0.004255
ML		0.223800	0.837156	4.149783	0.009470	0.45191	0.096122	0.843752	2.345637	0.088142
BeLN		0.261071	0.717642	8.393639	0.000087	0.352749	0.091224	0.889053	1.580698	0.209955
BeW		0.199491	0.939168	1.381795	0.256362	0.424137	0.087866	0.923029	1.056267	0.379013
BeD		0.196168	0.955076	1.003461	0.397135	0.618483	0.095500	0.849245	2.248543	0.098357
ECL							0.117894	0.687936	5.745909	0.002416
Colorimétricos										
Br							0.101480	0.799203	3.182466	0.034698
TP		0.196961	0.951234	1.093671	0.358302	0.060902				
BP		0.224987	0.832742	4.284861	0.008087	0.107487				
UBa		0.206963	0.905261	2.232625	0.092908	0.087086	0.097822	0.829093	2.611071	0.065401
LBa		0.225209	0.831921	4.310125	0.007852	0.135852	0.088276	0.918746	1.120239	0.352975
RF		0.271272	0.690658	9.555104	0.000027	0.013736				
LF		0.218129	0.858923	3.503965	0.020276	0.066662				
AB							0.101254	0.800987	3.147159	0.036070

Machos por región: 12 pasos, variables en el modelo: 12, Lambda de Wilks: 0.54897, F (24,352)=5.1283, P < 0.0001. Hembras por región: 16 pasos, variables en el modelo: 16, Lambda de Wilks: 0.28898, F (32,186)=5.0001, P < 0.0001. Machos por ecorregión: 6 pasos, variables en el modelo: 6, Lambda de Wilks: 0.57347, F (18,512)=6.1847, P < 0.0001. Hembras por ecorregión: 7 pasos, variables en el modelo: 7, Lambda de Wilks: 0.36472, F (21,290)=5.8232, P < 0.0001. Machos por zona de transición: 13 pasos, variables en el modelo: 13, Lambda de Wilks: 0.18736, F (39,190)=3.7099 P < 0.0001. Hembras por zona de transición: 12 pasos, variables en el modelo: 12, Lambda de Wilks: 0.08110, F (36,113)=4.2066, P < 0.0001.

Tabla 2.3. Coeficientes estandarizados para variables canónicas, resultado del análisis de función discriminante para datos morfométricos y colorimétricos de *Callipepla californica*, agrupaciones por sexo y categoría biogeográfica en la península de Baja California, México y California, EEUUA.

MACHOS	REGIÓN	REGIÓN	ECORREGIÓN	ECORREGIÓN	ZONA DE TRANSICIÓN	ZONA DE TRANSICIÓN
VARIABLE	Raíz 1	Raíz 2	Raíz 1	Raíz 2	Raíz 1	Raíz 2
Morfométricos						
WCL					-0.30069	-0.24315
TiL			0.015173	0.690455	-0.23565	-0.14540
TrL	-0.20777	-0.10452				
MTo	0.11107	-0.26988	-0.193764	0.102720	0.32969	0.15308
ML	0.47894	-0.14210	-0.560196	-0.128971	0.67551	0.30624
BeLN	0.59675	0.03360	-0.616675	0.803184	0.54166	-0.68320
BeW					0.24510	-0.51656
BeD					-0.00370	-0.10350
ECL	0.46852	-0.03369	-0.442589	-0.455252		
Colorimétricos						
Br	0.31608	2.57225				
TP	1.73383	1.74630			0.56236	-1.18189
BP	-0.71036	-1.94556	0.92859	1.61096	0.92859	1.61096
UBa	-0.69954	-0.85212			0.82635	1.32644
LBa					1.00641	0.99869
TB	0.09460	1.14402				
RF	-1.09280	-2.19931			-5.60909	-3.28631
LF	-0.60754	-0.14210	1.32470	0.165955	1.49883	1.44385
Valor Propio	0.61864	0.12537	0.528115	0.127474	1.37179	0.64204
Prop. Acum.	0.83149	1.00000	0.790947	0.981862	0.57534	0.84462
HEMBRAS	REGIÓN	REGIÓN	ECORREGIÓN	ECORREGIÓN	ZONA DE TRANSICIÓN	ZONA DE TRANSICIÓN
VARIABLE	Raíz 1	Raíz 2	Raíz 1	Raíz 2	Raíz 1	Raíz 2
Morfométricos						
WCL	0.087882	-0.120118				
TiL	0.254642	-0.135802			-0.237169	-0.271446
TrL	-0.192517	0.196958			0.395876	0.094404
MTo	-0.066066	-0.531506			-0.690972	-0.550992
ML	-1.188607	-0.131476			-0.631277	-0.102324
BeLN	0.114899	0.558306	0.248580	-0.125333	-0.230146	0.407305
BeW	0.307695	0.195004	0.356256	-0.130867	-0.212515	0.308765
BeD	0.089694	0.293440			0.371372	0.284891
ECL	-0.241855	0.432089			0.553616	0.679846
Colorimétricos						
Br	0.508059	-0.713788	0.467594	-0.420435	-0.636228	-0.285665
UBa	0.461711	0.212289	0.529188	0.769427	-0.762404	-0.002250
LBa	0.021402	0.481379	-0.304161	0.004377	0.345353	0.175844
TB	-0.289785	-0.118305				
RF	-0.212873	0.153896	-0.189084	-0.848400		
LF	0.103211	-0.040418				
AB	0.297259	0.212289	0.360330	-0.237089	-0.497638	0.234837
Valor Propio	1.387227	0.449586	1.625813	0.033772	3.325696	1.178169
Prop. Acum.	0.755236	1.000000	0.973143	0.993970	0.691056	0.935871

Regiones climáticas (Hembras): Se examinaron 111 hembras que fueron clasificadas en tres regiones; Mediterránea n=57, Desértica n=44 y Tropical n=10. Dieciséis variables (nueve morfométricas y siete colorimétricas) ingresaron en el análisis de función discriminante (Tabla 2.2). El valor general λ fue de 0.28898, $P < 0.0001$; por lo que las hembras mostraron

una mejor discriminación entre las regiones que los machos. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas (roots) 1 y 2 explicaron el 75% y 25% de la variación total observada, respectivamente (Tabla 2.3). Tres variables discriminaron entre los grupos y fueron: longitud del dedo medio (MTo, $\lambda = 0.31$), longitud del pico de la nostrila a la punta (BeLN, $\lambda = 0.32$) y la luminosidad del pecho (Br, $\lambda = 35\%$) (Tabla 2.2). El porcentaje de clasificación correcta general fue 81.98%, siendo de 89.47% para la región Mediterránea, 77.27% para la Desértica y 60% para la Tropical. Dos grupos fueron formados al nivel de corte 60% para el diagrama de árbol de D^2 ; uno estos grupos estuvo compuesto por las regiones Mediterránea y Desértica, y el otro por la región Tropical (Figura 2.2B). El diagrama de dispersión en las hembras muestra dos grupos más o menos definidos y congruentes con las regiones climáticas mediterránea, desértica y tropical, mismos que fueron consistentes con los obtenidos a través de D^2 (Figura 2.3B). En los machos no fue posible distinguir grupos claramente. Esto indica una diferencia en el nivel de discriminación por sexos; siendo mayor en hembras $\lambda = 0.29$ que en machos $\lambda = 0.50$.

El análisis mostró que al menos dos variables morfométricas y una variable colorimétrica distinguen a las hembras de *C. californica* entre regiones climáticas. Las hembras de la región tropical presentan una mayor longitud del dedo medio (25.53 mm; Figura 2.4A) y un porcentaje más alto de luminosidad en el pecho (54%; Figura 2.4C) que las hembras de la región desértica y mediterránea. Mientras que las hembras de la región desértica se distinguen de otras regiones por una mayor longitud del pico medido de la nostrila a la punta (8.09 mm; Figura 2.4B). Por último, las hembras de la región mediterránea se caracterizan por un menor porcentaje de luminosidad del pecho (40%; Figura 2.4C) y menor longitud del dedo medio (25.47mm; Figura 2.4A) en comparación con las hembras de otras regiones.

Ecorregiones (Machos): Se analizaron 190 machos categorizados en cuatro ecorregiones: Pendiente Costera del Noroeste (n=54), Sierras Norteñas (n=57), Desierto del Vizcaíno (n=35) y Distrito del Cabo (n=44), donde seis variables integraron el análisis de función discriminante (Tabla 2.2). El valor general del λ fue de 0.57, $P < 0.0001$; al igual que las regiones se observó una baja discriminación entre las poblaciones. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas (roots) 1 y 2 explicaron el 79% y 19% de la variación total observada, respectivamente (Tabla 2.3). Cinco variables discriminaron entre ecorregiones: longitud del pico de la nostrila a la punta (BeLN, $\lambda = 0.68$), longitud de la mandíbula (LM, $\lambda = 0.61$), longitud del culmen expuesto (ECL, $\lambda=0.61$), longitud de la cola (WCL, $\lambda = 0.60$) y luminosidad del flanco izquierdo (LF, $\lambda = 0.74$) (Tabla 2.2). El porcentaje de clasificación correcta de manera general fue de 51%, siendo 44% para las ecorregiones Pendiente Costera del Noroeste, 56% para las Sierras Norteñas, 43% para el Desierto del Vizcaíno y 59% para el Distrito del Cabo. Usando D^2 se obtuvo un diagrama de árbol donde se pueden identificar dos grupos, uno de ellos integrado por las regiones norteñas (Pendiente Costera del Noroeste y Sierras Norteñas) y el otro integrado por las ecorregiones del Desierto del Vizcaíno y Distrito del Cabo (Figura 2.2C). El diagrama de dispersión de las variables canónicas 1 y 2 para las ecorregiones no muestra la formación de grupos claramente definidos (Figura 2.3C).

Ecorregiones (Hembras): El análisis de función discriminante fue aplicado a 111 hembras que fueron categorizadas de la siguiente manera: Pendiente Costera del Noroeste (n= 30), Sierras Norteñas (n= 27), Desierto del Vizcaíno (n= 26) y Distrito del Cabo (n= 28), e incluyó siete variables (Tabla 2.2). El valor general λ fue de 0.36, lo que indica una mejor discriminación entre grupos, $P < 0.0001$, comparado con los machos. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas (roots) 1 y 2 explicaron de modo respectivo el 97% y 2% de la variación

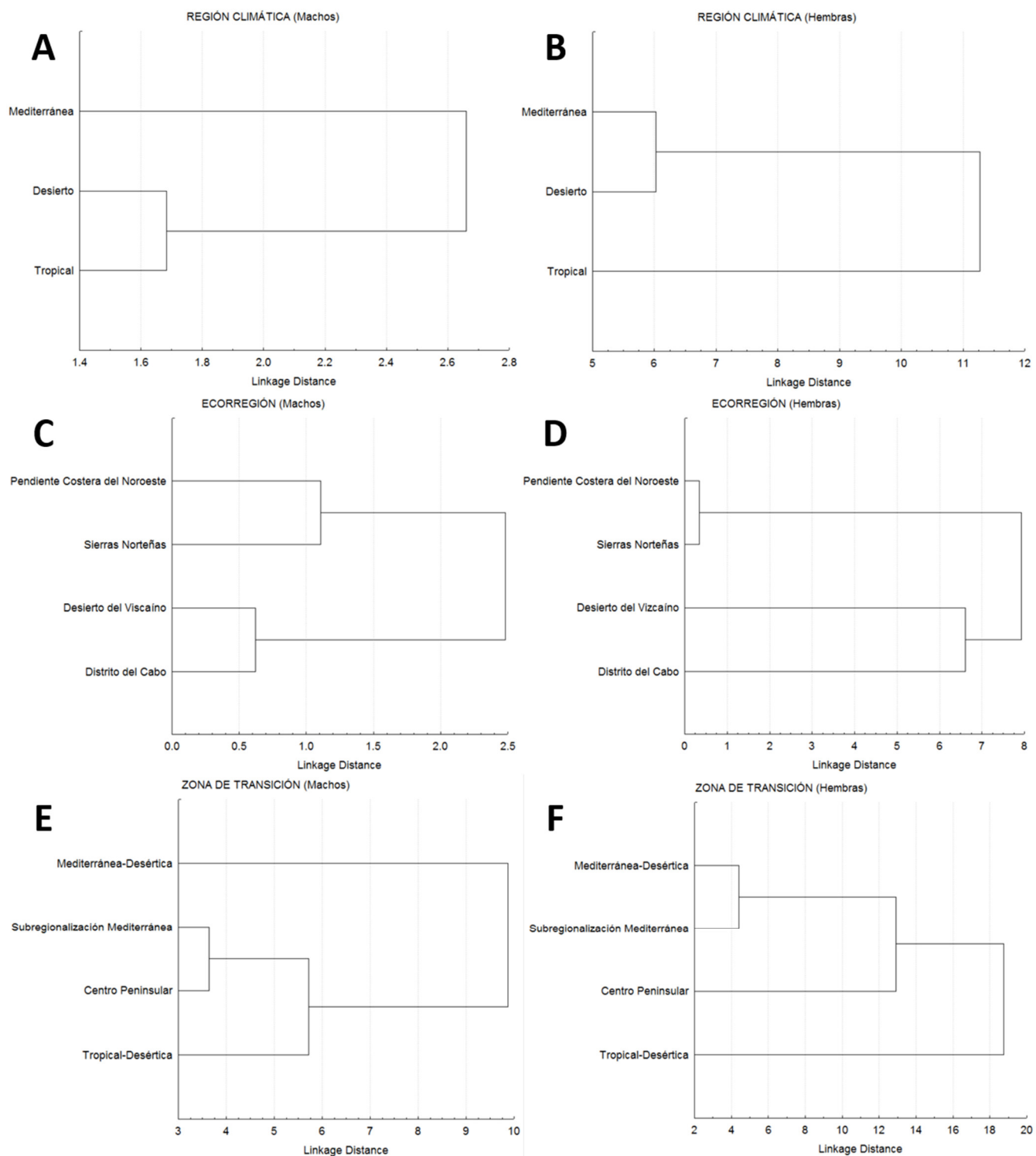


Figura 2.2. Dendrograma resultante de la distancia cuadrática de Malahanobis para las poblaciones de *Callipepla californica* por sexos y categoría: Región Climática, Ecorregión y Zona de Transición. A) Machos por región, B) Hembras por región; C) Machos por ecorregión, y D) Hembras por ecorregión; E) Machos por zona de transición y F) Hembras por zona de transición.

total (Tabla 2.3). Cuatro variables discriminaron entre grupos: ancho del pico (BeW, $\lambda = 0.40$), luminosidad del pecho (Br, $\lambda = 0.40$), de la espalda alta (UBa, $\lambda = 0.41$) y del abdomen (AB, $\lambda = 0.40$) (Tabla 2.2). La matriz de clasificación general fue de 52%, para la ecorregión de la Pendiente Costera del Noroeste fue de 57%, Sierras Norteñas de 33%, Desierto del Vizcaíno de 38% y Distrito del Cabo de 78%. En diagrama de árbol D^2 se observan tres grupos: uno conformado por las ecorregiones más norteñas, que son Pendiente Costera del Noroeste y Sierras Norteñas, y separado de la ecorregión del Desierto del Vizcaíno y la de Distrito del Cabo, respectivamente (Figura 2.2D). En el diagrama de dispersión para las variables canónicas no fue posible diferenciar grupos definidos para las poblaciones analizadas (Figura 2.3D).

Zonas de Transición (Machos): El análisis de función discriminante se aplicó a 80 individuos agrupados en cuatro zonas de transición: Mediterránea-Desértica ($n = 22$), Subregión Mediterránea ($n = 27$), Centro peninsular ($n = 19$), y Tropical-Desértica ($n = 12$); el análisis incluyó 13 variables (Tabla 2.2). El valor general λ fue de 0.19, $P < 0.0001$, indicando una mejor discriminación entre las zonas de transición que las categorías de región y ecorregión. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas (roots) 1 y 2 obtenidas del análisis explicaron de modo combinado el 84% de la variación total observada (Tabla 2.3). Siete variables discriminaron entre las zonas de transición: longitud del pico de la nostrila a la punta (BeLN, $\lambda = 0.26$), longitud de la mandíbula (ML, $\lambda = 0.22$), longitud de la cola (TiL, $\lambda = 0.21$) y luminosidad del parche café (BP, $\lambda = 0.22$), de la espalda baja (LBa, $\lambda = 0.23$) y de los flancos derecho (RF, $\lambda = 0.27$) e izquierdo (LF, $\lambda = 0.22$) (Tabla 2.2). Los machos se distinguen en las Zonas de Transición por la longitud de la cola (TiL), longitud pico (BeLN), longitud de la mandíbula (ML), luminosidad la espalda baja (LBa), luminosidad de los flancos (RF y LF) y del parche café (BP).

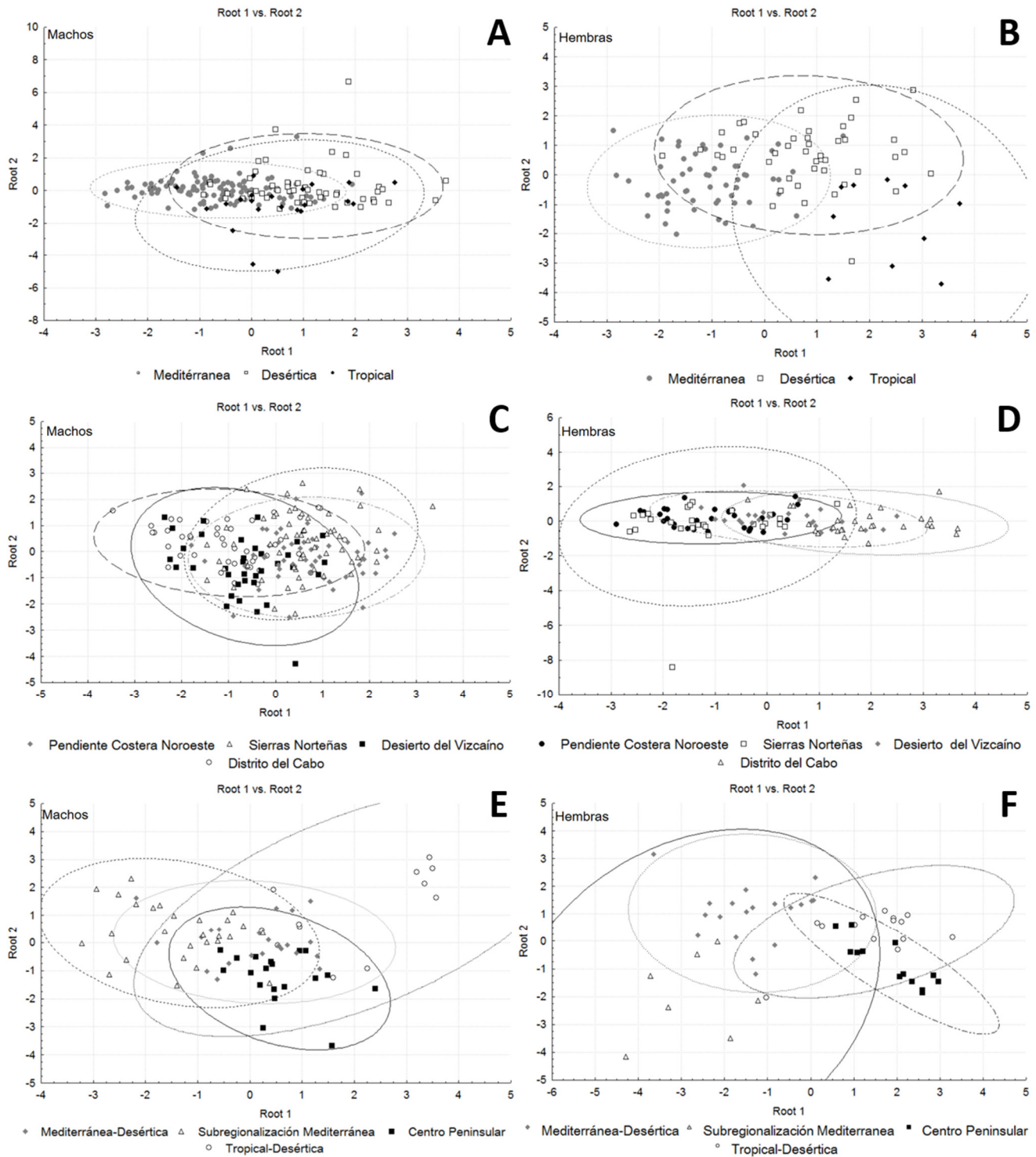


Figura 2.3. Diagrama de dispersión de centroides de las poblaciones de *Callipepla californica* analizadas por sexo y categoría: Región, Ecorregión y Zona de Transición. En todos los casos raíz (root) 1 vs raíz (root) 2, coeficientes canónicos en Tabla 2.3. A) Machos por región, B) Hembras por región; C) Machos por ecorregión, y D) Hembras por ecorregión; E) Machos por zona de transición y F) Hembras por zona de transición.

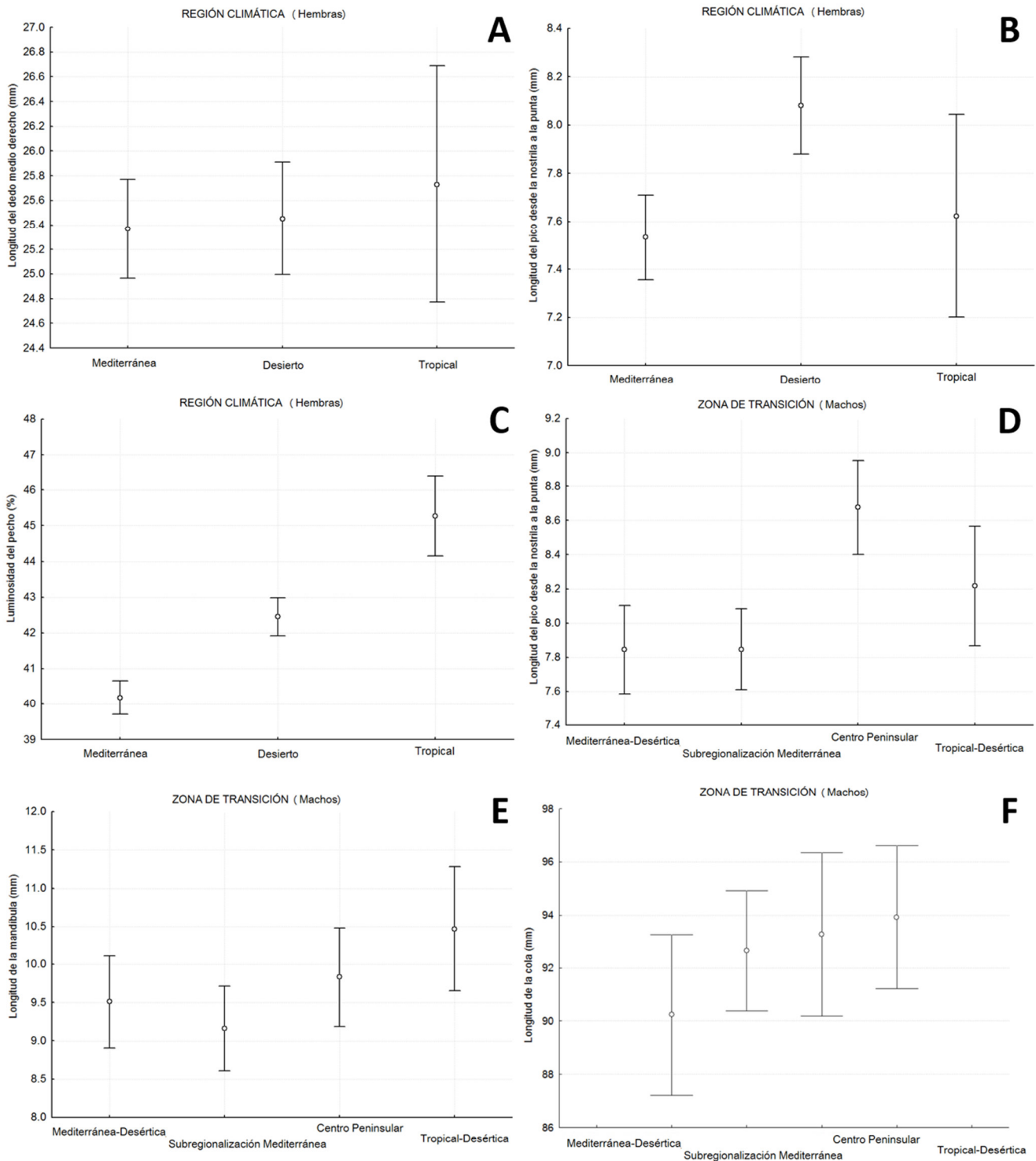


Figura 2.4. Medidas de dispersión y tendencia central (media \pm IC) de los caracteres morfométricos y cromáticos que separaron a las hembras de las Regiones Climáticas (A, B y C,) y a los machos de las Zonas de Transición (D, E, F, G, H, I y J).

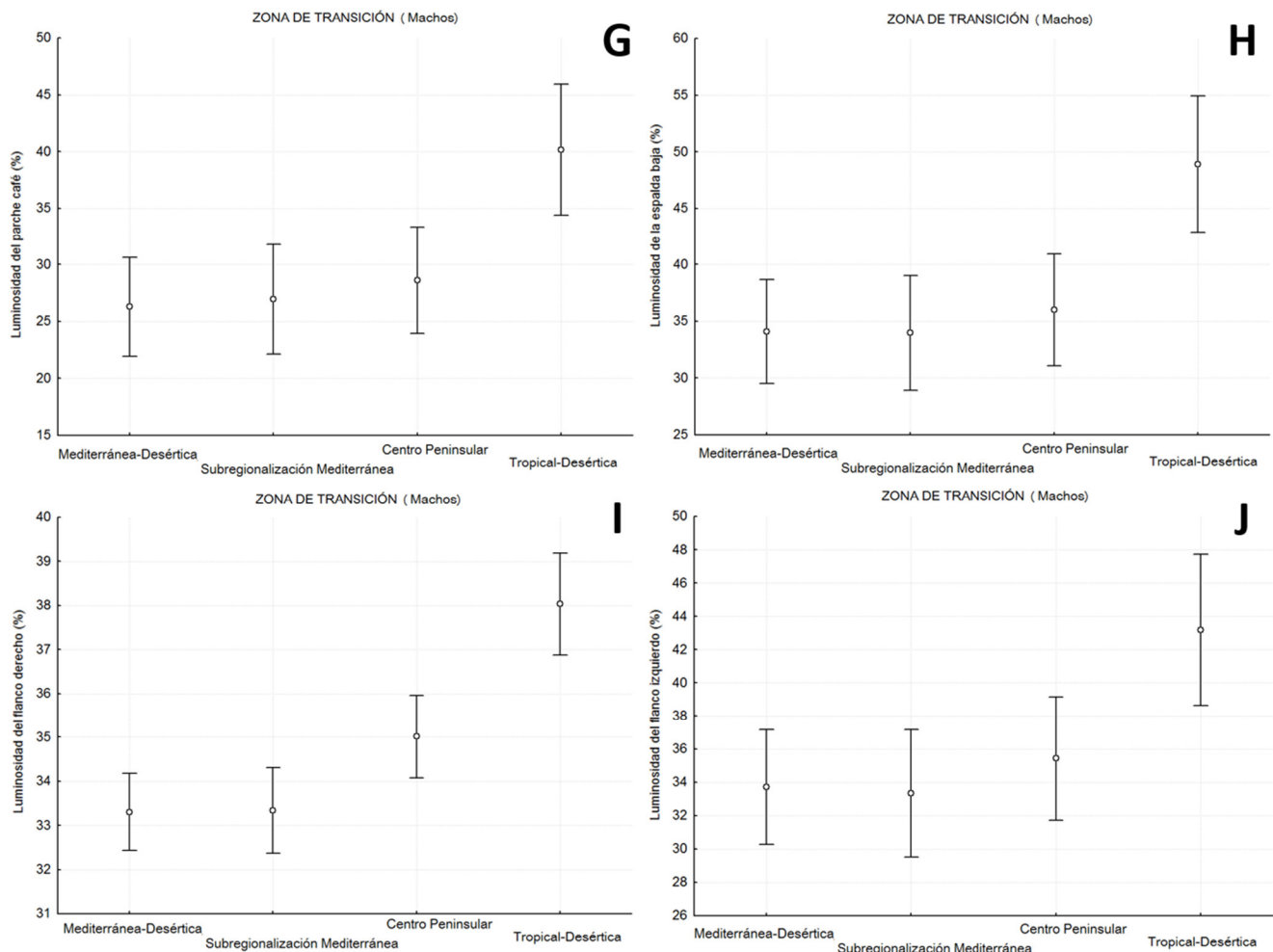


Figura 2.4. (Continuación). Medidas de dispersión y tendencia central (media \pm IC) de los caracteres morfométricos y cromáticos que separaron a las hembras de las Regiones Climáticas (A, B y C,) y a los machos de las Zonas de Transición (D, E, F, G, H, I y J).

La clasificación predictiva general de las zonas de transición fue de 74%, por zona fue Mediterránea-Desértica (73%), Subregión mediterránea (78%), Centro peninsular (89%) y Tropical-Desértica (42%). El diagrama de árbol D^2 mostró la formación de dos grupos al nivel de corte de 60%, uno de ellos formado por la zona de transición Tropical-Desértica, y separada del resto de la zonas de transición que forman el segundo grupo (Figura 2.2E). El diagrama de dispersión de las variables canónicas muestra un grupo definido que corresponde a la zona de transición Tropical-Desértica y dos grupos más o menos definidos que corresponden a la Subregionalización mediterránea y al Centro peninsular, respectivamente (Figura 2.3E).

Los machos de la Zona de Transición Tropical-Desértica se distinguieron muy claramente ($\lambda = 0.19$) de las demás zonas por tres variables morfométricas y cuatro colorimétricas. Los machos de esta Zona de Transición mostraron mayor longitud del pico medido del nostrila a la punta (8.21 mm; Figura 2.4D) y la longitud de la mandíbula (10.46 mm; Figura 2.4E), menor longitud de la cola (93.92 mm; Figura 2.4F) y mayor porcentaje de luminosidad del parche café (40%; Figura 2.4G), de la espalda baja (49%; Figura 2.4H) y de los flancos derecho (38%; Figura 2.4I) e izquierdo (43% Figura 2.4J) que el resto de las zonas de transición.

Zonas de transición (Hembras): Se analizaron 53 individuos de cuatro zonas de transición: Mediterránea-Desértica (n= 14), Subregión Mediterránea (n= 13), Centro Peninsular (n= 19), y Tropical-Desértica (n= 7); el análisis incluyó 12 variables (Tabla 2.2). El valor general λ fue de 0.08, $P < 0.0001$, lo cual indica una importante nivel de discriminación entre las zonas de transición en hembras. Los coeficientes estandarizados de las variables canónicas (roots) 1 y 2 obtenidas del análisis explicaron respectivamente el 69% y 24% de la variación total observada (Tabla 2.3). Cuatro variables discriminaron entre las zonas de transición y éstas fueron: longitud del culmen expuesto (ECL, $\lambda = 0.12$), longitud del dedo medio (MTo, $\lambda = 0.11$), luminosidad del pecho (Br, $\lambda = 0.10$) y del abdomen (AB, $\lambda = 0.10$) (Tabla 2.2). Los caracteres diagnósticos que separan a las hembras en las regiones climáticas son: longitud del dedo medio (Mto), longitud del pico (BeLN) y luminosidad del pecho (Br).

El porcentaje de clasificación correcta entre los individuos para los grupos analizados fue de 91%, indicando que casi la totalidad de los individuos fue clasificado correctamente, mostrando los siguientes porcentajes de clasificación por zona de transición: Mediterránea-Desértica (86%), Subregión Mediterránea (85%), Centro Peninsular (100%) y Tropical-Desértica (86%). El diagrama de árbol obtenido de D^2 permito observar tres grupos a nivel de

corte de 60%, un grupo incluye la zona de transición Tropical-Desértica y Centro Peninsular, separados de las zonas de transición Mediterránea-Desértica y Subregionalización Mediterránea que formaron dos grupos independientes (Figura 2.2F). El diagrama de dispersión de la raíces 1 y 2 corrobora la discriminación de tres grupos para las zonas de transición (Figura 2.3F).

2.3. DISCUSIÓN

Es bien conocido que las especies biológicas no se distribuyen geográficamente al azar, ya que su distribución tiene límites más o menos reconocibles (Escalante 2009). Geográficamente, en el presente estudio de la variación fenotípica de la codorniz de California, *Callipepla californica* en la península de Baja California, se observó una buena discriminación a nivel de región climática para las hembras ($\lambda = 0.29$), poca discriminación en la categoría de ecorregiones en ambos sexos (machos $\lambda = 0.57$ y hembras $\lambda = 0.36$) y un nivel alto de discriminación para ambos sexos en las Zonas de Transición (machos $\lambda = 0.19$ y hembras $\lambda = 0.08$). Al estudiar los patrones de diversidad espacial, se ha identificado que al refinar la escala de análisis, los patrones se vuelven más complejos (Koleff y Soberón 2008) y por tanto más difíciles de identificar. Las categorías de Región Climática y Ecorregión se ajustan a esta tendencia, ya que el nivel de discriminación de la categoría Regiones Climáticas fue más alto que aquél de la categoría Ecorregiones. Sin embargo, en la categoría Zonas de Transición no se observó esta tendencia; ya que presentó un alto nivel de discriminación tanto en machos como en hembras. Cabe mencionar que sólo el 44.18% de los datos cumplió con la condición para pertenecer a la categoría Zonas de Transición. La especificidad en este conjunto de datos podría explicar los niveles más altos de discriminación en las Zonas de Transición.

Ecorregiones: El nivel de discriminación en la categoría de Ecorregiones no permitió distinguir la formación de grupos bien definidos en machos ni en hembras, a diferencia de la categoría de regiones climáticas. La categoría de Ecorregiones no fue muy informativa para la discriminación entre poblaciones de la codorniz de California. La validación de áreas biogeográficas (Históricas o Ecológicas) en la península de Baja California se ha corroborado a través de la agrupación de especies residentes que presentan correspondencia geográfica consistente con áreas identificadas como de importancia para avifauna de la península de Baja California. Sin embargo, el reconocimiento de áreas definidas por asociaciones avifaunísticas no es posible para todas las especies (Rojas-Soto *et al.* 2003); tal es el caso de *Callipepla californica*. La amplia distribución de la especie y la alta diversidad de hábitats que abarca, indican una baja especificidad fenotípica para las Ecorregiones.

Zonas de Transición: En esta categoría se observó un nivel de discriminación muy alto en ambos sexos, y la formación de grupos definidos tanto para machos como para hembras. Esta escala geográfica permitió reconocer patrones de discriminación que no fueron observables a escalas geográficas mayores y que podría estar encubriendo la aparente falta de asociación con las regiones biogeográficas de importancia para la avifauna de la península. Las zonas de transición funcionan como gradientes ambientales y geográficos, donde pueden ocurrir procesos e interacciones que afecten patrones a escalas más grandes (Escalante 2009). Por ejemplo, en machos fue posible distinguir claramente un patrón latitudinal asociado al porcentaje de luminosidad, consistente con regla geoclimática de Gloger, y que no fue observable en las de regiones climáticas ni en las ecorregiones. La identificación de patrones de variación fenotípica en *C. californica* está asociada a la escala geográfica del análisis considerado.

Capítulo 3: Diversidad genética y estructura poblacional de las subespecies de *Callipepla californica* (Aves: Odontophoridae) de la Península de Baja California, México.

3.1. INTRODUCCIÓN

La variación genética es el componente más básico de la biodiversidad y hace referencia a los cambios heredables que pueden darse dentro de los organismos, entre individuos dentro una población y entre poblaciones dentro de una especie (Piñero *et al.* 2008). Los cambios genéticos y cromosómicos son el reflejo de procesos evolutivos; es por ellos que el conocimiento de la variabilidad genética de las poblaciones es esencial para el estudio de la evolución (Fontdevila y Moya 1999). Actualmente existen distintos tipos de marcadores moleculares para el estudio de la diversidad genética; éstos se distinguen por la capacidad de detectar polimorfismo en *loci* únicos o múltiples y por ser dominantes o co-dominantes. El porcentaje de *loci* variables o polimorfismo establece que un *locus* es polimórfico si el alelo más frecuente no supera e 95% (Fontdevila y Moya 1999).

El análisis de secuencias de ADN mitocondrial (ADNmt) es un método usado comúnmente en el análisis genético de poblaciones y en la resolución de problemas taxonómicos. El ADNmt es de herencia uniparental y no recombina, por lo que es utilizado para la reconstrucción filogeográfica y de la estructura poblacional en relación al linaje, así como para inferir cambios demográficos y de dispersión entre especies. Por otra parte, los microsatélites aventajan a otros marcadores debido a que presentan un alto nivel de polimorfismo, segregación mendeliana, son dominantes, selectivamente neutros y de fácil interpretación (Rentería-Alcántara 2007). Los microsatélites son secuencias cortas de ADN nuclear de 300 a 600 pb formadas por secuencias repetidas de 1 a 5 pb (Fontdevila y Moya

1999). Se han usado principalmente en estudios de variación genética inter e intraespecífica (Rentería-Alcántara 2007). A pesar de que el genoma nuclear de las aves presenta menor número de microsatélites que otros grupos de organismos, se ha demostrado que presenta niveles de polimorfismo considerable para obtener medidas adecuadas de diferenciación genética (Sanvicente *et al.* 2016).

En nuestro país, los estudios sobre variación genética en aves son escasos, a pesar de que el conocimiento de la variación genética y los patrones geográficos es importante para la conservación y manejo de este grupo. Las investigaciones que existen son recientes y se centran principalmente en dos tipos de especies: en peligro de extinción y migratorias (Piñero *et al.* 2008). Por otro lado, especies de aves de importancia cinegética, como la codorniz de California (*Callipepla californica*), han recibido poca atención.

Los primeros estudios de variación genética en codornices se llevaron a cabo usando aloenzimas (Gutiérrez *et al.* 1983, Zink *et al.* 1987). En la actualidad, la diversidad genética en codornices de América se ha estudiado usando casi exclusivamente fragmentos de secuencias de región control del ADNmt para análisis filogenéticos (Zink y Blackwell 1998, Crowe *et al.* 2006, Cox *et al.* 2007) y filogeográficos (Eo *et al.* 2010, Williford *et al.* 2014, Vázquez-Miranda 2014, Williford *et al.* 2015), así también para comparar a nivel de variación genética interespecífico (Williford *et al.* 2015), intraespecífico (Eo *et al.* 2010 y Williford *et al.* 2014, Halley *et al.* 2015) e infraespecífico (Eo *et al.* 2010 y Williford *et al.* 2014). No es el mismo caso para el uso de *loci* de microsatélites como marcador molecular, ya que son pocos los trabajos que usan este marcador para el estudio de la diversidad genética en codornices. Sólo se encontraron dos publicaciones que abordan el análisis de la variación genética a nivel interespecífica en codornices (Gee 2003, 2004). Estos estudios se llevaron a cabo en una zona de hibridación entre la codorniz de California (*Callipepla californica*) y la codorniz Gambel (*C.*

gambelli), su especie hermana (Gee 2003, 2004). El diseño de microsatélites en especies de Galliformes (Caizergues *et al.* 2003, Hale y Hughes 2003) y en la Codorniz nortea *Colinus virginianus* (Schable *et al.* 2004, Faircloth *et al.* 2009) ha permitido comparar de manera parcial la diversidad genética a nivel de *loci* microsatélites.

En este trabajo, analizamos y comparamos los niveles de diversidad genética y estructura poblacional de *Callipepla californica*, entre cuatro de las subespecies nominales en la península de Baja California, con el objeto de conocer si los patrones de diversidad genética son congruentes con las subespecies descritas taxonómicamente.

3.2. MATERIALES Y MÉTODOS

3.2.1. Muestreo de los individuos

Entre 2015 y 2016, se obtuvieron 49 muestras de tejido (plumas, músculo y almohadillas) jido de especímenes de *Callipepla californica*, Los sitios muestreados correspondieron a 25 localidades de la península de Baja California y una localidad en California, EEUU. Todos los sitios de recolecta estuvieron dentro de la distribución de las cuatro subespecies nominales: *C.c. californica* (cinco sitios); *C.c. plumbea* (12 sitios); *C.c. decolorata* (cinco sitios) y *C.c. achrustera* (cuatro sitios) (Figura 3.1). De las 49 muestras analizadas, 21 provinieron de especímenes de museo (Tabla 3.1), y 28 muestras fueron contemporáneas, provenientes de organismos recolectados en campo para este estudio, así como por material donado y preservado en congelación. Los individuos obtenidos por caza o captura fueron congelados, empacados y transportados al laboratorio de Vertebrados de la Universidad Autónoma de Baja California para su análisis posterior. Las muestras de plumas se consiguieron de organismos

vivos en cautiverio, a los cuales se les removieron de cinco a seis plumas primarias de alas y la cola. Las muestras de músculo se obtuvieron en el laboratorio, a partir de especímenes recolectados en campo, haciendo una incisión en el vientre del espécimen de aproximadamente 5 mm, con una navaja estéril para cada individuo, y se extrajo una porción de aproximadamente 27 mm³ de músculo. Las muestras de almohadillas consistieron en una muestra de aproximadamente 10 mm² de área, la cual fue removida de la parte ventral de las patas (pie) del ave. El corte se realizó usando un alicate que se limpió y esterilizó con etanol antes del corte en cada individuo. El tejido de las almohadillas provino de especímenes de museo y de algunos especímenes contemporáneos. Todas las muestras se almacenaron en tubos estériles de 6 ml en una solución de etanol al 90% y se mantuvieron en un congelador hasta su utilización.

3.2.2. Obtención de la muestra genética, amplificación y secuenciación

Se extrajo ADN genómico usando el método de extracción por sales de Aljanabi y Martínez (1997), se modificó el volumen final de resuspensión a 35 µL de TE 0.1X. Se realizaron dos amplificaciones independientes de ADNmt de un fragmento de la Región Control (RC) para buscar una secuencia lo más amplia posible y mejorar la resolución del análisis, debido a diferencias en la cantidad y calidad del ADNmt entre las muestras contemporáneas y las muestras de museo. Se usaron dos fragmentos de la región control, uno de 564 pb y otro de 872 pb. Los cebadores usados fueron: Fragmento de 564pb Forward 3'TGCTAGACGTACCAGATGGA5' Reverse 3'TGTGGGAAATCTTCTAGTTTTGTTG5'; Fragmento de 872 pb (incluye el fragmento anterior) Forward 3'TCCCCATACATTATGGTCACAGT5' Reverse 3'GGGTTGAAGCGGATTGTTG5'. Las

reacciones de PCR tuvieron un volumen total de 25µL, con una concentración final de 10 mM de Tris-HCL (pH 8.4), 55 mM KCl, 3 mM cebadores, 1.2 U *Taq* DNA polimerasa recombinante (Invitrogen^{MT}) y 15-30 ng de ADN total obtenido en la extracción. La amplificación se realizó utilizando un termocilador MasterCycler (Eppendorf Inc., Hamburgo, Alemania), con el siguiente protocolo: Desnaturalización inicial a 94.0 °C durante 3 minutos, seguidos de 25 ciclos de desnaturalización a 96.0 °C durante 20 segundos, alineación a 52 °C por 40 segundos, extensión a 72 °C por 40 segundos, seguido de ocho ciclos de desnaturalización a 95.0 °C durante 20 segundos, alineación a 53 °C por 40 segundos, extensión a 72 °C por 40 segundos, y una extensión final de 70 °C por 5 minutos.

Se estableció el genotipo de los individuos utilizando siete *loci* de microsatélites (ADNn), marcados con los fluóforos FAM y NED (Applied Biosystem Inc., California, EEUU). Se obtuvieron los cebadores específicos para los microsatélites de la especie *C. californica* de Gee *et al.* (2003) (Tabla 3.2). Para las reacciones de PCR se utilizó el programa antes descrito, modificando las temperaturas de alineación en la primera parte del programa (25 ciclos), dependiendo de las condiciones ajustadas para cada microsatélites (Tabla 3.2). Sin embargo, el microsatélite Cc93 requirió para su amplificación un programa diferente, tanto en temperatura y tiempo: desnaturalización inicial a 94 °C durante 3 minutos, seguidos de siete ciclos de desnaturalización a 96 °C durante 30 segundos, alineación a 50 °C por 60 segundos, extensión a 72 °C por 30 segundos, seguido de 25 ciclos de desnaturalización a 90 °C durante 30 segundos, alineación a 48 °C por 60 segundos, extensión a 72 °C por 30 segundos y una extensión final de 70 °C por 5 minutos. Se verificó la calidad y eficiencia de amplificación de los productos de PCR en geles de agarosa al 2% con bromuro de etidio (0.5µg/µL). Todos los productos de la región control y de los microsatélites se enviaron al laboratorio comercial Seqxcel, Inc. (California, EEUUA) para la secuenciación. Esta se hizo por análisis de los

fragmentos por electroforesis capilar, en un secuenciador automático ABI Prism 3100 (Applied, Biosystems, California, EEUUA).

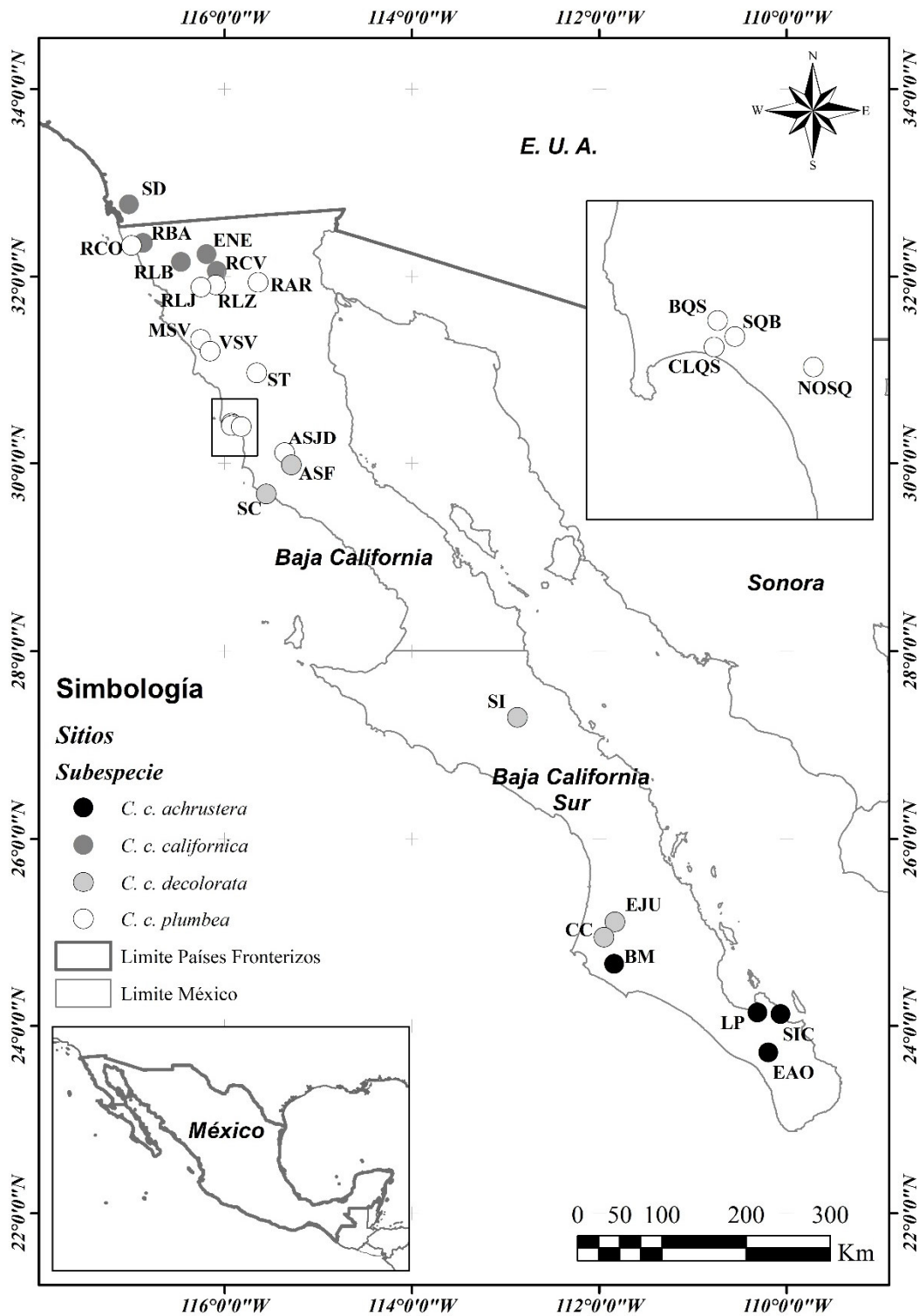


Figura 3.1. Sitios de muestreo de las poblaciones y subespecies nominales de la codorniz de California *Callipepla californica* en la península de Baja California, México para este estudio. Ver Tabla 3.1 para la clave de los sitios y tamaño de muestra.

Tabla 3.1. Codorniz de California (*Callipepla californica*). Sitios de recolecta y clave (Mapa en Fig. 3.1). Número de muestras (N). Muestras de especímenes recolectados en campo (Co) y de especímenes de museo (Mu) de México y EEUUA usados en este estudio. Los especímenes de museo se obtuvieron de la colección de aves de la Universidad Autónoma de Baja California (UABC) y de la colección de aves del Museo de Historia Natural de San Diego (SDNHM). Año en que se colectó el espécimen (Año).

Subespecies/ Poblaciones	Localidades Sitio/Municipio/Estado	Clave	Coordenadas Geográficas	N	Muestras		Muestras de Museo Institución-Catálogo (Año)	Colecta (Año)	
					Co	Mu			
<i>C.c. californica</i>	Sun Valley, San Diego, CA ¹ , E.U.A.	SD	32°46'15" N 117°01'02" W	1	-	1	UABC-548 (1987)	(2015-2016)	
	Ejido Neji, Tecate, BC ²	ENE	32°24'N, 116° 19'W	1	-	1	UABC-184 (1989)		
	Rancho Buenos Aires, Tijuana, BC	RBA	32°21'30" N 116°52'00" W	1	-	1	UABC-1356 (2003)		
	Rancho La Bellota, Tecate, BC	RLB	32°09'26"N 116°27'45"W	6	5	1	UABC-1933 (2012)		
	Rancho Casa Verde, Ensenada, BC	RCV	32°04'N, 116° 05'W	3	-	3	UABC-123 (1987) UABC-173 (1987) UABC-465 (1990)		
<i>C.c. plumbea</i>	Rancho Covarrubias, Rosarito, BC	RCO	32°19'59"N 116°59'29"W	1	1	-			(2012*)
	Rancho Arrastradero, Ensenada, BC	RAR	31°56'24"N 115°38'24"W	1	-	1	UABC-1515 (2004)		(2012*)
	Rancho La Zorra, Ensenada, BC	RLZ	31°54'44" N 116°05'34" W	1	-	1	UABC-1624 (2006)		
	Rancho La Joya, Ensenada, BC	RLJ	31°53'12"N 116°14'54"W	1	1	-			
	Misión de San Vicente, Ensenada, BC	MSV	31°19'54"N 116°15'15"W	1	1	-			
	Valle de San Vicente, Ensenada, BC	VSV	31°12'20"N 116°09'03"W	1	1	-		(2015-2016)	
	Camino a San Telmo, Ensenada, BC	ST	30°58'28" N 115°39'16"W	1	1	-		(2015-2016)	
	Bahía de San Quintín, Ensenada, BC	BSQ	30°25'69"N 115°55'22"W	1	1	-		(2015-2016)	
	Sauces, San Quintín, Ensenada, BC	SSQ	30°25'18"N 115°54'13"W	1	1	-		(2015-2016)	
	Cielito Lindo, San Quintín, Ensen., BC	CLSQ	30°24'42" N 115°55'26"W	1	-	1	UABC-2038 (2012)	(2015-2016)	
Nueva Odisea, San Quintín, Ensen., BC	NOSQ	30°24'09"N 115°49'07"W	1	1	-				
<i>C.c. decolorata</i>	Arroyo San Juan de Dios, Ensenada, BC	ASJD	30°06'52"N 115°21'19"W	1	-	1	UABC-1705 (2006)	(2015-2016)	
	Arroyo San Fernando, Ensenada, BC	ASF	29°59'N 115°17'W	1	-	1	UABC-1264 (2002)		
	Camino a San Carlos, Ensenada, BC	SC	29°40'30" N 115°33'08"W	1	-	1	UABC-999 (1998)		
	San Ignacio, Mulegé, BCS ³	SI	27°17'52" N 112°52'24" W	2	-	2	UABC-1931 (2012) UABC-1932 (2012)		
<i>C.c. achrustera</i>	Ejido Juárez, Comondú, BCS	EJU	25°06'38"N 111°49'53"W	7	7	-		(2015-2016)	
	Cd. Constitución, Comondú, BCS	CC	24°56'47" N 111°57'00" W	1	-	1	UABC-1927 (2012)	(2015-2016)	
	Bahía Magdalena, Comondú, BCS	BM	24°39'43"N 111°50'20"W	1	-	1	SDNHM-15249(1930)		
	Cd. La Paz, La Paz, BCS	LP	24°08'32"N 110°18'39"W	6	5	1	UABC-2006 (2015)		
	Sierra Cacachilas, La Paz BCS.	SIC	24°07'31"N 110°03'49"W	1	-	1	UABC-2030 (2015)		
	Ejido Álvaro Obregón, La Paz, BCS	EAO	23°42'59"N 110°11'37"W	5	3	2	UABC-2007 (2015) UABC-2008 (2015)		

¹California, Estados Unidos de Norteamérica ²Baja California, México ³Baja California Sur, México, *Individuos recolectados en campo y preservados en congelación por Sula Vanderplank sula.vanderplank@gmail.com, Botanical Research Institute of Texas, 1700 University Dr., Fort Worth, TX 76107

Tabla 3.2. *Loci* microsatélites polimórficos usados para *Callipepla californica*. Incluye: Número de acceso del GeneBank, Nombre del microsatélites, Secuencia del cebador, Motivo repetido, Intervalo de la talla alélica en pares de bases (Tamaño), Intervalo de la talla alélica esperado en pb (Tamaño*), Fluorocromo usado (FC), Temperatura de alineamiento (Ta), Concentración de MgCl₂.

No de acceso*	Locus*	Secuencia del cebador (5'-3')*	Longitud* esperada (pb)	Motivo* repetido esperad o	Tamaño* esperado (pb)	Tamaño obtenido (pb)	FC	Ta (C°)	MgCl ₂ (mM)
AY127559	Cc1	F:GTGGAACGGGAGTACTGAAGG (21) R:CACCTCAAACAGCCTGTGG (19)	241	(GT)14	198-238	206-236	NED	56	3.0
AY127560	Cc2	F:CCTTCCCATATTTGCTTTGC (20) R:AGATAAAAATCCTTCCCTTA (20)	61	(CA)12	81-103	99-116	NED	53	3.0
AY127561	Cc3	F:CTGGGACCACTCTAGGCTGA (20) R:CTGAGGTCATTAAGCACGCA (20)	61	(CA)10	101-113	115-127	FAM	53	3.0
AY127563	Cc25	F:GCCCTTATAAAATCTCCGTGC (21) R:GCCATGTGGTTCCTTCATTC (20)	181	(CA)19	174-222	184-122	NED	53	3.0
AY127562	Cc93	F:TCCATTCTGTGACAA (15) R:GCTTCTGATTGACTGCTCAGG (21)	241	(CA)13	223-273	168-282	FAM	50	3.0
AY127564	Cc269	F:CTGGATTTTAGGGCTCACTTG (21) R:ACATCTCTGCTAATTCACAACC (22)	541	(GT)17	121-167	134-154	FAM	53	3.0
AY127565	Cc346	F:TGGCTGGAGACACTTGATG (19) R:GCCACACTTAGGCTTCTTACT (21)**	241	(CA)13	143-175	175-201	FAM	56	3.0

* Datos obtenidos de Gee *et al.* 2003 y GeneBank, **Secuencia reverse se diseñó con base en la secuencia del microsatélite Cc346 reportada en el GeneBank.

3.2.3. Análisis de las secuencias de la Región Control ADNmt

Las secuencias de la región control (RC) se alinearon y editaron usando los programas Chromas V2.6.5 y Mega V7. La alineación se realizó utilizando todo el set de secuencias de la región control, tanto de las muestras contemporáneas como de las muestras de museo. Se confirmó la identidad de la especie para las secuencias de la región control ADNmt de *C. californica*, utilizando el algoritmo de la herramienta básica local de búsqueda y alineamiento BLAST.

3.2.4. Análisis de los *loci* microsatélites

El tamaño de los alelos en pares de bases (pb), se estimó con utilizando el programa GeneMarker V2.6.3. Se evaluó la calidad de los microsatélites utilizados mediante la presencia y frecuencia de alelos nulos, así como por el cumplimiento de los supuestos de equilibrio Hardy-Weinberg en la población y de segregación independiente entre *loci* (González-Rubio Sanvicente 2016). La presencia y frecuencia de alelos nulos causa sesgos en los estimadores de diferenciación genética, por este motivo es importante estimar su proporción (Chapuis y Estoup 2006). La proporción de alelos nulos se cataloga como bajo (menor a 0.05), moderado (entre 0.05-0.20) y alto (mayor a 0.20) Chapuis y Estoup (2006). En este estudio, la presencia y frecuencia de alelos nulos se estimó en el programa Cervus 3.0.7. Las desviaciones al equilibrio Hardy-Weinberg por locus, se evaluaron a través de la prueba de Hardy-Weinberg, usando el programa GENEPOP 4.2, que estima los valores de probabilidad, usando el Método de la Cadena Markov. Los parámetros no se modificaron y se usaron 10,000 iteraciones. La segregación independiente entre todos los pares de *loci*, se evaluó usando la prueba de desequilibrio de ligamiento genotípico del programa GENEPOP 4.2. Los parámetros de la

Cadena Markov usados fueron: 10,000 demorizaciones, 100 lotes y 10,000 iteraciones por lote. Los valores de probabilidad se analizaron bajo la hipótesis nula de independencia entre locus.

El potencial informativo de los microsatélites usados en este estudio fue evaluado a través de dos estimadores: el Contenido de Información Polimórfica (CIP) y la Probabilidad de Identidad (P_i). El CIP es un índice usado para la evaluación de diversidad genética, donde los *loci* se consideran altamente informativos si presentan valores de CIP mayores a 0.5, razonablemente informativos entre 0.5 y 0.25, y poco informativos con valores menores a 0.25. *Loci* con muchos alelos y valores cercanos a 1 son los más deseables (Botstein *et al.* 1980). El CIP se estimó utilizando el programa Cervus 3.0.7. La P_i constituye la probabilidad de que dos individuos sin parentesco tengan el mismo genotipo, o sea, que sean idénticos por estado. P_i es el estadístico más utilizado para cuantificar el poder del microsatélites, esto para identificar genotipos individuales (Victoria-Cota 2010). La P_i se calculó usando el programa GeneAlex V2.6.3

3.2.5. Diversidad genética ADNmt e historia demográfica

Detección de polimorfismos y definición de haplotipos: La variación de las bases, la cantidad de variaciones y sitios segregantes se estimó usando los programas DNAsp V5 y Mega V7 mientras que la proporción de bases nucleotídicas por haplotipo se estimó utilizando el programa Nucleotide Counter. La diversidad haplotípica h y nucleotídica π entre poblaciones, y el promedio de diferencias por pares k , se calcularon usando los programas DNAsp V5 y Arlequín 3.5.1.3. Los resultados obtenidos de los parámetros de diversidad genética de la RC

ADNmt se compararon con valores obtenidos de otras especies de codornices (Tabla 3.3) para determinar el nivel de variación inter e intraespecífico.

Para detectar tendencias en el tamaño poblacional de *C. californica*, se utilizó la distribución de diferencias pareadas entre individuos “*mismatch distribution*”, obtenido con el programa DNAsp V5. Las poblaciones en equilibrio demográfico muestran una distribución multimodal, mientras que poblaciones que han pasado por una expansión demográfica reciente o una expansión por intervalos con altos niveles de migración entre poblaciones adyacentes presentan una distribución unimodal (Eo *et al.* 2010). Para inferir la historia demográfica de las poblaciones, se realizaron las pruebas de neutralidad de la F_s de Fu y la D de Tajima. Ambas pruebas permiten obtener evidencia de expansión poblacional, cuando se detectan desviaciones significativas, $P < 0.05$, de modelo neutralidad. Valores positivos de F_s de Fu corresponden a un número deficiente de variantes genéticas, lo que se espera encontrar en una población estructurada o con un evento de cuello de botella reciente, mientras que valores negativos de F_s de Fu corresponde a un número excesivo de variantes genéticas que se esperaría en una población con expansión reciente (González-Rubio Sanvicente 2016). Por su parte, los valores positivos de la D de Tajima indican poblaciones con un cuello de botella reciente y valores negativos indican poblaciones en proceso de expansión en la historia reciente (González-Rubio Sanvicente 2016). Ambos análisis se llevaron a cabo en el programa DNAsp V5.

3.2.6. Relaciones filogenéticas

Se realizó un análisis filogenético con la finalidad de explorar la relación entre los haplotipos de la RC del ADNmt de *C. californica* con otras especies de codornices y de galliformes. El

dendrograma muestra la relación entre los haplotipos muestreados y las secuencias homólogas de las especies de comparación. Se seleccionaron 16 secuencias del GeneBank de 11 especies del orden Galliformes, para contrastar los haplotipos obtenidos en este estudio. De las 11 especies, tres se incluyeron como grupo externo: *Numida meleagris* (n=2, J67H8RY8015 y J67NY137015), *Arborophila rufogularis* (J6FRKMF4014) y *Arborophila ardens* (n=2, J6FUUYU3T014 y J6FXBSVJ014). Ocho especies de codornices (familia Odontophoridae) fueron comparadas con las secuencias consenso obtenidas en este estudio e incluyeron a los géneros: *Callipepla* (n=4), *Odontophorus* (n=2), *Colinus* (n=1) y *Cyrtonyx* (n=1). Las secuencias fueron seleccionadas con base en el porcentaje de identidad y el *p*-value del BLAST de la secuencia consenso. El alineamiento múltiple se llevó a cabo en el programa en línea MUSCLE. Usando el programa Mega V7 se construyó el dendrograma enraizado bajo el método de Máxima Verosimilitud. El modelo de sustitución nucleotídica empleado para la elaboración del dendrograma se obtuvo del programa FindModel en línea (consultado el 13 de junio de 2018).

3.2.7. Diversidad genética y estructura poblacional

Se estimó el nivel de variabilidad genética entre las poblaciones de las subespecies *C.c. californica*, *C. c. plumbea*, *C.c. decolorata*, *C. c. achrustera*. Cada subespecie estuvo formada por una población única que incluyó todas las muestras obtenidas de la misma subespecie; en otras palabras, no se comparó el nivel de variación genética entre sitios. Con el programa GeneAlex V2 6.3 se determinó el nivel de variación genética para el conjunto de datos de los microsatélites a través del número de alelos, alelos efectivos, alelos privados, heterocigosidad

observada y heterocigosidad esperada. La diversidad genética y la riqueza alélica por locus y por población se estimó con el programa Fstat 2.9.3. La diversidad alélica se define como la probabilidad de que dos muestras tomadas al azar difieran en una posición particular del genoma (Castillo-Cobián 2007). También se obtuvo el tamaño mínimo de muestra con el programa Fstat, que utiliza el método de rarefacción para la estimación de la riqueza alélica y calcula el tamaño mínimo de muestra (Tripp-Valdez 2009). Las frecuencias alélicas por locus y por población se calcularon en el programa MStools V3.1.1. (Apéndice 6). El coeficiente de endogamia (Fis) y el índice de fijación de los individuos respecto al total de la población (Fit) se estimaron a través del programa GeneAlex V2 6.3. Los valores del índice de fijación (Fst) y el valor de probabilidad, se obtuvieron a través del programa Arlequín V3.5.1.2. El número de individuos homocigotos y heterocigotos por locus se obtuvo del programa Cervus 3.0.7.; con esta información se calculó el número de genotipos por locus (Apéndice 7).

La estructura genética se refiere a la forma de organización de la variación genética en el espacio y tiempo. Existen diversos métodos para establecer la estructura genética de una población. La ventaja de los métodos de asignación bayesiana sobre otros métodos, reside en que no se requiere de información *a priori*, por lo que pueden ser utilizados adicionalmente como métodos exploratorios (Garrido-Garduño y Vázquez-Domínguez 2013). Para establecer la estructura genética de *C. californica* se utilizó el programa Structure V2.3.4 que utiliza un método de agrupamiento basado en varios modelos para datos multilocus. Los individuos son asignados probabilísticamente a las poblaciones sin necesidad de conocimiento *a priori* de las unidades poblacionales. El método demuestra la existencia de estructura poblacional bajo el supuesto de K poblaciones, aunque el valor de K sea desconocido (Pritchard *et al.* 2000). El valor óptimo de K fue calculado por el método descrito por Evano *et al.* (2005), a través del

servicio en línea Structure Harvester (Earl y vonHoldt 2012), donde se introducen los resultados obtenidos del programa Structure para su análisis automatizado. Los parámetros usados para correr el programa fueron: 10, 000 iteraciones y 100,000 réplicas de MCMC. Se asumió un modelo de frecuencias alélicas independientes y 100 réplicas para la convergencia de MCMC para cada K. Adicionalmente se corrió el análisis asumiendo cuatro poblaciones conocidas (subespecies) para corroborar si la asignación genotípica de los individuos era congruente con las poblaciones definidas en este estudio.

La distribución de la varianza genética se calculó a través de un análisis molecular de varianza AMOVA para tres niveles jerárquicos: entre poblaciones (subespecies), entre individuos dentro de las poblaciones y la variación genética individual. El análisis se llevó a cabo usando el programa Arlequín V3.5.1.2.

Se determinó el grado de diferenciación genética entre poblaciones (Subespecies) y su relación genealógica, usando los valores obtenidos de la distancia genética por pares de Nei, del programa GeneAlex V2 6.3 (Tabla 3.8), con los cuales se generó un árbol filogenético utilizando el programa Phylip V3.6.9. La reconstrucción de la genealogía se llevó a cabo por el método de agrupamiento del vecino más cercano, utilizando 500 réplicas.

3.2.8. Conectividad genética

La conectividad genética se determina por el flujo genético que puede existir entre poblaciones y que se manifiesta en la estructura genética de la población, así como en procesos microevolutivos. El flujo genético se puede estimar por el número de migrantes, es decir, al número de individuos que se mueven y reproducen en una población distinta a la de

nacimiento. Una forma indirecta de estimar el flujo genético es a través del estadístico F_{st} que mide la varianza de las frecuencias alélicas (Garrido-Garduño y Vázquez-Domínguez 2013).

Para determinar el grado de conectividad genética entre las poblaciones de las subespecies muestreadas, se calcularon los valores de F_{st} utilizando los programas Arlequín V3.5.1.2 y GeneAlex V2 6.3. El número de migrantes se estimó con los programas GeneAlex V2 6.3. y Migrate V3.6.8. Este último permite calcular las tasas de migración, dirección del flujo genético y tamaño efectivo poblacional. Se basa en el modelo de coalescencia utilizando el método de Máxima Verosimilitud para estimar estos parámetros. El programa Migrate también considera tasas de migración no simétricas entre localidades; esto significa que pueden existir localidades con diferencias entre el número de emigrantes e inmigrantes, lo cual es una ventaja sobre otros métodos que consideran tasas de migración simétricas (Tripp-Valdez 2009), ya que en las poblaciones naturales es difícil que existan tasas de migración simétricas, es decir, que una localidad reciba el mismo número de individuos que migraron y que además estos dejen descendientes en la población (Fontdevila y Moya 1999).

3.3. RESULTADOS

3.3.1. Análisis de las secuencias de la Región Control ADNmt

Trece muestras no se lograron amplificar, o no contaban con la calidad adecuada para la secuenciación. Por ello, el alineamiento de secuencias de la región control del ADNmt para ambos fragmentos, incluyó únicamente 37 individuos. El análisis de los datos de la región control del ADNmt se llevó a cabo usando un fragmento de 303 pb, obtenido después del alineamiento y la edición.

3.3.2. Diversidad genética ADNmt e historia demográfica

El alineamiento de región control del ADNmt (303 pb) de 37 individuos, mostró 301 sitios conservados, dos sitios variables y tres haplotipos; no existieron haplotipos únicos. Los sitios variables se encontraron en los *loci* 165 y 194; ambos sitios fueron informativos y no existieron sitios únicos (singleton). La frecuencia de nucleótidos por pares fue de 302 pares idénticos (TT=100, CC=101, AA=44, GG=57) y un par CT transicional. La proporción general de CG fue de 52%, mientras que la proporción de AT fue de 48%; la proporción de bases púricas y pirimidínicas de cada haplotipo se detalla en la Tabla 3.4. El haplotipo 1 presentó T (tiamina) en los *loci* 165 y 194. Los cambios observados fueron: dos transiciones de T por C (citosina) en el locus 165 (haplotipo 2) y en el locus 194 (haplotipo 3). El haplotipo 2 fue el más común, se encontró en 14 individuos (37.83% de las muestras), seguido por el haplotipo 3 en 13 individuos (35.13% de las muestras) mientras que el haplotipo menos frecuente fue el haplotipo 1, que sólo estuvo presente en 10 individuos (27.02% de las muestras Tabla 3.3). El haplotipo 1 estuvo ausente la subespecie *C.c. plumbea*, el haplotipo 2 estuvo presente en las cuatro subespecies (*C.c. californica*, *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*) y el haplotipo 3 estuvo ausente en la subespecie *C.c. achrustera*. El haplotipo 3 fue dominante en las subespecies norteñas (*C.c. californica* =60% de las muestras y *C.c. plumbea* =90% de las muestras), mientras que el haplotipo 2 dominó en la subespecie del centro de la península (*C.c. decolorata* =72.72% de las muestras) y el haplotipo 1 dominó en la subespecie más sureña (*C.c. achrustera* =63.63% de las muestras Tabla 3.4). Los valores de la distancia genética entre haplotipos se muestran en el Apéndice 8.

En relación a otras especies de codornices, la diversidad haplotípica de *C. californica* fue moderada, $h = 0.69$, y la diversidad nucleotídica fue baja, $\pi = 0.002$ (Tabla 3.3). Todas las

poblaciones presentaron valores de diversidad haplotípica moderada a baja, $h < 0.5$, en un intervalo de 0.70 a 0.20, siendo la población de la subespecie *C.c. californica* la que presentó mayor diversidad haplotípica, y la población de *C.c. plumbea* la que mostró menor diversidad haplotípica de todas las subespecies muestreadas. Los valores de diversidad nucleotídica fueron bajos en todas las poblaciones, es decir $\pi < 0.03$; el intervalo de π fue de 0.003 a 0.0006. *C.c. californica* exhibió la diversidad nucleotídica más alta, mientras que *C.c. plumbea* presentó la menor diversidad nucleotídica (Tabla 3.4). El promedio de las diferencias por pares en *C. californica* fue $k=0.87$ y varió entre las poblaciones de 0.20 a 1.00 (Tabla 3.4). Las subespecies sureñas *C.c. achrustera* y *C.c. decolorata* exhibieron valores de diversidad genética similares, $h = 0.50-0.47$, $\pi = 0.017$; mientras que las subespecies norteñas *C.c. californica* y *C.c. plumbea* mostraron el nivel de diversidad genética más alto y el más bajo respectivamente, $h = 0.70-0.02$, $\pi = 0.003-0.0006$.

Los resultados de la distribución de diferencias pareadas entre individuos (Figura 3.2), mostraron en apariencia un patrón unimodal entre los valores observados y los valores esperados, tanto para la totalidad de los individuos como para todas las subespecies. Esto sería indicativo de poblaciones en expansión. Sin embargo, las diferencias observadas entre las subespecies fueron pocas y el patrón no es tan claro. En relación a las pruebas de neutralidad, los valores de la prueba de F_s de F_u fueron negativos para todas las subespecies, excepto para *C.c. achrustera*; para la prueba D de Tajima, las subespecies *C.c. californica* y *C.c. achrustera* presentaron valores positivos y *C.c. plumbea* y *C.c. decolorata* valores negativos (Tabla 3.3). Sin embargo, ningún valor fue significativamente diferente, $P > 0.05$, por lo que la hipótesis de equilibrio demográfico no fue rechazada.

3.3.3. Relaciones filogenéticas

El modelo de sustitución nucleotídica seleccionado por el programa FindModel, fue TVM plus G. El programa Mega V7 no tiene este modelo, por lo que fue necesario sustituir el modelo por el más parecido, que corresponde al modelo TN plus G (Tamura-Nei con distribución Gamma). El modelo Tamura-Nei considera que existe una probabilidad constante de dos tipos de eventos. Donde en un sitio la base nucleotídica púrica o pirimidínica será reemplazada en una probabilidad constante por otra base de un conjunto aleatorio de cuatro (Felsenstein 2004). La construcción del árbol utilizó el método de Máxima Verosimilitud, basado en el modelo de Tamura-Nei plus con distribución Gama para sitios invariables y se eliminaron los valores de bootstrap menores a 90%.

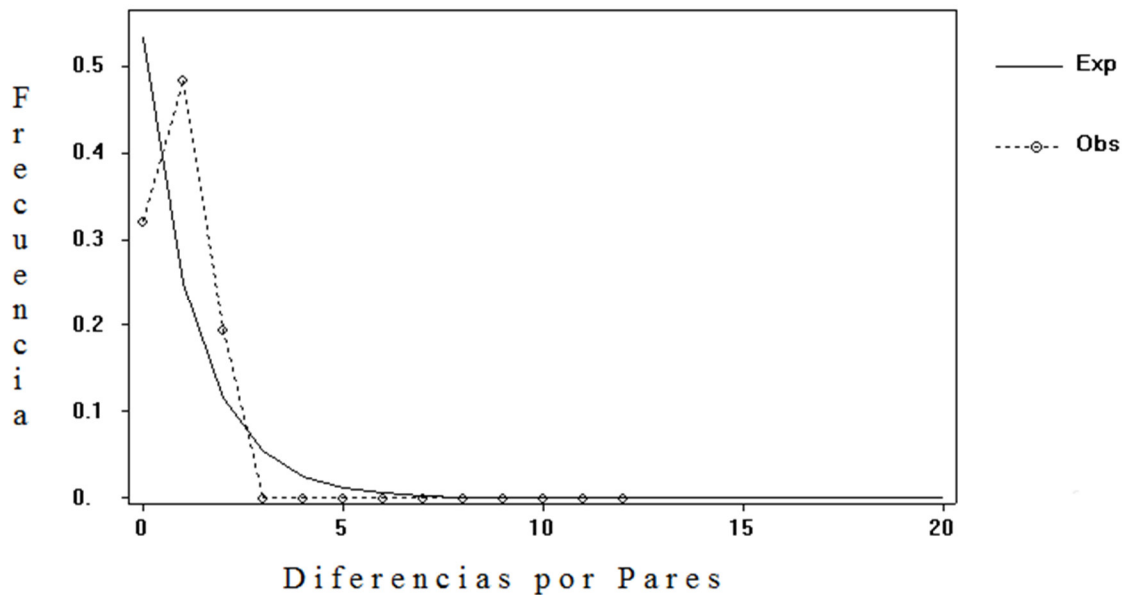


Figura 3.2. Distribuciones no coincidentes “Mismatch” para todas las muestras analizadas. La distribución observada (obs) fue comparada con la distribución esperada (Exp) bajo el modelo de expansión repentina calculado a través del programa DNAsp.

El árbol inicial para la búsqueda heurística se obtuvo de forma automática por la aplicación de los algoritmos del vecino más cercano, y BioNJ para la matriz de distancia por

pares estimada por el método de Máxima Verosimilitud Compuesta (MCL, por sus siglas en inglés). El árbol filogenético obtenido (Figura 3.3) muestra que las codornices de los géneros *Odontoforus* y *Cyrtonyx* estuvieron filogenéticamente menos relacionados con el género *Callipepla* que con otras especies de Galliformes. Todas las especies del género *Callipepla* se encontraron en un mismo clado. Sin embargo, *Callipepla squamata* y *Callipepla douglasii* se encontraron más estrechamente relacionadas con la especie *Colinus virginianus* que con *C. californica* y *C. gambelii*. En relación a los haplotipos obtenidos de este estudio, el árbol muestra que los haplotipos 2 y 3 están relacionados filogenéticamente con *C. californica*, mientras que el haplotipo 1, se encontró relacionado filogenéticamente con la especie *C. gambelii*, siendo el menos frecuente de los haplotipos (35% de las muestras). La frecuencia del haplotipo 1 para la subespecie *C.c. achrustera* fue del 64%, para *C.c. californica* de 20% y para *C.c. decolorata* de 18%, mientras que estuvo ausente en la especie *C.c. plumbea*.

3.3.4. Análisis de los *Loci* microsatélites

El análisis de los microsatélites incluyó 45 individuos. La evaluación de la calidad de los microsatélites usados mostró presencia de alelos nulos en valores bajos (menor a 0.05), con excepción del locus Cc3 (0.10). Según Chapuis y Estoup (2006), se cumplió con los supuestos de equilibrio Hardy-Weinberg para tres de las cuatro poblaciones, $P < 0.05$; (Tabla 3.6) y de segregación independiente entre *loci* en todas las poblaciones, $P < 0.05$ (datos no mostrados). Los valores del contenido de información polimórfica y de la probabilidad de identidad se reportan en la Tabla 3.5. Los microsatélites utilizados fueron altamente informativos, $CIP > 0.5$, (Tabla 3.5). Según Botstein *et al.* 1980, aportaron información independiente entre sí y

fueron selectivamente neutros con baja frecuencia de alelos nulos. Por ello, los resultados obtenidos de los análisis con estos microsatélites son confiables.

3.3.5. Diversidad genética y estructura poblacional

El nivel de polimorfismo que mostraron los siete *loci* microsatélites analizados varió en un intervalo de 7 alelos por locus en Cc269 a 17 en Cc3. El número total de alelos observados fue de 78 en 45 individuos (Tabla 3.5). La frecuencia alélica en los microsatélites varió de 4.5% en Cc269 hasta 50% en Cc3 (Apéndice 6). El número promedio de alelos por locus por población (diversidad alélica) fue 6.7 alelos (Tabla 3.6). Todas las poblaciones presentaron alelos privados en un intervalo de 4 (*C.c. plumbea*) a 9 (*C.c. californica*). Existió un número mayor de alelos privados en las poblaciones de las subespecies de los extremos de la península (*C.c. californica* n=9 y *C.c. achrustera* n=8) en comparación con las subespecies del interior de la península (*C.c. plumbea* n=4 y *C.c. decolorata* n=5). El promedio de alelos privados por población fue de 6.5 (Tabla 3.6). La diversidad genética entre poblaciones se encontró en un intervalo de 77% a 86% y presentó un patrón descendente de Norte a Sur, siendo la subespecie *C.c. californica* la que presentó la diversidad genética más alta, seguida de *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera*, siendo esta última población la que mostró menor diversidad genética (Tabla 3.7). La riqueza alélica varió de 4.9 en *C.c. achrustera* a 5.8 en *C.c. californica*; el promedio fue de 5.4 (Tabla 3.6). El tamaño mínimo de muestra estimado por el programa Fstat fue de cinco individuos.

Tabla 3.3. Resultados de diversidad genética y de las pruebas de neutralidad obtenidos de las secuencias de la región control del ADNmt para las poblaciones de las subespecies de *Callipepla californica* y comparación de valores obtenidos en otras especies de codornices del nuevo mundo. Número de muestras (N), Tamaño del fragmento en pares de bases (Tf), Número de haplotipos (Nh), Sitios variables (Sv), Diversidad haplotípica (h) y desviación estándar (SD), Diversidad nucleotídica (π) y desviación estándar (SD), Número promedio de diferencias por pares (k). Pruebas de neutralidad (F_s de F_u) y (D de Tajima).

Nombre común Especie/Subespecie	N	Tf	Nh	Sv	$h \pm SD$	$\pi \pm SD$	k	F_s de F_u	D de Tajima	Referencia
Codorniz de California <i>Callipepla californica</i>	37	303	3	2	0.679±0.230	0.0029±0.000	0.874	1.456	1.589	Datos propios
<i>C.c. californica</i>	5	303	3	2	0.700±0.218	0.0033±0.001	1.000	-0.475	0.243	Datos propios
<i>C.c. plumbea</i>	10	303	2	1	0.200±0.154	0.0006±0.000	0.200	-0.339	-1.112	Datos propios
<i>C.c. decolorata</i>	11	303	3	2	0.473±0.162	0.0017±0.001	0.509	-0.659	-0.778	Datos propios
<i>C.c. achrustera</i>	11	303	2	1	0.509±0.101	0.0017±0.000	1.000	1.023	1.186	Datos propios
Codorniz Escamosa <i>Callipepla squamata</i>	227	267	16	-	0.388±0.041	0.0020±0.0003	-	-16.838	-1.845	Williford <i>et al.</i> 2014
<i>C.s. castanogastris</i>	49	267	10	-	0.776±0.049	0.0049±0.0006	-	-	-	Williford <i>et al.</i> 2014
<i>C.s. squamata</i>	6	267	2	-	0.333±0.215	0.0013±0.0008	-	-	-	Williford <i>et al.</i> 2014
<i>C.s. hargravei</i>	24	267	2	-	0.083±0.075	0.0003±0.0003	-	-	-	Williford <i>et al.</i> 2014
<i>C.s. pallida</i>	148	267	11	-	0.250±0.180	0.0009±0.0009	-	-	-	Williford <i>et al.</i> 2014
Codorniz Norteña <i>Colinus virginianus</i>	153	655	41	25	0.890±0.018	0.340±0.210	2.202	-	-	Eo <i>et al.</i> 2010
<i>C.v. marilandicus</i>	33	655	10	-	0.860±0.037	0.330±0.21	2.189	-2.52	-0.85	Eo <i>et al.</i> 2010
<i>C.s. virginianus</i>	43	655	16	-	0.880±0.032	0.320±0.20	2.066	-9.08	-1.28	Eo <i>et al.</i> 2010
<i>C.s. mexicanus</i>	68	655	28	-	0.882±0.031	0.340±0.21	2.230	-25.31	-1.34	Eo <i>et al.</i> 2010
<i>C.s. floridanus</i>	9	655	4	-	0.694±0.147	0.240±0.18	1.562	-0.13	-0.65	Eo <i>et al.</i> 2010
Codorniz Norteña <i>Colinus virginianus</i>	51	353	54	19	0.860	0.0086	-	-	-	Halley <i>et al.</i> 2010
<i>Colinus virginianus</i>	51	1,152	55	31	0.966	0.0043	-	-	-	Halley <i>et al.</i> 2010
<i>Colinus virginianus</i>	51	16,702	66	335	0.998	0.0035	-	-	-	Halley <i>et al.</i> 2010
Codorniz Norteña <i>Colinus virginianus</i>	241	224	58	28	0.935	0.0165	3.589	-50.181	-	Williford <i>et al.</i> 2015
Codorniz Yucateca <i>Colinus nigrogularis</i>	16	224	7	6	0.692	0.0085	1.850	-1.957	-	Williford <i>et al.</i> 2015
Codorniz Cresta <i>Colinus cristatus</i>	48	224	25	26	0.934	0.0311	6.840	-7.546	-	Williford <i>et al.</i> 2015

Tabla 3.4. Distribución de frecuencias y proporción de bases nucleotídica de los haplotipos obtenidos de las secuencias de la región control del ADNmt para las poblaciones de las subespecies de *Callipepla californica* presentes en la península de Baja California, México. Número de muestras (N), Frecuencia absoluta (ni), Frecuencia absoluta acumulada (Ni), Frecuencia relativa (fi), Frecuencia relativa acumulada (Fi), Proporción de bases púricas (Adenina y Guanina) y pirimidínicas (Timina y Citosina) en relación al tamaño del fragmento: Adenina (A), Guanina (G), Citosina (C) y Timina (T), Total de pares de bases del fragmento analizado (pb).

Subespecie/Población	N	Haplotipo	ni	Ni	fi	Fi	A %	G %	C %	T %	Proporción A/T %	Proporción C/G %	Total (pb)
<i>C.c. californica</i>	5	Haplotipo 1	1	1	0.2	0.2	14.40	18.70	33.10	33.10	47.50	51.80	303
		Haplotipo 2	1	2	0.2	0.4	14.50	18.80	33.70	33.00	47.50	52.50	303
		Haplotipo 3	3	5	0.6	1	14.50	18.80	18.80	33.00	47.50	52.50	303
<i>C.c. plumbea</i>	10	Haplotipo 2	1	1	0.1	0.1	14.50	18.80	33.70	33.00	47.50	52.50	303
		Haplotipo 3	9	10	0.9	1	14.50	18.80	18.80	33.00	47.50	52.50	303
<i>C.c. decolorata</i>	11	Haplotipo 1	2	2	0.18	0.18	14.40	18.70	33.10	33.10	47.50	51.80	303
		Haplotipo 2	8	10	0.73	0.91	14.50	18.80	33.70	33.00	47.50	52.50	303
		Haplotipo 3	1	11	0.09	1	14.50	18.80	18.80	33.00	47.50	52.50	303
<i>C.c. achrustera</i>	11	Haplotipo 1	7	7	0.64	0.64	14.40	18.70	33.10	33.10	47.50	51.80	303
		Haplotipo 2	4	11	0.36	1	14.50	18.80	33.70	33.00	47.50	52.50	303

Tabla 3.5. Medidas de diversidad genética por locus, valores estimados del Equilibrio Hardy-Weinberg, estadísticos F y medidas para la evaluación de la calidad los microsatélites usados en *Callipepla californica* en la península de Baja California. Número de alelos observados (A), Riqueza alélica (RA), Alelos privados (AP), Heterocigosidad observada (Ho), Heterocigosidad esperada (He), Probabilidad de desviación del Equilibrio Hardy-Weinber (EHW). Coeficiente de endogamia (Fis), Índice de fijación (Fst), Índice de fijación conjunto (Fit), Frecuencia de alelos nulos (AN), Conteo de información polimórfica CIP y Probabilidad de identidad (PI). Significancia estadística, P < 0.05, no significativo (ns).

Locus	A	RA	AP	Ho	He	EHW	EHW (P)	Fis	Fst	Fit	AN	CIP	PI
<i>Cc1</i>	12	5.72	5	0.74	0.81	0.53	ns	0.08	0.06	0.14	0.06	0.84	0.07
<i>Cc2</i>	8	4.23	1	0.68	0.68	0.18	ns	-0.01	0.06	0.05	0.04	0.69	0.02
<i>Cc3</i>	17	4.10	1	0.74	0.84	0.37	ns	0.12	0.09	0.20	0.10	0.91	0.02
<i>Cc25</i>	11	6.08	6	0.69	0.80	0.40	ns	0.14	0.04	0.17	0.09	0.81	0.07
<i>Cc93</i>	14	6.78	7	0.86	0.83	0.07	ns	-0.04	0.05	0.01	0.01	0.85	0.05
<i>Cc269</i>	7	5.41	2	0.65	0.66	0.07	ns	0.02	0.07	0.08	0.04	0.68	0.02
<i>Cc346</i>	9	5.27	1	0.86	0.80	0.96	ns	-0.07	0.04	-0.03	-0.02	0.81	0.07
Promedio	78*	5.37	3	0.74	0.77	0.36	ns	0.03	0.06	0.09	0.04	0.80	0.04

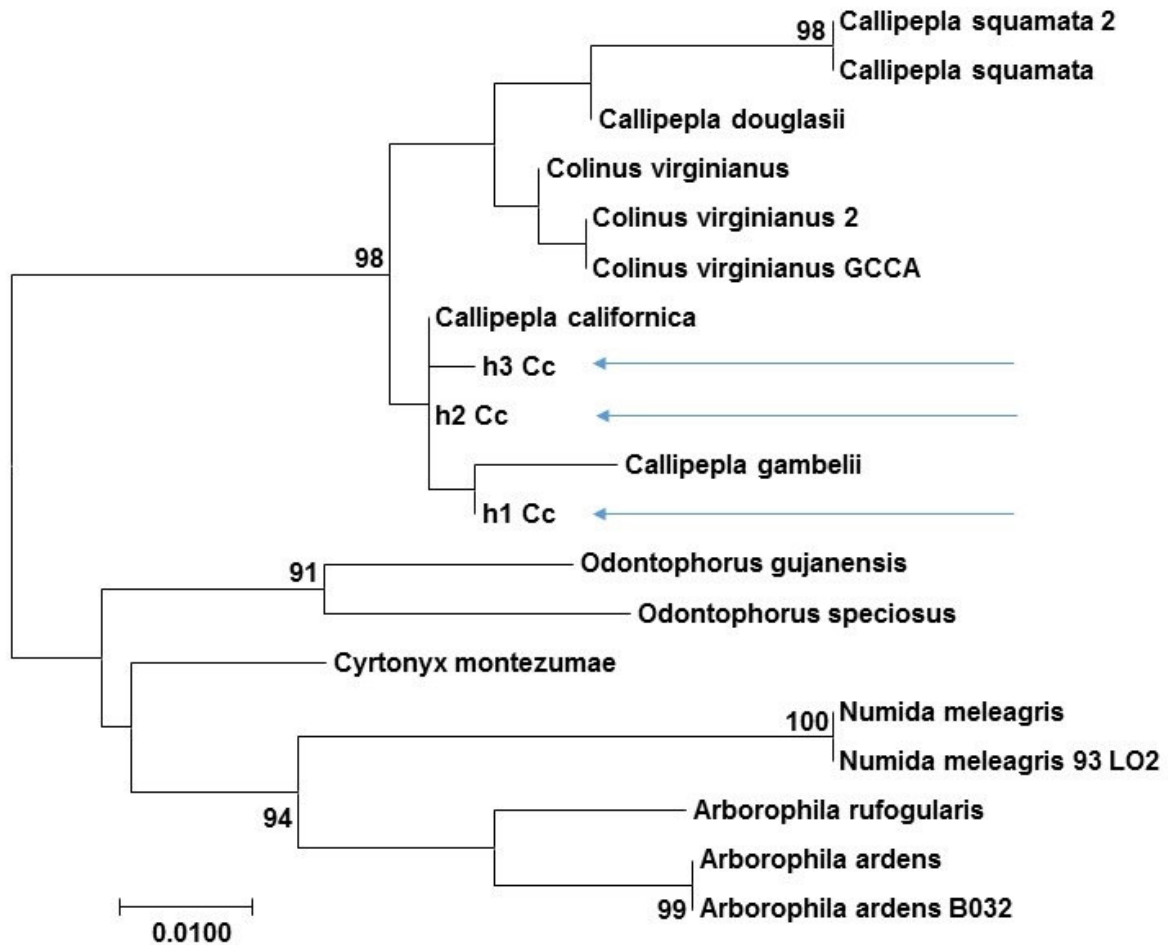
* Número total

Tabla 3.6. Medidas de diversidad genética por población y valores estimados del Equilibrio Hardy-Weinberg en *Callipepla californica* en la península de Baja California. Tamaño de muestra (N), Número de alelos observados (A), Riqueza alélica (RA), Alelos efectivos (AE), Alelos privados (AP), Heterocigosidad observada (Ho), Heterocigosidad esperada (He), Probabilidad de desviación del Equilibrio Hardy-Weinber (EHW), significancia estadística, P < 0.05, remarcado en negritas. Coeficiente de endogamia (Fis) y Probabilidad de identidad (PI).

Población/ Subespecie	N	A	DA	RA	AE	AP	Ho	He	EH W	Fis	PI
<i>C.c. californica</i>	11	59	7.28	5.88	5.59	9	0.71	0.80	0.02	0.12	0.08
<i>C.c. plumbea</i>	12	74	6.71	5.31	4.88	4	0.78	0.79	0.86	0.01	0.08
<i>C.c. decolorata</i>	11	72	6.85	5.33	5.17	5	0.80	0.78	0.65	-0.03	0.09
<i>C.c. achrustera</i>	11	64	6.14	4.97	4.33	8	0.69	0.72	0.14	0.06	0.01
Promedio	11	67	6.75	5.63	4.99	6.50	0.74	0.77	0.41	0.04	0.06

Tabla 3.7. Diversidad genética por locus por población para las subespecies de *C. californica* presentes en la península de Baja California.

Locus	<i>C. c. californica</i>	<i>C. c. plumbea</i>	<i>C. c. decolorata</i>	<i>C. c. achrustera</i>
<i>Cc1</i>	0.810	0.840	0.906	0.911
<i>Cc2</i>	0.861	0.746	0.600	0.632
<i>Cc3</i>	0.696	0.800	0.800	0.479
<i>Cc25</i>	0.938	0.894	0.827	0.828
<i>Cc93</i>	0.950	0.911	0.931	0.900
<i>Cc269</i>	0.932	0.807	0.795	0.823
<i>Cc346</i>	0.839	0.811	0.861	0.840
Promedio	0.861	0.830	0.817	0.773



The evolutionary history was inferred by using the Maximum Likelihood method based on the Tamura-Nei model [1]. The tree with the highest log likelihood (-795.6874) is shown. The percentage of trees in which the associated taxa clustered together is shown next to the branches. Initial tree(s) for the heuristic search were obtained automatically by applying Neighbor-Join and BioNJ algorithms to a matrix of pairwise distances estimated using the Maximum Composite Likelihood (MCL) approach, and then selecting the topology with superior log likelihood value. A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.2013)). The tree is drawn to scale, with branch lengths measured in the number of substitutions per site. The analysis involved 19 nucleotide sequences. All positions containing gaps and missing data were eliminated. There were a total of 298 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA7 [2].

Figura 3.3. Árbol filogenético enraizado, muestra la relación entre los haplotipos de *C. californica* con once especies de Galliformes. Al pie de la figura se indican los resultados arrojados por el programa Mega V7. Indica que la historia evolutiva fue inferida a través del método de Máxima Verosimilitud basado en el modelo de sustitución nucleotídica de Tamura Nei. Se muestra el árbol con la máxima verosimilitud. Al lado de las ramas se muestra el porcentaje de árboles asociados a los taxos agrupados. El árbol inicial se obtuvo automáticamente por el método de búsqueda heurística por la aplicación de los algoritmos del vecino más cercano y de BioNJ para una matriz de distancia por para estimada por MCL y para la selección de la topología del árbol se uso el valor máximo de verosimilitud. El modelo evolutivo de tasas de diferenciación uso una distribución gama discreta. El árbol se encuentra a escala, la medida de longitud de los brazos corresponde al número de sustituciones por sitio. Diecinueve secuencias nucleotídicas fueron analizadas, todas la posiciones con vacios o datos faltantes fueron eliminados, por lo que la base de datos final fue de 298 posiciones.

Los valores de heterocigosidad observada para cada *locus* variaron de 0.65 en Cc269 a 0.86 en Cc93 y Cc346 (Tabla 3.5). El valor promedio de heterocigosidad esperada fue de

0.77. Todos los *loci* se encontraron en equilibrio, $P < 0.05$. En el caso de las poblaciones, los valores de heterocigosidad observada estuvieron en un intervalo de 0.69 (*C.c. achrustera*) a 0.80 (*C.c. decolorata*). El valor promedio de heterocigosidad esperada fue de 0.77. La única población que no se encontró en equilibrio fue *C.c. californica*, $P = 0.02$. La probabilidad de identidad (probabilidad de que dos individuos sin parentesco tengan el mismo genotipo) fue de 0.015 en Cc2 y Cc3 a 0.72 en Cc25. Mientras que en las poblaciones varió de 0.012 (*C.c. achrustera*) a 0.87 (*C.c. decolorata*) (Tabla 3.6).

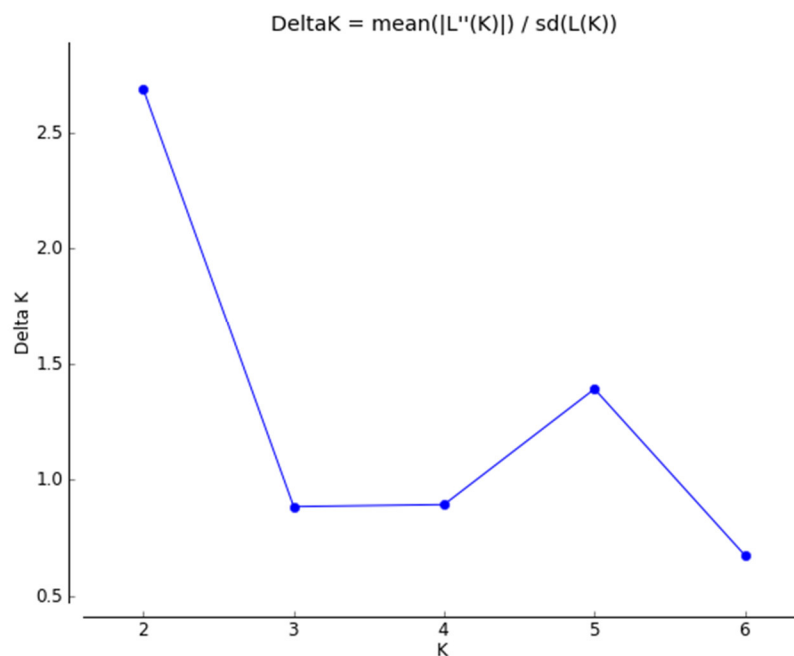


Figura 3.4. Número de grupos genéticamente homogéneos K calculado por la tasa de cambio de la función de verosimilitud ΔK siguiendo el método de Evanno *et al.* (2005).

Se obtuvo un valor óptimo de $K=2$, como resultado del análisis de asignación bayesiana implementado los programas Structure y el programa en línea Structure Harvester (Figura 3.4). Lo que indica que los individuos de las subespecies analizadas pueden agruparse en dos poblaciones con base en sus diferencias genéticas. Aproximadamente, 70% de los individuos de las subespecies *C.c. plumbea*, *C.c. decolorata* y *C.c. achrustera* fueron asignados a una misma población y el 30% restante a la segunda población. Por otra parte, para los individuos de *C.c. californica* la proporción de asignación fue aproximadamente del 50%. (Figura 3.5). Al

realizar el análisis asumiendo cuatro poblaciones conocidas (K=4), la asignación probabilística de individuos mostró algunas diferencias entre las cuatro subespecies. *C.c. californica* y *C.c. achrustera* comparten individuos con genotipos de una misma población en un 50%, mientras que la proporción de *C.c. plumbea* y *C.c. decolorata* para esta población es mayor (60 a 65%). La proporción de individuos para la segunda y tercera población es muy similar (de 5 a 10%) entre tres de las cuatro subespecies, siendo *C.c. californica* la subespecie con un porcentaje de asignación ligeramente mayor para estas dos poblaciones y que fue de aproximadamente un 15%. El porcentaje de asignación de individuos para la cuarta población varió de 20 a 35%, siendo las subespecies *C.c. californica* y *C.c. plumbea* con menor número de individuos asignados a esta población y *C.c. achrustera* la subespecie con mayor número (Figura 3.6).

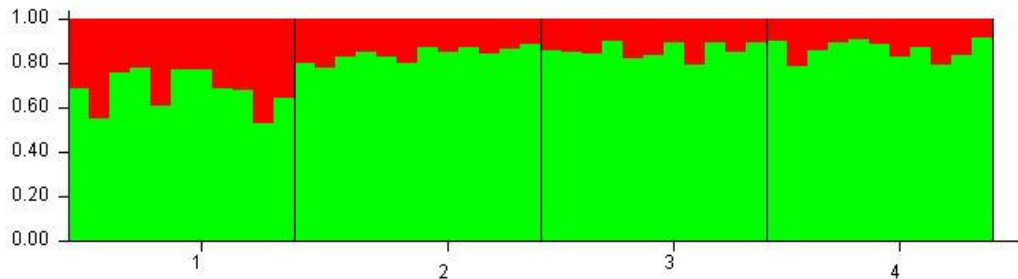


Figura 3.5. Gráfica de estructura de la poblacional con un valor óptimo estimado de K=2. Analizada utilizando los modelos: No admixture model y Allele frecuencias independent. Datos obtenidos del programa STRUCTURE.

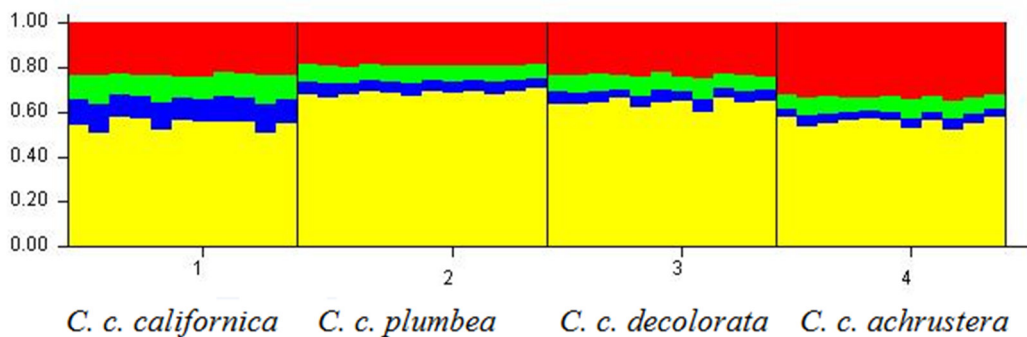


Figura 3.6. Gráfica de estructura de las poblaciones (K=4) analizadas utilizando los modelos: No admixture model, Allele frecuencias independent. Datos obtenidos del programa STRUCTURE.

Por otra parte, el árbol de consenso basado en las distancias genéticas de Nei, permitió identificar que la población Ccp (*C.c. plumbea*) se separa del resto de las poblaciones (Ccc

=*C.c. californica*, Ccd = *C.c. decolorata* y Cca = *C.c. achrustera*). Los valores de las distancias genéticas fueron bajos, indicando que las poblaciones son genéticamente cercanas (Figura 3.7, Tabla 3.8). La tendencia geográfica que se observa en el dendograma es una mayor similitud genética entre las subespecies de centro y sur de la península (*C.c. achrustera* y *C.c. decolorata*) y la subespecie más septentrional (*C.c. californica*) (Figura 3.8, Tabla 3.8).

La estructura genética fue también evaluada en tres niveles jerárquicos por un AMOVA. Los resultados no mostraron diferencias significativas entre las poblaciones, $P < 0.05$. Las diferencias significativas se encontraron entre los individuos dentro de las poblaciones y a nivel individual (Tabla 3.9). El 99% de la varianza genética total fue explicada por las diferencias entre los individuos (76%) y dentro de los individuos (23%) y sólo el 1% de variación se explicó por las diferencias entre las poblaciones de las subespecies (Tabla 3.9).

3.3.6. Conectividad genética

Los valores globales por pares de F_{st} estuvieron en intervalo de -0.009 a 0.172% (Tabla 3.10). La mayor diferenciación genética según los valores del índice F_{st} , se encontró entre las poblaciones (*C.c. californica* y *C.c. decolorata*), con un valor F_{st} de 17%, seguido de las poblaciones (*C.c. achrustera* y *C.c. decolorata*) con un valor F_{st} de 7% (Tabla 3.10). Sin embargo, ningún valor de probabilidad obtenidos de F_{st} fue significativamente diferente de cero ($P < 0.05$), lo que indica que no hay diferencia genética entre las poblaciones. El estimador F_{st} se genera por el balance entre el flujo genético, causado por la migración, y la deriva génica, que se refiere a los cambios en las frecuencias alélicas en una población debidas al azar. El índice de fijación oscila entre 0, cuando todos los demos de una metapoblación tienen las mismas frecuencias génicas, a 1, cuando los demos están fijados para distintos alelos (Fontdevila y Moya 1999).

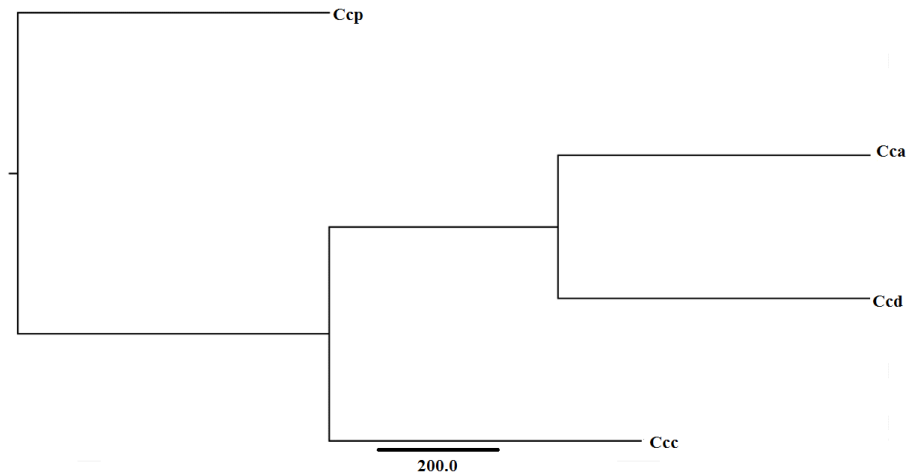


Figura 3.7. Visualización de las relaciones genéticas y separación entre las poblaciones analizadas basadas en las distancias genéticas de Nei entre los microsatélites utilizando el método del vecino más cercano. La longitud de los brazos es proporcional al número de sustituciones nucleotídicas. Las subespecies *C.c. californica* (Ccc), *C.c. plumbea* (Ccp), *C.c. decolorata* (Ccd) y *C.c. achruster* (Cca)

El número promedio de migrantes por generación calculados fue de 6.54. El programa GeneAlex estimó la migración de individuos en un intervalo de 5 a 10 (Tabla 3.10); el número menor de migrantes se presentó entre las poblaciones de las subespecies *Cc. plumbea* y *C.c. decolorata*, mientras que las poblaciones que presentaron mayor número de migrantes fueron *C.c. californica* y *C.c. achruster* (Tabla 3.10). El programa Migrate estimó un tamaño efectivo de la población de 10,455 individuos para la subespecie *C.c. californica*, 11,233 individuos para la subespecie *C.c. plumbea*, 11,150 individuos para *C.c. decolorata* y 11,434 individuos para *C.c. achruster*. Los resultados las tasas de migración (número de migrantes) estimados, por pares poblacionales y la dirección del flujo, para Migrate se observan en la Tabla 3.11.

Tabla 3.8. Matriz de distancias genética de Nei por pares para cada población. Las subespecies *C.c. californica* (Ccc), *C.c. plumbea* (Ccp), *C.c. decolorata* (Ccd) y *C.c. achruster* (Cca)

	Ccc	Ccp	Ccd	Cca
Ccc	****			
Ccp	0.314	****		
Ccd	0.379	0.192	****	
Cca	0.365	0.330	0.288	****

Tabla 3.9. Análisis jerárquico de la varianza molecular AMOVA de cuatro poblaciones. Grados de libertad (g.l.), componentes de la varianza y porcentaje de variación molecular son explicados por el nivel jerárquico. En negritas valores estadísticamente significativos ($p < 0.05$).

Fuente de variación	g. l.	Componentes Varianza	Varianza %	Valor P
Entre poblaciones	3	0.02659	0.91	0.99707
Entre los individuos dentro de las poblaciones	41	0.65966	22.59	0.00000
Individual	45	2.233333	76.49	0.00000

Tabla 3.10. Matriz de diferenciación de la población genética por pares para cada población. Valores de F_{st} debajo de la diagonal y Número de migrantes sobre la diagonal Nm. Ningún valor de F_{st} fue significativamente diferente de cero, $P < 0.05$. Las subespecies *C.c. californica* (Ccc), *C.c. plumbea* (Ccp), *C.c. decolorata* (Ccd) y *C.c. achruster* (Cca)

	Ccc	Ccp	Ccd	Cca
Ccc	****	7.086	5.778	10.132
Ccp	0.026	****	5.038	5.350
Ccd	0.172	0.026	****	5.883
Cca	-0.009	-0.007	0.077	****

Tabla 3.11. Tasa de migración (número de migrantes) analizado entre las poblaciones. Las poblaciones en las columnas están dando migrantes a las poblaciones en los renglones. En negritas se indica flujo genético unidireccional entre las poblaciones. Las subespecies *C.c. californica* (Ccc), *C.c. plumbea* (Ccp), *C.c. decolorata* (Ccd) y *C.c. achruster* (Cca)

	Ccc	Ccp	Ccd	Cca
Ccc	****	164.38	383.02	247.95
Ccp	276.88	****	258.85	281.45
Ccd	281.19	249.37	****	329.90
Cca	302.69	233.61	235.86	****

Los resultados obtenidos difieren de los estimados en GeneAlec por dos órdenes de magnitud. Estas diferencias son comunes y se deben al método utilizado para estimación en cada programa (Tripp-Valdez 2009). La mayor tasa de migración se observó entre la subespecie *C.c. californica*, que aportó 383 migrantes a la subespecie *C.c. decolorata*, lo que corresponde a 3.4% de su población efectiva estimada. La menor tasa de migración se presentó entre *C.c. californica* y *C.c. plumbea*, siendo únicamente de 164 migrantes que cedió *C.c. californica* y que correspondió al 1.4%.

3.4. DISCUSIÓN

3.4.1. Diversidad genética ADNmt e historia demográfica

El análisis de la diversidad genética en codornices del continente americano, se ha centrado en el uso de la región control del ADNmt como marcador molecular a nivel interespecífico (Williford *et al.* 2015), intraespecífico (Eo *et al.* 2010 y Williford *et al.* 2014, Halley *et al.* 2015) e infraespecífico (Eo *et al.* 2010 y Williford *et al.* 2014). Los trabajos genéticos existentes sobre codornices están dirigidos al análisis de las relaciones filogenéticas (Crowe *et al.* 2006, Cox *et al.* 2007) y filogeografías (Eo *et al.* 2010, Williford *et al.* 2014, Williford *et al.* 2015) de estas especies. El número de haplotipos ($n=3$) fue muy bajo, comparado con otras especies de codornices y Galliformes, que mostraron un intervalo de 7 a 58, siendo la codorniz yucateca *Colinus nigrogularis*, la especie que presento únicamente 7 haplotipos. Williford *et al.* (2015) atribuyen este número bajo de haplotipos en *C. nigrogularis* al tamaño de muestra ($n=16$). Por otra parte, el número de haplotipos disminuyó a nivel infraespecífico entre las codornices, mostrando entre 2 y 28 haplotipos entre las subespecies analizadas, siendo las subespecies *Callipepla s. squamata* y *C.s. hargravei* de la codorniz nortea las que presentaron este bajo número de haplotipos. Pero en este caso, el tamaño de muestra fue de $n=6$ para *C.s. squamata* y de $n=24$ para *C.s. hargravei*.

Para el presente estudio, es posible atribuir el escaso número de haplotipos al bajo tamaño de muestra ($n=37$), aunque al incrementar el tamaño de la muestra no significa necesariamente que se incrementará sustancialmente el número de haplotipos identificados. Tal es el caso de la subespecie *C.s. hargravei*, que a pesar de tener un tamaño de muestra cuatro veces mayor que la subespecie *C.s. squamata*, presentó el mismo número de haplotipos (Tabla 3.3). La diversidad haplotípica de *C. californica* fue moderada, $h=0.68$, al igual que la

Colinus nigrogularis, $h=0.69$, y la diversidad nucleotídica fue muy baja, $h=0.003$, al igual que *Callipepla squamata*, $h=0.002$. Ningún valor obtenido de las pruebas de neutralidad fue significativamente diferente, por lo que se asume que la población es estable demográficamente, ya que no existió evidencia de expansión poblacional o un cuello de botella, como en el caso de las especies *C. squamata* (Williford *et al.* 2014), dos de sus subespecies de *C. virginianus* (Eo *et al.* 2014, Williford *et al.* 2015) y de las especies *C. nigrogularis* y *C. cristatus* (Williford *et al.* 2015). Tomando en cuenta los resultados de los análisis realizados, así como la comparación con los resultados obtenidos en otras especies de codornices, y a pesar de las diferencias genéticas encontradas, no se tuvo la suficiente evidencia para discriminar entre subespecies taxonómicas, con base en las diferencias genéticas de un fragmento de la región control del ADNmt.

Análisis recientes encontraron que el tamaño del fragmento de la secuencia de ADNmt seleccionado para la determinación de la diversidad genética puede ser insuficiente para identificar diferencias a nivel intraespecífico, por lo que el análisis del genoma mitocondrial completo es más recomendable para este tipo de estudios (Halley *et al.* 2015).

3.4.2. Relaciones filogenéticas

La estructura poblacional inferida a través de la comparación de los haplotipos obtenidos en este trabajo con secuencias homólogas de otras especies de codornices y Galliformes, mostró una estructura filogeográfica congruente con lo esperado para ese grupo (Zink y Blackwell 1998, Crowe *et al.* 2006, Cox *et al.* 2007, Eo *et al.* 2010, Vázquez-Miranda 2014, Williford *et al.* 2014, Williford *et al.* 2015). Excepto para el haplotipo 1, que estuvo filogenéticamente relacionado con la especie *C. gambelii*, lo que nos indica que existieron individuos dentro de las subespecies que presentan en su genotipo secuencias ancestrales que comparten con la

codorniz de Gambel. Esto debido a que ambas especies comparten un mismo origen (Zink *et al.* 1987) y la divergencia entre ambas especies se ha estimado de hace 0.92 millones de años, es decir, es reciente (Vázquez-Miranda 2014). El origen de las codornices se dio en el suroeste de California, de donde se dispersaron hacia la península de Baja California hace aproximadamente 3 a 5 millones de años (Zink *et al.* 1987). Este haplotipo fue el menos frecuente, pero se encontró en tres de las subespecies muestreadas. La mayor frecuencia se presentó en la subespecie *C.c. achrustera* (64%), mientras que estuvo ausente en *C.c. decolorata*. La presencia de un haplotipo ancestral, muy frecuente en la subespecie más sureña podría explicarse por el aislamiento temporal de la Región del Cabo o por la presencia de una zona de refugio en la Región del Cabo, como se ha demostrado en una especie de colibrí endémico de la península de Baja California (González-Rubio Sanvicente 2016).

3.4.3. Análisis genéticos usando *Loci* microsatélites

Los microsatélites son marcadores genéticos con una amplia utilidad para valorar la diversidad genética, estructura poblacional y parámetros ecológicos, como tasas de migración y tamaño efectivo de la población (Getino-Mamet 2017). La estimación de las diferencias genéticas en aves, a través de *loci* microsatélites, han mostrado tener la suficiente resolución y polimorfismo para evaluar la variación genética intraespecífica, así como para determinar la diversidad genética a nivel regional (González-Rubio Sanvicente 2016, Sanvicente *et al.* 2016). Sin embargo, y a pesar del uso extenso de este marcador molecular, existen pocos estudios sobre aves Galliformes publicados que han empleado *loci* microsatelites para analizar la diversidad genética interespecífica (Gee 2003, 2004) e intraespecífica (Babar *et al.* 2012), la estructura poblacional (Caizergues *et al.* 2003) y el nivel de conectividad genética (Gee 2003, 2004).

La escasa cantidad de trabajos antes referida puede deberse en gran medida a que el diseño de microsatélites, tradicionalmente ha implicado un proceso que consume mucho tiempo y que no es fácil replicar (Caizergues *et al.* 2003). Sin embargo, el secuenciado de nueva generación NGS ha permitido incrementar la viabilidad del secuenciado, siendo más accesible y rápido para especies no modelo (Caizergues *et al.* 2003). Los microsatélites admiten estudios de diversidad genética a escala temporal y espacial más fina (González-Rubio Sanvicente 2016). Actualmente, el uso de nuevas tecnologías para la obtención de microsatélites perfectos, unidades repetidas de 2-6 pb con al menos 5 repeticiones para tetranucleotidos, ha permitido incrementar el nivel de resolución para este marcador molecular (González-Rubio Sanvicente 2016, Sanvicente *et al.* 2016). Incluso, con un número bajo de microsatélites y en casos de amplificación cruzada entre especies, baja diversidad genética y pequeño tamaño poblacional, se ha observado evidencia de información genética suficiente para abordar preguntas sobre procesos de divergencia poblacional, especiación y evolución (González-Rubio Sanvicente 2016).

Así mismo, la dificultad de obtener microsatélites específicos para especies de importancia cinegética como las codornices, sigue siendo un limitante importante para el uso de este marcador. Son pocos estudios en aves Galliformes que analizan los niveles de diversidad y estructura poblacional con microsatélites. Otro aspecto importante a considerar es la evaluación de la calidad de los microsatélites utilizados, lo cual permite tener resultados confiables. En el contexto del presente estudio de las subespecies de la codorniz de California en la península de Baja California, la evaluación de la calidad de los siete *loci* microsatélites utilizados para estimar el nivel de diferenciación genética, estructura poblacional y conectividad genética entre poblaciones de las subespecies cumplió con el nivel de confiabilidad esperado para los objetivos de este estudio, ya que fueron altamente informativos (Botstein *et al.* 1980), aportaron información independiente entre sí, fueron selectivamente neutros (Victoria-Cota

2010, González-Rubio Sanvicente 2016) y con una baja frecuencia de alelos nulos (Chapuis y Estoup 2006). Cabe señalar que una limitante de este estudio es que los microsatélites utilizados no fueron “perfectos”, por lo que existe la posibilidad de que el nivel de resolución no sea el óptimo para la comparación infraespecífica, es decir, entre subespecies. Adicionalmente, el número de individuos muestreados por localidad y por subespecie fue bajo, lo cual podría ocasionar que las poblaciones y subespecies no estén representadas adecuadamente. Aunque se cumplió con el tamaño mínimo de muestra ($n=5$) estimado por el programa Fstat.

3.4.4. Diversidad genética y estructura poblacional

El presente estudio sobre la variación fenotípica y genotípica de la codorniz de California (*Callipepla californica*) en la península de Baja California, representa el primero que utiliza como marcador molecular los *Loci* microsatélites para determinar la diversidad genética, grado de estructuración poblacional y conectividad genética. El nivel de variación genética encontrado en *C. californica*, en términos del número de alelos por locus (A), heterocigocidad observada (H_o) y heterocigocidad esperada (H_e), para este estudio fue consistente con los valores reportados para la especie por Gee *et al.* (2003), pero difirió de los valores obtenidos por Zink *et al.* (1987) que presentó un escaso número de alelos por locus. La heterocigocidad observada y esperada fue menor a la estimada en este trabajo. Esto se debe muy probablemente a una subestimación de la variación genética, por el uso de aloenzimas como marcador molecular en el trabajo Zink *et al.* (1987) (Apéndice 9). La codorniz de California muestra un alto nivel de polimorfismo, ligeramente mayor que otras especies de Galliformes, como la codorniz pechinegra *Odontophorus leuocolaemus* (Hale y Hughes 2003), la codorniz nortea *Colinus virginianus* (Schable *et al.* 2004, Faircloth *et al.* 2009) y el gallo lira *Tetrao*

tetrix (Caizergues *et al.* 2003). El nivel de polimorfismo de *Callipepla californica* fue muy similar al reportado para *Callipepla gambelli* (Gee *et al.* 2003, Apéndice 9).

Zink *et al.* (1987), estudiaron la diversidad genética, estructura poblacional y evolución de *C. californica*, y encontraron un nivel bajo de diferenciación genética con poca estructuración entre las poblaciones de California y Baja California, con excepción de la población continental de Tule Lake, la población californiana más septentrional, genéticamente más similar a las poblaciones peninsulares de Baja California que a otras poblaciones vecinas geográficamente.

El análisis de asignación Bayesiana con el programa Structure, sin suponer poblaciones definidas, clasificó a los individuos de las cuatro subespecies con base en su genotipo, en dos grupos ($K=2$) que asumiremos como poblaciones. Entre el 50 y el 30% de los individuos de cada subespecie, pertenecieron a una población genéticamente diferente del resto. Esto indica la presencia de estructura genética en *C. californica*, pero también evidencia que la subespecie como categoría taxonómica no está reflejando adecuadamente la diversidad genética observada. La presencia de un cierto nivel de estructura genética poblacional se evidenció también a través del análisis de las distancias genéticas de Nei, que mostró dos grupos poblacionales: uno formado por la subespecie *C.c. plumbea* y que se encontró genealógicamente separado del resto de las subespecies (Figura 3.7). Mientras que *C.c. californica* estuvo más relacionado con las subespecies del centro y sur de la península a pesar de la distancia geográfica entre ellas.

Por otra parte, el análisis de variación molecular no encontró diferencias significativas entre las poblaciones, $P < 0.05$, lo cual indicaría la falta de estructura poblacional. La variación observada en este estudio entre los individuos dentro de las poblaciones (23%) y dentro de los individuos (76%) fue muy alta (99%). El mismo patrón de variación genética fue observado en

C. squamata, donde el mayor porcentaje de variación genética se encontró dentro de las poblaciones, en un intervalo que fue del 80% a 94%, sin importar la forma en que las poblaciones de las subespecies *C.s. squamata*, *C.s. pallida*, *C.s. hargravei* y *C.s. castanogastris* fueron agrupadas, mientras que la variación entre grupos fue consistentemente baja (Willford et al. 2014). Al igual ocurre en *Colinus virginianus*, donde para el AMOVA se observaron bajos porcentajes de varianza genética entre subespecies (4.7%) y altos porcentajes de variación genética entre individuos dentro de la población (96.75%). Sin embargo, la varianza genética entre subespecies incrementó ligeramente (6.1%) cuando se analizaron dos de las subespecies (*C.v. marilandicus* y *C.v. virginianus*) como un sólo grupo, pero cuando se probó la hipótesis de que las subespecies formaban un sólo grupo, la variación genética encontrada no fue significativa (Eo et al. 2010). Cabe mencionar que ambos estudios con codornices del Nuevo Mundo utilizaron como marcador molecular un fragmento de la región control ADNmt.

El análisis de la varianza molecular compara entre grupos definidos previamente. En nuestro estudio, las poblaciones analizadas se determinaron por la pertenencia de los individuos a una subespecie taxonómica, con base en sus características fenotípicas, que no representan necesariamente su genotipo. Una limitante de este trabajo fue la imposibilidad de comparar entre las localidades de muestreo dentro de las poblaciones, debido a que la mayoría de los sitios muestreados contó solamente con uno o dos individuos.

3.4.5. Conectividad genética

El índice de fijación de Wright F_{st} es usado comúnmente para estimar la conectividad y el patrón de flujo genético entre poblaciones (Balloux y Lugon-Moulin 2002). El F_{st} mide de forma

indirecta el flujo genético entre las poblaciones (Garrido-Garduño y Vázquez-Domínguez 2013). Los resultados del AMOVA que indican la falta de estructura genética, fueron consistente con los valores obtenidos de F_{st} , ya que éstos no fueron significativamente distintos de cero. Lo que indica que las frecuencias alélicas en las poblaciones comparadas son estadísticamente iguales. Sin embargo, una limitante del uso del estadístico F_{st} es la alta sensibilidad del estimador a las tasas de mutación, desconocidas para muchos microsatélites, y que pueden llegar a ser muy altas entre alelos de un mismo locus y entre niveles taxonómicos (Balloux y Lugon-Moulin 2002). Por lo que los valores no significativos de F_{st} , así como un alto nivel de variación genética individual, pueden explicarse por la presencia de tasas de mutación muy altas entre los *loci* muestreados.

Se demostró también la existencia de flujo genético entre las subespecies analizadas, medido por el número de migrantes estimados en la población efectiva (Tabla 3.11). Los resultados sugieren un número de migrantes por generación elevado, donde la subespecie *C.c. californica* mostró el número más alto de migrantes. La presencia de flujo genético entre las poblaciones de las subespecies se puede explicar por la dinámica reproductiva y social de la especie, por ser una especie gregaria con intercambio de individuos durante la formación de la parvada. El proceso de formación de la parvada es dinámico e incluye principalmente machos jóvenes (Leopold 1977). Por lo que, a pesar de ser una especie con una dispersión restringida, el intercambio de individuos reproductivos entre las parvadas podría mantener la conectividad genética entre las poblaciones sin importar la distancia geográfica.

3.4.6. Implicaciones taxonómica y de conservación

Al igual que *C. squamata*, los patrones de diversidad genética observados en este estudio para las poblaciones de *C. californica*, no fueron consistentes con las subespecies nominales ni con

las posibles barreras geográficas. Estos patrones inconstantes pueden deberse a las limitantes propias de los marcadores moleculares utilizados en estos estudios (fragmentos cortos de ADNmt y microsatélites con dinucleótidos como motivos repetidos). Sin embargo, dos estudios independientes sobre una misma especie, la codorniz nortea, *Colinus virginianus* llegaron a resultados y conclusiones similares en relación a la diversidad genética de las subespecies analizadas, empleando en un caso un fragmento de la región control y en el otro la totalidad del genoma de la especie.

En el caso de las secuencias de ADNmt en codornices, se ha documentado que el tamaño del fragmento mitocondrial utilizado puede limitar la resolución de los análisis. Los fragmentos cortos típicamente usados para el análisis poblacionales y filogeográficos, fueron insuficientes para elucidar la verdadera estructura haplotípica mitocondrial, así como para detectar los niveles de divergencia en poblaciones estructuradas. Al comparar los resultados entre los fragmentos usados y los obtenidos empleando el genoma mitocondrial completo, se encontraron en *C. virginianus* dos linajes maternos claramente distinguibles que potencialmente se refieren a dos subespecies. Empero, las diferencias observadas no fueron concordantes con las subespecies taxonómicas, ya que la mayoría de los individuos pertenecientes a ambos linajes corresponden a individuos de la misma subespecie taxonómica *C.v. texanus* (Halley *et al.* 2015). El estudio realizado por Eo *et al.* (2010) sobre la misma especie años antes, llegó a resultados similares empleando sólo un fragmento de la región control mitocondrial de 655 pb. Los autores encontraron poca estructura poblacional, pero significativa entre las subespecies analizadas. En ambos casos, los resultados no soportaron la delimitación de las subespecies como unidades evolutivas de manera significativa.

Las diferencias genéticas a nivel poblacional son un referente para el manejo y conservación de la especie, pues pueden brindar claves para un manejo adecuado y la gestión de políticas públicas de conservación multidisciplinarias. Actualmente, el análisis de la

diversidad genética por arriba del nivel taxonómico de especie está más o menos definido. Sin embargo, a nivel infraespecífico es difícil delimitar adecuadamente la variación genética y sus implicaciones tanto taxonómicas como de manejo (Domínguez-Domínguez y Vázquez-Domínguez 2009). Por ejemplo, Eo *et al.* (2010) sugieren fusionar para su manejo y conservación en un sólo grupo a tres de las cuatro subespecies analizadas (*C.v. virginianus*, *C.v. marilandicus*, *C.v. mexicanus*) y tratar a la subespecie *C.v. floridanus* como una unidad separada.

En suma, los resultados del análisis de la variación genética en la codorniz de California (*C. californica*) en la península de Baja California no mostraron un patrón claramente definido y consistente con las subespecies putativas, al igual que lo reportado para otras especies de codornices (Eo *et al.* 2010, Williford *et al.* 2014, Halley *et al.* 2015). Taxonómicamente, las aves presentan una área de oportunidad para poner a prueba el valor predictivo de las subespecies, ya que casi la totalidad de los taxa se han descrito a nivel de especie y subespecie (Zink *et al.* 2004). Por lo cual, resultan necesarios más estudios que evalúen la variación genética y su congruencia con las subespecies nominales, a fin de aportar nueva evidencia para su manejo y conservación.

CONCLUSIONES GENERALES

1. Con base en los atributos morfológicos y colorimétricos analizados de la codorniz de California (*C. californica*) de la península de Baja California (PBC), no fue posible definir grupos congruentes con las subespecies nominales actualmente conocidas. Sin embargo, se evidenció la presencia de diferencias fenotípicas entre los sexos dependiendo de la categoría de análisis.
2. Taxonómicamente, los machos de *C. californica* de la península de Baja California se pueden diferenciar en dos grupos que incluyen individuos de las cuatro subespecies por la longitud de la mandíbula y por el porcentaje de luminosidad del flanco. Mientras que las hembras pueden separarse por la longitud del pico, no así por las variables de color.
3. Aparentemente, los individuos de las localidades tipo de las subespecies peninsulares conservan los caracteres diagnósticos empleados para la discriminación taxonómica específica. El patrón que explica mejor las variaciones morfológicas y colorimétricos observadas en este estudio es el patrón de mosaico.
4. Los caracteres colorimétricos son consistentes con la regla de Gloger, por lo que las variaciones colorimétricas que definen a las subespecies nominales podrían explicarse mejor por la variación clinal.
5. La resolución de la escala espacial empleada en el análisis de función discriminante, influyó en la identificación de patrones de variación fenotípicos que son distintos entre sexos.
6. Biogeográficamente los machos de la codorniz de California en la PBC se pueden distinguir por la longitud de pico y de la mandíbula y por la luminosidad del flanco. Mientras que las hembras se diferencian por la luminosidad de pecho.

7. Sin importar la categoría de análisis de función discriminante, los machos se discriminan por la longitud de la mandíbula y por la luminosidad del flanco. Las hembras se discriminan taxonómicamente por la longitud del pico y biogeográficamente por la luminosidad del pecho.
8. Se demostró la presencia de secuencias ancestrales conservadas en tres de las cuatro subespecies aquí analizadas.
9. La variación genética observada no fue congruente con las subespecies nominales de *C. californica* en la PBC, sin embargo, se requiere incrementar el poder de resolución de los marcadores moleculares usados, para detectar patrones de diferenciación genética a nivel infraespecífico, o bien para corroborar la falta de estructura genética en la especie.
10. No se puede descartar que la discontinuidad en variación genotípica pueda deberse a la presencia de un patrón en mosaico, como se ha detectado en otras especies a través del análisis genético del paisaje. Por lo que resulta necesario realizar este tipo de análisis en *C. californica* para elucidar si las diferencias genéticas observadas corresponde realmente, o no, a una estructura genética poblacional.

LITERATURA CITADA

- Aldás, J., E. Uriel. 2017. *Análisis multivariante aplicado con R*. Paraninfo, S.A. Madrid, España.
- Aljanabi, S.M., I. Martinez. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic acids research*, 25(22), 4692-4693.
- Álvarez-Castañeda S.T., E. Ríos, P. Cortés-Calva, N. González-Ruíz, C.G. Suárez-Gracida. 2008. *Mamíferos de las Reservas de El Valle de los Cirios y El Vizcaíno*. UAM, CIBNOR, CONABIO. La Paz, B.C.S., México.
- Arctos. 2016. Collaborative Collection Management Solutions. Disponible en: <https://arctos.database.museum/SpecimenSearch.cfm> (consultado el 7 de julio de 2016).
- Axelrod, D.I. 1948. Climate and evolution in western North America during middle Pliocene time. *Evolution*, 2(2), 127-144.
- Babar, M.E., A. Nadeem, T. Hussain, A. Wajid, S.A. Shah, M. Akram. 2012. Microsatellite marker based genetic diversity among four varieties of Pakistani Aseel Chicken. *Pak. Vet. J.*, 32(2), 237-241.
- Balloux, F., N. Lugon-Moulin. 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular ecology*, 11(2), 155-165.
- Baptista, L.F., J.E. Martínez Gómez. 2002. La investigación bioacústica de las aves del Archipiélago de Revillagigedo: un reporte de avance. *Huitzil*, 3(2):33-41.
- Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick, R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32(3), 314.
- Burt, E.H., J.M. Ichida. 2004. Gloger's rule feather-degrading bacteria and color variation among song sparrows. *The Condor* 106:681-686. DOI: <https://doi.org/10.1650/7383>.

- Caizergues, A., O. Rätti, P. Helle, L. Rotelli, L. Ellison, J.Y. Rasplus. 2003. Population genetic structure of male black grouse (*Tetrao tetrix* L.) in fragmented vs. continuous landscapes. *Molecular Ecology*, 12(9), 2297-2305.
- Calkins, J.D., N.T. Burley. 2003. Mate choice for multiple ornaments in the California quail *Callipepla californica*. *Animal Behaviour*, 65(1):69-81. DOI: <https://doi.org/10.1006/anbe.2002.2041>.
- Calkins, J.D., J. Gee, J.C. Hagelin, D.F. Lott. 2014. California Quail (*Callipepla californica*), version 2.0. In *The Birds of North America* (P.G. Rodewald, ed.). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, New York, EUA. DOI: <https://doi.org/10.2173/bna.473>.
- Carroll, J.P., J.C. Eitniear. 2000. Quails in Mexico: needs and opportunities. *Proceedings of the National Quail Symposium* 4:191-193.
- Castillo-Cobián, A. 2007. La selección natural a nivel molecular Pp. 12-43. *En* L. E. Eguiarte, V. Souza, X. Aguirre (comp.) *Ecología molecular*. SEMARNAT, INE, UNAM, CONABIO. México, D.F.
- Chapuis, M.P., A. Estoup, 2006. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular biology and evolution*, 24(3), 621-631.
- Contreras-Gil, J., R. Martínez-Gallardo, E. Mellink. 2007. Tasas de aprovechamiento cinegético autorizadas para Baja California, México. *Revista Latinoamericana de Recursos Naturales*, 3:129-137.
- Cox, W.A., R.T. Kimball, E.L. Braun. 2007. Phylogenetic position of the New World quail (Odontophoridae): eight nuclear loci and three mitochondrial regions contradict morphology and the Sibley-Ahlquist tapestry. *The Auk*, 124(1), 71-84.
- Crowe, T.M., R.C. Bowie, P. Bloomer, T.G. Mandiwana, T.A. Hedderson, E. Randi, J. Wakeling. 2006. Phylogenetics, biogeography and classification of, and character evolution in

gamebirds (Aves: Galliformes): effects of character exclusion, data partitioning and missing data. *Cladistics*, 22(6), 495-532.

Domínguez-Domínguez, O., E. Vázquez-Domínguez. 2009. Filogeografía: aplicaciones en taxonomía y conservación. *Animal biodiversity and conservation*, 32(1), 59-70.

Earl, D.A., B.M. vonHoldt, 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources*, 4(2), 359-361 DOI: 10.1007/s12686-011-9548-7.

Eitniear, J.C., T.A. Aragon. 2004. Changing densities of singing quail on the El Cielo Biosphere, Tamaulipas, Mexico: 1949-1996. Pp. 5-7. En J. C. Eitniear, J. T. Bacuus, S. L. Dingle, J. P. Carroll (eds.). *Conservation of Quail in the Neotropics*. Center of the study of tropical birds, San Antonio, Texas, EUA.

Eo, S.H., J.P. Wares, J.P. Carroll. 2010. Subspecies and units for conservation and management of the northern bobwhite in the eastern United States. *Conservation Genetics*, 11:867-875.

Escalante, T. 2009. Un ensayo sobre regionalización biogeográfica. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 80, 551-560.

Evanno, G., S. Regnaut, J. Goudet. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8), 2611-2620.

Faircloth, B.C., T.M. Terhune, N.A. Schable, T.C. Glenn, W.E. Palmer, J.P. Carroll. 2009. Ten microsatellite loci from Northern Bobwhite (*Colinus virginianus*). *Conservation genetics*, 10(3), 535-538.

Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. University of Washington Press, Sinauer Inc. Sunderland, Massachusetts, EUA.

- Feo, T.J., J.M. Musser, J. Berv, C.J. Clark. 2014. Divergence in morphology, calls, song, mechanical sounds, and genetics supports species status for the Inaguan hummingbird (Trochilidae: *Calliphlox "evelynae" lyrura*). *The Auk*, 132(1), 248-264.
- Fontdevila, A., A. Moya. 1999. *Introducción a la genética de poblaciones*. Síntesis, S. A., Madrid, España.
- Garrido-Garduño, T., E. Vázquez-Domínguez. 2013. Métodos de análisis genéticos, espaciales y de conectividad en genética del paisaje. *Revista mexicana de biodiversidad*, 84(3), 1031-1054.
- GBIF. 2016. Global Biodiversity Information Facility. Table, gallery, map, taxonomy and charts. Disponible en: https://www.gbif.org/occurrence/search?taxon_key=6085330&dataset_key=84b26828-f762-11e1-a439-00145eb45e9a (consultado el 17 de septiembre de 2016).
- Gee, J.M. 2003. How a hybrid zone is maintained: behavioral mechanisms of interbreeding between California and Gambel's quail (*Callipepla californica* and *C. gambelii*). *Evolution*, 57(10), 2407-2415.
- Gee, J.M. 2004. Gene flow across a climatic barrier between hybridizing avian species, California and Gambel's quail (*Callipepla californica* and *C. gambelii*). *Evolution*, 58(5), 1108-1121.
- Gee, J.M., J.D. Calkins, K. Petren. 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in hybridizing California and Gambel's quail (*Callipepla californica* and *C. gambelii*). *Molecular Ecology Resources*, 3(1), 35-36.
- Genelly, R.E. 1955. Annual cycle in a population of California quail. *The Condor*, 57(5), 263-285.
- Getino-Mamet, L.N., T. Valdivia-Carrillo, L.G. Daglio, F.J. García-De León. 2017. Isolation and characterization of 14 tetranucleotide microsatellite loci for the cannonball jellyfish

(*Stomolophus* sp.) by next generation sequencing. *Molecular biology reports*, 44(2), 257-260.

Gloger, C.L. 1883. *Das Abändern der Vogel durch Einfluss des Klimas*. A. Schulz, Breslau, Germany.

González, C., J.F. Ornelas, C. Gutiérrez. 2011. Selection and geographic isolation influence hummingbird speciation: genetic, acoustic and morphological divergence in the Wedge-tailed Sabrewing (*Campilopterus curvipennis*). *Evolutionary Biology*, 11(1):38-57.

González-Abraham, C.E., P.P. Garcillán, E. Ezcurra. 2010. Ecorregiones de la península de Baja California: una síntesis. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, (87), 69-82.

González-Rubio Sanvicente, C. 2016. *Filogeografía y estructura genética poblacional del colibrí de Xantus (Hylocharis xantusii) endémico de la península de Baja California*. Tesis de doctorado. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste. La Paz, Baja California Sur, México.

Grinnell, J. 1926. Another new race of Quail from Lower California. *The Condor*, 28(3):128-129.

Grinnell, J. 1928. A distributional summation of the ornithology of Lower Baja California. *University of California Publications in Zoology*, 32:1-300.

Grinnell, J. 1931. The type locality of the California quail. *The Condor*, 33(1):37-38.

Gutiérrez, R.J., R.M. Zink, S.Y. Yang. 1983. Genic variation, systematic, and biogeographic relationships of some galliform birds. *The Auk*, 33-47.

Hale, A.M., C.R. Hughes. 2003. Characterization of polymorphic microsatellite loci in a neotropical wood-quail, *Odontophorus leucolaemus*. *Molecular Ecology Resources*, 3(4), 508-510.

Halley, Y.A., D.L. Oldeschult, E.K. Bhattaria, J. Hill, R.P. Metz, C.D. Johnson, S.M. Presley, R.E. Ruzicka, D. Rollins, M.J. Peterson, W.J. Murphy, C.M. Seabury. 2015. Northern bobwhite (*Colinus virginianus*) mitochondrial population genomics reveals structure,

divergence, and evidence for heteroplasmy. *PloS ONE*, 10(12). DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0144913>.

Hernández, F., E.A. Lozano Cavazos, G. Chávez León, D.L. García Solórzano, A. Brennan. 2014. Codornices de México. Pp. 191-228. En R. Valdez, J.A. Ortega-S. (ed.). *Ecología y manejo de fauna silvestre en México* (No. 591.972 V3.). Editorial del Colegio de Postgraduados. C.P., UAC, IICA. Texcoco, Edo. Méx., México.

Howell S.N.G. 2001. Regional distribution of the breeding avifauna of the Baja California Peninsula. *Monographs in Field Ornithology*, 3:10-22.

Howell, S.N., S. Webb. (1995). *A guide to the birds of Mexico and northern Central America*. Oxford University Press.

Koford, E.J. 1987. Variations in California quail productivity in relation to precipitation in Baja California Norte. Master thesis, University of California-Davis, CA, EUA.

Koleff, P., J. Soberón. 2008. Patrones de diversidad especial en grupos de especies Pp. 323-364. En J. Soberón, G. Halffter, J. Llorente-Bousquets (comp.) *Capital natural de México Vol.1 Conocimiento actual de la biodiversidad*. CONABIO. México, D.F.

Leopold, A.S. 1977. *The California Quail*. University of California Press. Berkeley, CA, EUA.

McNaught, M.K., I.P. Owens. 2002. Interspecific variation in plumage colour among birds: species recognition or light environment? *Journal of Evolutionary Biology* 15(4):505-514. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1420-9101.2002.00431.x>.

Mesta, R., E. Fernández, O. Sánchez. 2011. La conservación y el manejo de codornices en el norte de México. Pp. 149-191 En O. Sánchez, P. Zamorano, E. Peters, H. Moya (ed.). *Temas sobre conservación de vertebrados silvestres en México*. Semarnat, INE, USF&WL, UPC, UAT, UAEM, México, D.F.

- Minolta. 1991. Chroma Meter CR-300/CR-310/CR-321/CR-331/CR-331C. Instruction Manual. Minolta Co, Ltd. Osaka, Japan.
- Mobley, J.A. 2009 (ed.). *Birds of the World*. Marshall Cavendish Corporation, New York, EUA.
- Piñero, D., J. Caballero-Mellado, D. Cabrera-Toledo, C. E. Canteros, A. Casas, A. Castañeda-Sortibrán. 2008. La diversidad genética como instrumento para la conservación y el aprovechamiento de la biodiversidad: estudios en especies mexicanas. *Capital natural de México*, 1:437-494.
- Pritchard, J.K., M. Stephens, P. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959.
- Pruett, C.L., S.E. Henke, S.M. Tanksley, M.F. Small, K.M. Hogan, J. Roberson. 2000. Mitochondrial DNA and morphological variation of white-winged doves in Texas. *The Condor*, 102(4):871-880. DOI: [https://doi.org/10.1650/0010-5422\(2000\)102\[0871:mdamvo\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1650/0010-5422(2000)102[0871:mdamvo]2.0.co;2).
- Pyle, P., S.N. Howell, F.Y. David. 1997. *Identification guide to North American birds* (No. C/598.297 P9). Slate Creek Press. Bolinas, CA, EUA.
- Rentería-Alcántara, M. 2007. Breve revisión de los marcadores moleculares Pp. 541-566. En L.E. Eguiarte, V. Souza, X. Aguirre (comp.) *Ecología molecular*. SEMARNAT, INE, UNAM, CONABIO. México, D.F.
- Ridgway, R., H. Friedmann. 1946. The birds of North and Middle America. *United State Natural Museum Bulletin*, 50(10):274-291.
- Rojas-Soto, O.R., O. Alcántara-Ayala, A.G. Navarro. 2003. Regionalization of the avifauna of the Baja California Peninsula, Mexico: a parsimony analysis of endemism and distributional modelling approach. *Journal of Biogeography*, 30(3), 449-461.

- Rojas-Soto, O.R., S. López de Aquino, L.A. Sánchez-González, B.E. Hernández-Baños. 2002. La colecta científica en el neotrópico: El caso de las aves de México. *Ornitología Neotropical*, 13:209-214
- Ruiz-Campos, G., A.J. Contreras-Balderas, M. Rodríguez-Meraz, M.E. Valles-Ríos. 2004. Catálogo de especímenes recientes de aves de las sierras Juárez y San Pedro Mártir, e inmediaciones, noroeste de Baja California, México. *Cotinga*, 21:45-58.
- Ruiz-Campos, G., S. Sánchez-González, R.L. Mayden, A. Varela-Romero. 2016. Meristic and morphometric comparison of an undescribed sucker of the Río Culiácan (*Catostomus* sp.) and Yaqui sucker (*Catostomus bernardini*) (Catostomidae, Teleostei) from de Sierra Madre Occidental, Mexico. *Revista Mexicana de biodiversidad*, 87:380-389.
- Sanvicente, C.G.R., R. Rodríguez-Estrella, O.A. Lozano-Garza, F.J. García-De-León. 2016. Genetic Diversity of the Endemic Xantus' Hummingbird Using 16 Novel Polymorphic Microsatellite Loci, and Their Cross Amplification between Six Related Species. *Open Journal of Genetics*, 6(01), 19.
- Schable, N.A., B.C. Faircloth, W.E. Palmer, J.P. Carroll, L.W. Buerger, L.A. Brennan, C. Hagen, T.C. Glenn. 2004. Tetranucleotide and dinucleotide microsatellite loci from the northern bobwhite (*Colinus virginianus*). *Molecular Ecology Notes*, 4(3), 415-419.
- SEMARNAT (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales). 2010. Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Protección Ambiental – Especies nativas de México de flora y fauna silvestres – Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio – lista de especies en riesgo. *Diario Oficial de la Federación*. 30 de diciembre de 2010, Segunda Sección. México, D.F. (Consultado el 12 de abril de 2018).

- SEMARNAT (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales). 2018. Disponible en: http://aplicaciones.semarnat.gob.mx/estadisticas/compendio2010/10.100.13.5_8080/ibi_apps/WFServletca40.html (consultado el 05 de julio de 2018).
- Solórzano S., K. Oyama. 2010. Morphometric and molecular differentiation between Quetzal subspecies of *Pharomachrus mocinno* (Trogoniformes: Trogonidae). *Revista de Biología Tropical*, 58(1):357-371.
- Thorpe, R.S. 1987. Geographic variation: A synthesis of cause, data, pattern and congruence in relation to subspecies, multivariate analysis and phylogenesis. *Italian Journal of Zoology*, 54(1):3-11. DOI: <https://doi.org/10.1080/11250008709355549>.
- Tripp-Valdez, M.A. 2009. *Análisis de la estructura genética poblacional del dorado (Coryphaena hippurus; Linnaeus 1758) en el noroeste del Pacífico mexicano y Golfo de California mediante el uso de microsatélites*. Tesis de maestría. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste. La Paz, Baja California Sur, México.
- Van Rossem, A.J. 1939. An Overlooked race of the California quail. *The Auk*, 56(1):68-69. DOI: <https://doi.org/10.2307/4078363>.
- Van Rossem, A.J. 1946. The California quail of Central Baja California. *The Condor*, 48(6):265-267. DOI: <https://doi.org/10.2307/1364078>.
- Vázquez-Miranda, H. 2014. *Multilocus assessment of population differentiation in Baja California birds: implication for community assembly and conservation*. Tesis de doctorado. University of Minnesota. Minneapolis, Minnesota, EUA.
- VertNet. 2016. National Science Foundation. Database. Disponible en: <http://portal.vertnet.org/search?q=callipepla+californica+plumbea> (consultado el 23 de septiembre de 2016).

- Victoria-Cota, N.L. 2010. *Parentesco entre ballenas azules (Balaenoptera musculus) con distintos patrones de asociación en el Golfo de California, México*. Tesis de maestría. Universidad Autónoma de Baja California. Ensenada, Baja California, México.
- Wilbur, S.R. 1987. *Birds of Baja California*. University of California Press, Berkeley, California, EEUUA.
- Williford, D., R.W. DeYoung, R.L. Honeycutt, L.A. Brennan, F. Hernández. 2014. Phylogeography of the scaled quail in the American Southwest. *Western North American Naturalist*, 18-32.
- Williford, D., R.W. Deyoung, R.L. Honeycutt, L.A. Brennan, F. Hernández. 2015. Phylogeography of the bobwhite (*Colinus*) quails. *Wildlife Monographs*, 193(1), 1-49.
- Wood, D.S. 1992. Color and size variation in Eastern White-Breasted Nuthatches. *Willson Bulletin*, 104(4):599-611.
- Zink, R.M. 2004. The role of subspecies in obscuring avian biological diversity and misleading conservation policy. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 271(1539), 561-564.
- Zink, R.M., R.C. Blackwell. 1997. Species limit in the Le Contes's thrasher. *The Condor*, 99(1):132-138. DOI: <https://doi.org/10.2307/1370231>.
- Zink, R.M., R.C. Blackwell. 1998. Molecular systematics of the scaled quail complex (genus *Callipepla*). *The Auk*, 394-403.
- Zink, R.M., G.F. Barrowclough, J.L. Atwood, R.C. Blackwell-Rago. 2000. Genetics, taxonomy, and conservation of the threatened California gnatcatcher. *Conservation Biology*, 14(5):1394-1405. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2000.99082.x>.
- Zink, R.M., J.G. Groth, H. Vázquez-Miranda, G.F. Barrowclough. 2013. Phylogeography of the California Gnatcatcher (*Polioptila californica*) using multilocus DNA sequences and

ecological niche modeling: Implications for conservation. *The Auk*, 130(3):449-458. DOI: <https://doi.org/10.1525/auk.2013.12241>.

Zink, R.M., J.G. Groth, H. Vázquez-Miranda, G.F. Barrowclough. 2016. Geographic variation, null hypotheses, and subspecies limits in the California Gnatcatcher: A response to McCormack and Maley. *The Auk*, 133(1):59-68. DOI: <https://doi.org/10.1642/AUK-15-63.1>.

Zink, R.M., D.F. Lott, D.W. Anderson. 1987. Genetic variation, population structure and evolution of California quail. *The Condor*, 89:395-405. DOI: <https://doi.org/10.2307/1368493>

APÉNDICES

Apéndice 1. Lostado de especímenes examinados de *Callipepla californica* de la península de Baja California, incluyendo como grupo externo especímenes de la localidad tipo de *C.c. californica* de Monterey, California, EEUUA. MVZ = Museo de Zoología de Vertebrados en Berkeley (EEUUA), CAS = Academia de Ciencias de California en San Francisco (EEUUA), UABC = Universidad Autónoma de Baja California (México), SDNHM = Museo de Historia Natural de San Diego (EEUUA). M = macho, H = hembra, *Sierra Juárez, ** Sierra de San Pedro Mártir.

Núm.	Sitio	Subespecie	Colección	Número de catálogo del espécimen	Número de individuos	Coordenadas geográficas
1	Little Sur River, Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	44274	0H 1M=1	36°20'24"N, 121°48'09"W
2	Vicinity Point Sur, Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	18258	0H 1M=1	36°18'23"N, 121°53'55"W
3	Big Sur River, Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	17690, 17689, 17688	1H 2M=3	36°15'00"N, 121°43'39"W
4	Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	8719	0H 1M=1	36°14'02"N, 121°03'40"W
5	Sur Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	58761, 58760	1H 1M=2	35°48'49"N, 120°58'24"W
6	Monte Mars, Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	44273, 44275, 44276	1H 2M=3	35°48'45"N, 121°20'29"W
7	20 millas S King City, Monterey, CA	<i>C.c. californica</i>	CAS	87952, 87951	1H 1M=2	35°55'29"N, 121°07'41"W
8	Sun Valley, San Diego, CA	<i>C.c. californica</i>	UABC	548	0H 1M=1	32°46'15"N, 117°01'02"W
9	Salida Norte del Valle Nacho Güero*	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	52124, 52125; 52129, 52128, 52127, 52126	2H 4M=6	32°36'00"N, 116°21'00"W
10	Espedito (Escondido), Tecate	<i>C.c. californica</i>	SDNHM	35277	1H 0M=1	32°33'36"N, 116°25'12"W
11	Tecate	<i>C.c. californica</i>	SDNHM	253	0H 1M=1	32°33'00"N, 116°39'09"W
12	Cerca de Tijuana	<i>C.c. californica</i>	SDNHM	31092, 31094, 31095, 31096, 31093, 31091, 31090 31089	4H 4M=8	32°31'48"N, 117°01'39"W
13	5 millas S del monumento 258, Tijuana	<i>C.c. californica</i>	MVZ	52119, 52118, 52116, 52117	1H 3M=4	32°27'31"N, 117°6'42"W
14	Islas Coronado	<i>C.c. californica</i>	CAS	11460, 11458, 11459, 73776	1H 3M=4	32°26'32"N, 117°17'51"W
15	Ejido Neji	<i>C.c. californica</i>	UABC	184	1H 0M=1	32°24'N, 116°19'W
16	Camino al S Valle de Las Palmas	<i>C.c. californica</i>	MVZ	52121, 52122, 52120, 52123	2H 2M=4	32°23'27"N, 116°44'13"W
17	Camino al Rancho Buenos Aires, Tij.	<i>C.c. californica</i>	UABC	1356	0H 1M=1	32°21'30"N, 116°52'00"W
18	Los Pozos*	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	49799, 49802, 49801, 49800	1H 3M=4	32°17'18"N, 115°51'51"W
19	Rancho La Bellota*	<i>C.c. californica</i>	UABC	1933	0H 1M=1	32°09'26"N, 116°27'45"W
20	Rancho Kodoraki Arroyo Casita Trib.	<i>C.c. californica</i>	UABC	1409	0H 1M=1	32°06'N, 116°26'W
21	Rancho Casa Verde*	<i>C.c. californica</i>	UABC	465, 123, 173	2H 1M=3	32°04'N, 116°05'W
22	Laguna Hanson A*	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	49797, 49793, 49792, 49798, 49796, 49795, 49794, 49791	3H 5M=8	32°03'12"N, 115°54'26"W
23	Laguna Hanson B*	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	31110, 31109, 10975, 10974, 31107, 31108, 11078	3H 4M=7	32°02'48"N, 115°54'39"W
24	Arroyo San Antonio Minas, Ensenada	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1431	0H 1M=1	31°58'32"N, 116°37'38"W
25	Rancho Arrastraderos, Ojos Negros*	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1515	0H 1M=1	31°56'24"N, 115°38'24"W
26	Presa Emilio López, Ensenada	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	252	0H 1M=1	31°55'14"N, 116°36'16"W
			CAS	11464, 11465, 11461, 11462, 11463	2H 3M=5	31°55'14"N, 116°36'16"W
27	Las Cruces, 20 millas E de Ensenada*	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	49810	0H 1M=1	31°55'00"N, 116°23'00"W
28	Rancho Ojos Negros*	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	49803	0H 1M=1	31°54'48"N, 116°18'06"W
29	La Zorra*	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1624	1H 0M=1	31°54'44"N, 116°05'34"W
30	Valle San Rafael*	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	11039	0H 1M=1	31°52'00"N, 116°12'00"W
31	Cañón San Carlos, Ensenada	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	443	0H 1M=1	31°47'44"N, 116°26'36"W
32	Camino a San Felipe Km 73*	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	906	0H 1M=1	31°45'14"N, 115°59'33"W
33	Ejido Uruapan	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	588, 595, 596, 587, 589, 602, 601	2H 5M=7	31°37'04"N, 116°26'52"W
34	10 millas SE Álamo**	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	11111, 11120, 11121, 31099, 31100, 31102, 31103, 31101 11119, 11112, 31105, 31104, 11079, 31106	8H 6M=14	31°34'00"N, 116°08'03"W
35	Santo Tomás, Colonia Trujillo	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	182	0H 1M=1	31°33'15"N, 116°24'32"W
36	Km 25 camino a Arroyo San Antonio	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1245, 1255	2H 0M=2	31°32'33"N, 116°38'29"W
37	Valle de la Trinidad	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	49809, 49807, 49805, 49808, 49806, 49804	3H 3M=6	31°24'00"N, 115°43'23"W
38	Agua Amarga	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	30517, 30519, 30516, 30518	2H 2M=4	31°22'12"N, 116°03'00"W

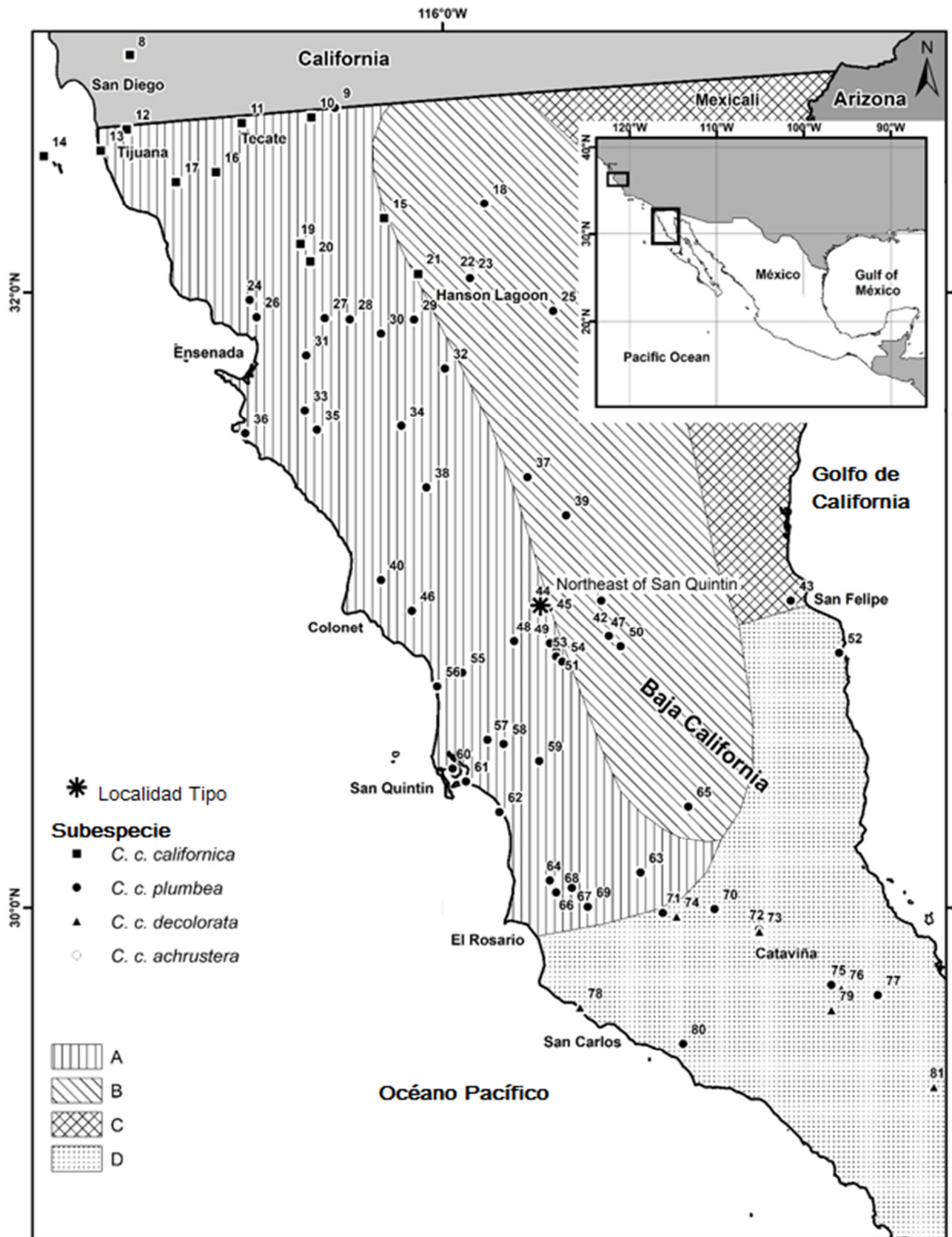
39	Camino a Rancho Mike's Sky**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	921	0H 1M=1	31°16'34"N, 115°35'51"W
40	Colnet, Lat 31°	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	46214	0H 1M=1	31°04'00"N, 116°12'00"W
41	Cañón El Cajón**	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	47915, 47911, 47916, 47912, 47910, 47909	2H 4M=6	31°03'00"N, 115°26'37"W
42	Vallecitos**	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	47162, 47163	1H 1M=2	31°00'00"N, 115°29'00"W
43	San Felipe	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	47908, 47907	0H 2M=2	31°00'00"N, 114°52'02"W
44	San José, Lat 31°**	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	10819, 10820, 10821, 10823, 10824, 10825	4H 2M=6	30°59'N, 115°41'W
		<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	46212, 47220, 46213, 47219	2H 2M=4	
45	Camino a San Telmo**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	2038	0H 1M=1	30°58'28"N, 115°39'16"W
46	San Telmo	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1400	0H 1M=1	30°58'00"N, 116°06'00"W
			MVZ	46897	0H 1M=1	
47	La Grulla A**	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	47221, 46208, 46207, 47222, 46211, 46210, 46209	3H 4M=7	30°53'00"N, 115°27'30"W
48	Valladares **	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	47218	0H 1M=1	30°52'00"N, 115°46'00"W
49	Arroyo Santa Cruz**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	789	1H 0M=1	30°52'N, 115°39'W
50	Arroyo Valladares**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1110	0H 1M=1	30°51'N, 115°42'W
51	Camino a Rancho San Antonio**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1115	0H 1M=1	30°49'57"N, 115°37'46"W
52	Campo Percebú, San Felipe**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	632, 770	1H 1M=2	30°49'41"N, 114°42'33"W
53	La Grulla B**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	291, 271	0H 2M=2	30°48'59"N, 115°37'47"W
54	Rancho San Antonio**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1116, 1152, 1369, 1346	1H 3M=4	30°48'N, 115°37'W
			CAS	73800, 73801	1H 1M=2	
55	Santo Domingo	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	46901, 46899, 46900, 46898	2H 2M=4	30°45'51"N, 115°56'11"W
56	San Ramón, N Santo Domingo	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	46902, 46903, 47217	1H 2M=3	30°43'11"N, 116°01'03"W
57	Arroyo Nuevo York	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	46908, 46907, 100333, 46905, 46904, 46906	3H 3M=6	30°32'48"N, 115°51'14"W
58	Acapta spring cerca San Quintín	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	31097	0H 1M=1	30°32'00"N, 115°48'03"W
59	29 millas N El Rosario	<i>C.c. plumbea</i>	CAS	73808	0H 1M=1	30°28'42"N, 115°41'05"W
60	Campo San Quintín	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	31112	1H 0M=1	30°27'12"N, 115°58'03"W
61	Cielito Lindo, San Quintín	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1926, 1925, 1924	0H 3M=3	30°18'46"N, 115°48'52"W
62	Socorro	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	59258, 59259	1H 1M=2	30°06'52"N, 115°21'19"W
63	Laguna, Arroyo San Juan de Dios**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	1705	1H 0M=1	30°06'52"N, 115°21'19"W
64	5 millas E El Rosario	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	8606	0H 1M=1	30°05'24"N, 115°39'00"W
65	El Cartabón**	<i>C.c. plumbea</i>	UABC	18, 19, 21	0H 3M=3	30°05'N, 115°12'W
66	10 millas E El Rosario	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	59250	0H 1M=1	30°03'52"N, 115°34'44"W
67	15 millas E El Rosario	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	126613, 126612	1H 1M=2	30°03'00"N, 115°27'13"W
68	12 millas E El Rosario	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	126611, 126610, 126609	1H 2M=3	30°02'58"N, 115°37'48"W
69	14 millas E Rosario	<i>C.c. plumbea</i>	CAS	73809, 73802, 73803	1H 2M=3	30°00'11"N, 115°31'37"W
70	10 millas NO El Águila	<i>C.c. plumbea</i>	CAS	73804	1H 0M=1	29°59'45"N, 115°06'54"W
71	San Fernando	<i>C.c. plumbea</i>	CAS	44335, 44334, 38225, 44333, 44332	2H 3M=5	29°59'N, 115°17'W
			MVZ	59252, 59253, 59251	1H 2M=3	
72	San Agustín A	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	13473, 13472, 13470, 13471, 13597, 13598	1H 5M=6	29°55'48"N, 114°58'12"W
73	San Agustín B	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	59254, 59255	1H 1M=2	29°55'18"N, 114°58'08"W
74	Arroyo San Fernando**	<i>C.c. decolorata</i>	UABC	1264	1H 0M=1	29°58'13"N, 115°14'17"W
75	Cataviña A	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	13667, 13666	1H 1M=2	29°45'00"N, 114°44'02"W
76	Cataviña B	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	59256	1H 0M=1	29°44'08"N, 114°42'06"W
77	Misión Santa María	<i>C.c. plumbea</i>	MVZ	59257	0H 1M=1	29°43'00"N, 114°35'00"W
78	Camino a San Carlos, Ensenada	<i>C.c. decolorata</i>	UABC	999	1H 0M=1	29°40'30"N, 115°33'08"W
79	7 millas S Cataviña	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	11774, 11775, 31046, 11773, 31044	3H 2M=5	29°40'01"N, 114°44'02"W
80	5 millas NE Santa Catarina	<i>C.c. plumbea</i>	SDNHM	8633, 8635, 8634	1H 2M=3	29°33'31"N, 115°13'02"W
81	28 millas S Cataviña	<i>C.c. decolorata</i>	CAS	73805	1H 0M=1	29°24'54"N, 114°24'03"W
82	25 millas N Punta Prieta	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	14032, 14033, 14034, 14035, 14030, 14031	4H 2M=6	29°14'49"N, 114°09'56"W
83	Campo Los Ángeles	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	11955, 31042, 11956, 31043	2H 2M=4	28°56'31"N, 113°33'02"W
84	5 millas SO Punta Prieta	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	13756, 13755	1H 1M=2	28°52'19"N, 114°11'44"W
85	Misión San Borja	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	30203, 30206	0H 2M=2	28°45'01"N, 113°45'02"W
86	San Andrés	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	11794, 31045, 13813	3H 0M=3	28°43'01"N, 114°15'02"W
87	Sierra San Borja, San Juan Mirre	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	30208	0H 1M=1	28°37'37"N, 113°45'20"W
88	Bahía Santa Teresa	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	15255, 15254	1H 1M=2	28°23'01"N, 112°53'02"W

89	Rancho Mesquital	<i>C.c. decolorata</i>	CAS	31438	0H 1M=1	28°15'51"N, 113°48'21"W
			MVZ	50756, 50757	1H 1M=2	
90	1 milla SE Rancho Mesquital	<i>C.c. decolorata</i>	CAS	73810	0H 1M=1	28°15'25"N, 113°47'30"W
91	15 millas SE El Mesquital	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	116080	0H 1M=1	28°05'24"N, 113°38'24"W
92	Bahía Santa Ana	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	57151, 57152	1H 1M=2	27°38'52"N, 112°35'51"W
93	25 millas E San Ignacio	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	50754	1H 0M=1	27°24'25"N, 112°32'34"W
94	Bahía Santa Rosalía	<i>C.c. decolorata</i>	CAS	31440, 31439	1H 1M=2	27°20'28"N, 112°16'01"W
95	San Ignacio A	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	50755, 50751, 50749, 50753, 50752, 50750, 50748	3H 4M=7	27°18'00"N, 112°54'00"W
		<i>C.c. decolorata</i>	CAS	31434, 31435, 31437, 31430, 31431, 31432, 31433, 31436	3H 5M=8	27°18'00"N, 112°54'00"W
		<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	11844, 31050, 11900, 11901, 31049, 11917, 15250, 20427		27°18'00"N, 112°54'00"W
				11845, 31048, 11899, 31047, 20428	8H 5M=13	27°18'00"N, 112°54'00"W
96	San Ignacio B	<i>C.c. decolorata</i>	UABC	1932, 1931	1H 1M=2	27°17'52"N, 112°52'24"W
97	San Bruno 27°9'	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	15253, 15252	1H 1M=2	27°09'N, 112°10'W
98	2 millas N San Bruno	<i>C.c. decolorata</i>	CAS	73807, 73806	1H 1M=2	27°10'07"N, 112°10'50"W
99	Cueva Coyote, Bahía Concepción	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	15251	0H 1M=1	26°43'13"N, 111°55'44"W
100	Comondú	<i>C.c. decolorata</i>	MVZ	59261, 59260	0H 2M=2	26°03'24"N, 111°49'02"W
101	Santo Domingo Lat 25°30'	<i>C.c. decolorata</i>	SDNHM	18430, 18431, 18432, 18433, 18434	2H 3M=5	25°30'19"N, 111°55'14"W
102	Camino San Carlos Km 13 Cd. Constit.	<i>C.c. decolorata</i>	UABC	1927	0H 1M=1	24°56'47"N, 111°57'00"W
103	Laguna al N Bahía Magdalena	<i>C.c. achrustera</i>	SDNHM	15249	0H 1M=1	24°39'43"N, 111°50'20"W
104	La Paz	<i>C.c. achrustera</i>	UABC	2006	1H 0M=1	24°08'32"N, 110°18'39"W
			MVZ	45145, 45146, 45144, 59270, 59264, 59263, 59262	1H 6M=7	
105	Los Pisos, Sierra Cacachilas	<i>C.c. achrustera</i>	UABC	2030	1H 0M=1	24°07'31"N, 110°03'49"W
106	3 millas S La Paz	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54941, 54943, 54942, 54940	2H 2M=4	24°07'23"N, 110°18'00"W
107	2 millas SO La Paz	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54939, 54935, 54934, 54938, 54937, 54936	3H 3M=6	24°07'12"N, 110°19'48"W
108	4 millas S La Paz	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54944	0H 1M=1	24°05'52"N, 110°20'06"W
109	Ejido Álvaro Obregón	<i>C.c. achrustera</i>	UABC	2008, 2007	1H 1M=2	23°42'59"N, 110°11'37"W
110	Todos Santos	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54933	1H 0M=1	23°27'00"N, 110°13'00"W
111	Agua Caliente	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54954, 54949, 54955, 54956, 54948	2H 3M=5	23°26'31"N, 109°46'29"W
112	Miraflores	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	59268, 59267, 59266, 59265	1H 3M=4	23°22'01"N, 109°46'28"W
		<i>C.c. achrustera</i>	CAS	38226	0H 1M=1	
113	Santa Anita	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54946	0H 1M=1	23°10'42"N, 109°42'04"W
114	Cabo San Lucas	<i>C.c. achrustera</i>	MVZ	54945	0H 1M=1	22°53'00"N, 109°54'00"W
					135H	
					203M	
					338	
				Total		

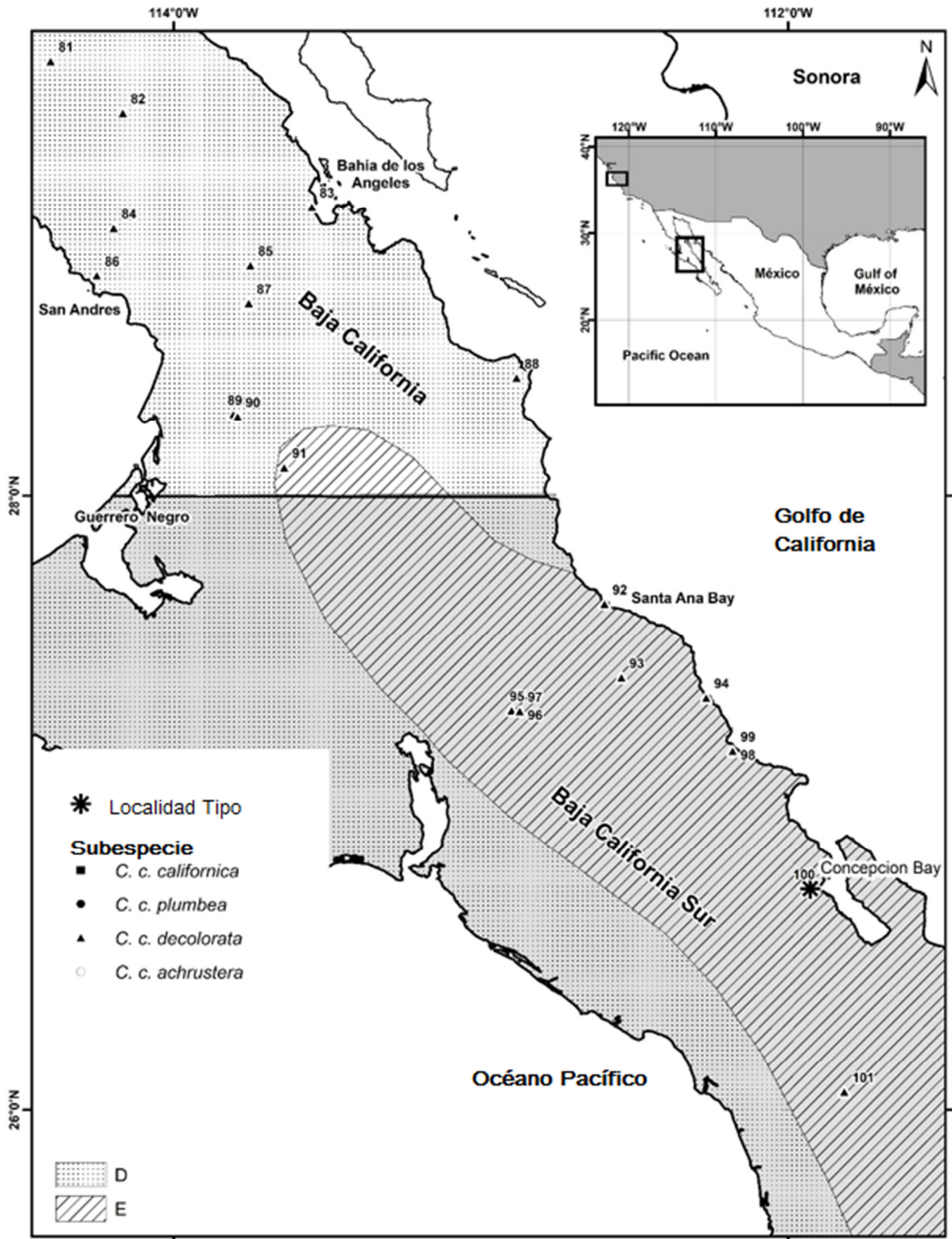
Apéndice 2. Medidas (media \pm desviación estándar en mm) de las variables morfométricas y colorimétricas por subespecies y localidades tipo para *Callipepla californica* de la península de Baja California, México.

VARIABLE MORFOMÉTRICA											
SUBESPECIE	SEXO	n=	WCL	TiL	TrL	MTo	ML	BeLN	ECL	BeW	BeD
<i>C.c. achruster</i>	Machos	23	105.10 \pm 5.10	92.38 \pm 4.94	32.84 \pm 2.00	26.45 \pm 1.98	10.43 \pm 0.88	8.28 \pm 0.74	13.20 \pm 0.86	8.85 \pm 0.57	8.51 \pm 0.58
	Hembras	14	102.59 \pm 3.10	91.86 \pm 7.92	31.33 \pm 1.87	25.34 \pm 1.59	10.18 \pm 1.09	7.89 \pm 0.98	12.15 \pm 1.46	8.38 \pm 0.90	7.99 \pm 0.65
<i>C.c. decolorata</i>	Machos	42	107.16 \pm 4.45	91.88 \pm 8.07	32.59 \pm 2.73	26.05 \pm 1.24	10.29 \pm 1.37	8.41 \pm 0.68	13.26 \pm 0.91	8.93 \pm 0.85	8.36 \pm 0.62
	Hembras	41	103.40 \pm 5.57	89.43 \pm 5.94	31.79 \pm 1.91	25.44 \pm 1.61	10.19 \pm 1.19	8.09 \pm 0.65	12.97 \pm 0.87	8.53 \pm 0.75	8.15 \pm 0.60
<i>C.c. plumbea</i>	Machos	109	105.53 \pm 5.00	91.68 \pm 6.28	32.80 \pm 1.92	25.97 \pm 1.55	9.49 \pm 1.73	7.96 \pm 0.69	13.26 \pm 0.91	9.53 \pm 0.91	9.17 \pm 0.97
	Hembras	64	104.32 \pm 4.33	87.72 \pm 6.49	32.39 \pm 1.83	25.56 \pm 1.30	10.65 \pm 11.84	7.66 \pm 0.61	12.45 \pm 1.02	7.95 \pm 0.55	7.83 \pm 0.65
<i>C.c. californica</i>	Machos	27	107.57 \pm 5.50	89.72 \pm 9.08	32.85 \pm 1.91	25.90 \pm 1.29	9.17 \pm 2.06	7.92 \pm 0.56	12.51 \pm 1.09	8.09 \pm 0.83	8.11 \pm 0.59
	Hembras	16	106.22 \pm 7.99	85.82 \pm 5.56	36.65 \pm 17.83	25.29 \pm 2.21	8.95 \pm 2.36	7.69 \pm 0.90	12.27 \pm 1.03	7.96 \pm 0.53	7.78 \pm 0.49
LOCALIDAD TIPO											
<i>C.c. achruster</i> La Paz, BCS	Machos	12	103.96 \pm 4.57	93.92 \pm 4.24	33.34 \pm 2.16	26.97 \pm 2.34	10.46 \pm 0.84	8.21 \pm 0.72	13.03 \pm 0.85	8.87 \pm 0.42	8.60 \pm 0.65
	Hembras	8	103.26 \pm 2.47	90.55 \pm 9.97	31.03 \pm 2.33	25.23 \pm 1.52	9.70 \pm 1.04	7.75 \pm 1.12	11.57 \pm 1.65	7.99 \pm 1.01	7.83 \pm 0.71
<i>C.c. decolorata</i> Bahía Concepción, BCS	Machos	3	109.27 \pm 5.67	95.10 \pm 9.50	33.46 \pm 2.34	26.45 \pm 0.16	11.35 \pm 1.23	9.09 \pm 0.30	14.15 \pm 0.66	9.09 \pm 1.00	8.49 \pm 0.81
	Hembras	0	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
<i>C.c. plumbea</i> San Quintín, BC	Machos	5	103.54 \pm 5.80	90.14 \pm 7.22	31.66 \pm 1.19	25.71 \pm 1.25	7.94 \pm 1.23	7.65 \pm 0.49	12.18 \pm 0.97	8.05 \pm 0.49	7.37 \pm 0.50
	Hembras	4	104.42 \pm 2.99	86.91 \pm 2.73	32.15 \pm 1.46	26.28 \pm 0.45	8.69 \pm 1.05	7.24 \pm 0.41	11.99 \pm 1.21	7.71 \pm 0.92	7.91 \pm 0.78
<i>C.c. californica</i> Monterey, CA	Machos	9	111.21 \pm 5.38	86.78 \pm 9.20	33.72 \pm 2.25	26.83 \pm 1.00	7.63 \pm 0.60	8.04 \pm 0.49	12.51 \pm 0.53	7.76 \pm 0.37	7.89 \pm 0.51
	Hembras	4	110.30 \pm 1.94	86.46 \pm 6.32	50.75 \pm 34.86	26.39 \pm 2.15	7.30 \pm 1.31	8.21 \pm 0.41	12.59 \pm 0.96	7.97 \pm 0.46	7.72 \pm 0.38
VARIABLE COLOMÉTRICA											
SUBESPECIE	SEXO	n=	Br	TP	BP	UBa	LBa	TB	RF	LF	AB
<i>C.c. achruster</i>	Machos	34	42.52 \pm 2.37	56.67 \pm 5.43	36.43 \pm 25.32	38.85 \pm 24.16	45.17 \pm 33.01	36.56 \pm 11.85	40.88 \pm 23.83	40.88 \pm 23.80	ND
	Hembras	29	45.74 \pm 12.15	ND	ND	35.73 \pm 13.08	37.57 \pm 12.54	41.00 \pm 21.13	37.22 \pm 12.73	37.67 \pm 12.68	57.14 \pm 10.17
<i>C.c. decolorata</i>	Machos	27	41.75 \pm 1.23	55.07 \pm 3.98	28.49 \pm 5.08	33.09 \pm 1.22	40.81 \pm 26.86	38.90 \pm 18.51	34.54 \pm 1.63	34.87 \pm 2.03	ND
	Hembras	20	43.08 \pm 2.14	ND	ND	32.67 \pm 2.08	37.74 \pm 15.24	36.90 \pm 15.39	33.86 \pm 2.78	34.65 \pm 2.44	54.67 \pm 3.26
<i>C.c. plumbea</i>	Machos	77	40.75 \pm 15.58	51.48 \pm 3.88	26.86 \pm 5.39	31.50 \pm 1.83	38.90 \pm 27.63	34.98 \pm 13.84	32.95 \pm 1.92	36.80 \pm 22.79	ND
	Hembras	54	42.64 \pm 9.31	ND	ND	31.76 \pm 10.05	35.30 \pm 13.39	33.74 \pm 13.60	34.98 \pm 13.48	33.93 \pm 9.79	51.85 \pm 8.19
<i>C.c. californica</i>	Machos	25	38.38 \pm 2.45	48.29 \pm 5.12	27.02 \pm 4.99	31.36 \pm 1.63	38.88 \pm 5.69	36.83 \pm 20.03	32.49 \pm 2.09	32.70 \pm 1.98	ND
	Hembras	12	39.68 \pm 1.76	ND	ND	30.32 \pm 1.74	37.84 \pm 20.27	37.18 \pm 20.49	32.32 \pm 2.46	32.13 \pm 1.96	49.18 \pm 2.56
LOCALIDAD TIPO											
<i>C.c. achruster</i> La Paz, BCS	Machos	12	43.61 \pm 1.65	56.89 \pm 3.35	40.14 \pm 20.92	40.83 \pm 19.48	48.91 \pm 24.85	35.03 \pm 1.80	38.03 \pm 2.27	43.18 \pm 18.63	ND
	Hembras	8	59.32 \pm 26.97	ND	ND	51.24 \pm 32.58	52.80 \pm 31.63	51.64 \pm 32.34	52.52 \pm 31.85	53.31 \pm 31.36	67.04 \pm 22.99
<i>C.c. decolorata</i> Bahía Concepción, BCS	Machos	3	42.19 \pm 1.05	54.40 \pm 1.89	31.03 \pm 1.40	33.55 \pm 1.80	35.09 \pm 1.26	34.88 \pm 0.88	35.24 \pm 3.00	34.80 \pm 3.20	ND
	Hembras	0	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
<i>C.c. plumbea</i> San Quintín, BC	Machos	8	39.72 \pm 1.86	51.51 \pm 6.71	29.81 \pm 7.77	31.51 \pm 1.67	34.21 \pm 2.74	45.81 \pm 32.10	32.94 \pm 2.44	33.55 \pm 2.58	ND
	Hembras	4	39.52 \pm 1.36	ND	ND	30.40 \pm 1.71	33.10 \pm 1.75	31.06 \pm 0.75	32.69 \pm 1.73	34.80 \pm 4.65	49.72 \pm 4.01
<i>C.c. californica</i> Monterey, CA	Machos	9	36.12 \pm 1.44	46.05 \pm 5.89	26.54 \pm 6.07	30.89 \pm 2.13	32.85 \pm 3.86	37.29 \pm 24.36	35.15 \pm 2.44	32.35 \pm 2.53	ND
	Hembras	4	39.41 \pm 1.20	ND	ND	29.54 \pm 1.61	49.87 \pm 36.09	30.53 \pm 1.22	33.08 \pm 1.95	30.63 \pm 1.84	50.23 \pm 3.95

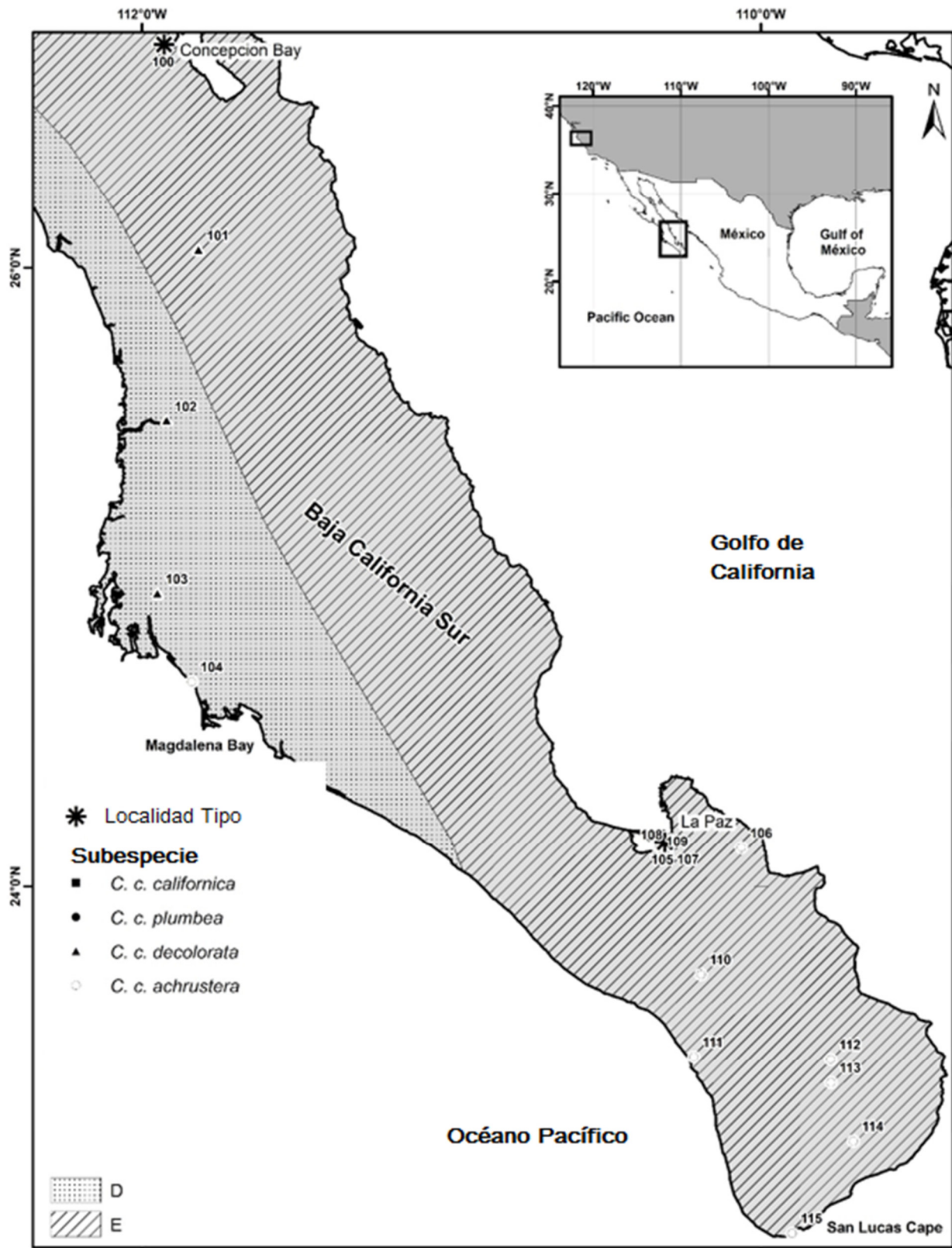
Apéndice 3.1. Mapa a detalle de la zona norte de los sitios de muestreo de las subespecies de *Callipepla californica*. Los números corresponden a los sitios detallados en el apéndice 1.



Apéndice 3.2. Mapa a detalle de la zona centro de los sitios de muestreo de las subespecies de *Callipepla californica*. Los números corresponden a los sitios detallados en el apéndice 1.



Apéndice 3.3. Mapa a detalle de la zona sur de los sitios de muestreo de las subespecies de *Callipepla californica*. Los números corresponden a los sitios detallados en el apéndice 1.



Apéndice 4. Medidas (media \pm desviación estandar en mm) de las variables morfométricas y por categoría biogeográfica para *Callipepla californica* de la península de Baja California, México.

Variable	Media \pm DE	WCL	TiL	TrL	MTo	ML	BeLN	ECL	BeW	BeD
REGIÓN CLIMÁTICA										
	SEXO n=									
Mediterráneo	Machos 111	105.65 \pm 5.00	91.77 \pm 6.75	32.79 \pm 1.91	25.87 \pm 1.57	9.56 \pm 1.81	7.96 \pm 0.68	12.43 \pm 1.07	9.47 \pm 8.93	9.24 \pm 8.98
	Hembras 69	104.23 \pm 5.41	87.39 \pm 6.12	31.37 \pm 1.90	25.47 \pm 1.51	10.59 \pm 11.54	7.61 \pm 0.69	12.32 \pm 1.04	7.95 \pm 0.56	7.80 \pm 0.62
Desierto	Machos 57	106.62 \pm 4.47	91.66 \pm 7.70	32.52 \pm 2.48	26.06 \pm 1.19	10.19 \pm 1.44	8.27 \pm 0.72	13.20 \pm 0.88	8.85 \pm 0.82	8.20 \pm 0.70
	Hembras 47	103.81 \pm 5.34	89.43 \pm 6.49	31.88 \pm 1.96	25.51 \pm 1.52	10.02 \pm 1.39	8.09 \pm 0.64	12.98 \pm 0.85	8.42 \pm 0.73	8.08 \pm 0.58
Tropical	Machos 22	104.96 \pm 5.17	92.01 \pm 4.73	33.05 \pm 1.77	26.46 \pm 2.03	10.36 \pm 0.83	8.25 \pm 0.75	13.19 \pm 0.88	8.80 \pm 0.53	8.49 \pm 0.58
	Hembras 13	102.69 \pm 3.20	92.04 \pm 8.22	32.36 \pm 1.94	25.53 \pm 1.47	10.00 \pm 1.11	7.87 \pm 1.02	12.11 \pm 1.51	8.34 \pm 0.93	7.91 \pm 0.60
ECORREGIÓN										
A) Pendiente Costera del Noroeste	Machos 54	105.25 \pm 4.70	90.24 \pm 6.74	32.69 \pm 1.87	25.91 \pm 1.59	9.45 \pm 1.61	7.86 \pm 0.60	12.42 \pm 0.98	8.53 \pm 1.21	8.50 \pm 1.49
	Hembras 34	104.04 \pm 4.67	86.28 \pm 6.75	32.06 \pm 2.09	25.44 \pm 1.80	11.70 \pm 16.38	7.54 \pm 0.60	12.26 \pm 0.92	7.86 \pm 0.55	7.74 \pm 0.61
B) Sierras Norteñas	Machos 57	106.03 \pm 5.28	93.21 \pm 6.51	32.88 \pm 1.96	25.84 \pm 1.56	9.66 \pm 1.99	8.05 \pm 0.74	12.45 \pm 1.16	11.40 \pm 12.40	11.00 \pm 12.46
	Hembras 35	104.41 \pm 6.10	88.46 \pm 5.33	32.66 \pm 1.67	25.51 \pm 1.20	9.51 \pm 1.90	7.67 \pm 0.76	12.38 \pm 1.15	8.03 \pm 0.57	7.85 \pm 0.64
C) Valle de Mexicali*	Machos 2	107.30	97.59	35.40	25.05	9.51	8.76	12.63	8.45	7.93
	Hembras 0	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
D) Desierto del Vizcaíno	Machos 35	105.68 \pm 4.49	90.49 \pm 8.18	32.57 \pm 2.18	25.97 \pm 1.25	10.29 \pm 1.43	7.98 \pm 0.66	13.22 \pm 0.77	8.75 \pm 0.68	8.05 \pm 0.61
	Hembras 20	104.35 \pm 3.67	89.29 \pm 6.41	31.98 \pm 1.80	25.19 \pm 1.73	9.95 \pm 1.39	7.81 \pm 0.43	12.65 \pm 0.74	8.27 \pm 0.62	8.00 \pm 0.57
E) Distrito del Cabo	Machos 44	106.53 \pm 4.88	92.77 \pm 5.74	32.75 \pm 2.42	26.32 \pm 1.62	10.20 \pm 1.19	8.49 \pm 0.69	13.18 \pm 0.96	8.91 \pm 0.80	8.47 \pm 0.68
	Hembras 32	102.87 \pm 5.82	90.61 \pm 7.37	31.59 \pm 2.08	25.80 \pm 1.21	10.07 \pm 1.29	8.25 \pm 0.87	12.91 \pm 1.30	8.51 \pm 0.87	8.08 \pm 0.61
ZONA DE TRANSICIÓN										
a) Desierto-mediterráneo	Machos 22	104.86 \pm 4.10	90.23 \pm 6.83	32.40 \pm 1.57	26.42 \pm 1.36	9.51 \pm 1.48	7.84 \pm 0.62	12.67 \pm 0.89	8.57 \pm 0.63	7.73 \pm 0.61
	Hembras 14	103.73 \pm 4.06	89.16 \pm 6.27	31.92 \pm 1.90	25.13 \pm 2.09	8.99 \pm 1.34	7.92 \pm 0.49	12.83 \pm 0.64	7.84 \pm 0.56	8.05 \pm 0.57
b) Subregión Mediterránea	Machos 26	105.32 \pm 5.41	92.93 \pm 5.65	32.98 \pm 2.12	25.64 \pm 1.83	9.15 \pm 1.54	7.84 \pm 0.55	12.51 \pm 0.87	8.69 \pm 1.29	8.34 \pm 1.62
	Hembras 13	104.76 \pm 3.68	86.57 \pm 6.55	32.75 \pm 1.20	25.98 \pm 1.44	8.39 \pm 1.21	7.47 \pm 0.42	12.15 \pm 0.75	7.75 \pm 0.65	7.48 \pm 0.60
c) Transición Costa-Desierto*	Machos 2	104.78	94.29	33.64	24.74	11.73	7.82	13.89	8.99	8.41
	Hembras 2	104.44	90.63	31.25	23.84	10.36	8.09	13.05	9.03	9.16
d) Centro de la Península	Machos 19	107.93 \pm 3.97	93.27 \pm 6.39	32.30 \pm 3.05	26.15 \pm 1.18	9.83 \pm 1.43	8.67 \pm 0.57	13.01 \pm 1.04	9.01 \pm 1.03	8.44 \pm 0.66
	Hembras 19	102.33 \pm 7.01	89.58 \pm 6.75	31.56 \pm 1.99	26.06 \pm 1.10	10.00 \pm 1.32	8.37 \pm 0.69	13.28 \pm 0.80	8.55 \pm 0.73	8.16 \pm 0.60
e) Sierra de la Giganta*	Machos 0	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	Hembras 1	101.29	89.48	30.91	22.80	10.77	8.13	12.71	8.78	9.00
f) Tropical-Desierto	Machos 12	103.96 \pm 4.57	93.92 \pm 4.24	33.34 \pm 2.16	26.97 \pm 2.34	10.46 \pm 0.84	8.21 \pm 0.72	13.03 \pm 0.85	8.87 \pm 0.42	8.60 \pm 0.65
	Hembras 7	103.00 \pm 3.24	93.49 \pm 8.08	30.55 \pm 2.08	25.84 \pm 1.84	9.77 \pm 0.82	7.49 \pm 1.09	11.25 \pm 1.54	7.85 \pm 0.98	7.74 \pm 0.53

Apéndice 5. Medidas (media \pm desviación estándar en mm) de las variables colorimétricas por categoría biogeográfica de análisis para *Callipepla californica* de la península de Baja California, México.

VARIABLE		Br	TP	BP	UBa	LBa	TB	RF	LF	AB
REGIÓN CLIMÁTICA										
Mediterráneo	SEXO n=									
	Machos 79	39.05 \pm 1.77	50.73 \pm 4.06	26.90 \pm 5.04	31.40 \pm 1.64	40.43 \pm 31.32	34.83 \pm 13.68	32.88 \pm 1.94	36.56 \pm 22.52	ND
	Hembras 13	40.20 \pm 1.54	ND	ND	30.16 \pm 1.85	34.86 \pm 13.17	33.50 \pm 13.39	33.51 \pm 9.64	32.37 \pm 2.56	50.42 \pm 3.81
Desierto	Machos 55	43.41 \pm 18.16	54.78 \pm 4.95	28.46 \pm 5.39	33.06 \pm 1.71	33.52 \pm 37.79	38.57 \pm 18.26	34.35 \pm 2.00	34.70 \pm 1.99	ND
	Hembras 46	42.48 \pm 2.04	ND	ND	32.70 \pm 2.05	36.07 \pm 10.18	37.86 \pm 17.20	33.90 \pm 2.58	34.48 \pm 2.60	54.55 \pm 4.08
Tropical	Machos 22	43.49 \pm 1.73	57.05 \pm 3.70	40.09 \pm 30.87	41.67 \pm 29.86	54.92 \pm 50.35	34.94 \pm 1.78	44.01 \pm 29.33	43.92 \pm 29.3	ND
	Hembras 56	54.44 \pm 23.87	ND	ND	44.26 \pm 26.17	45.61 \pm 25.10	44.47 \pm 25.56	45.94 \pm 24.98	46.49 \pm 24.725	62.15 \pm 19.17
ECORREGIÓN										
A) Pendiente Costera del Noroeste	Machos 39	39.39 \pm 1.72	50.66 \pm 4.30	26.33 \pm 4.39	31.60 \pm 1.51	37.25 \pm 22.70	35.88 \pm 15.80	33.03 \pm 1.95	33.26 \pm 1.65	ND
	Hembras 30	40.17 \pm 1.77	ND	ND	30.33 \pm 1.76	35.07 \pm 12.79	33.36 \pm 13.03	32.51 \pm 2.61	32.61 \pm 2.71	50.28 \pm 3.59
B) Sierras Norteñas	Machos 40	38.73 \pm 1.78	50.79 \pm 3.86	27.46 \pm 5.611	31.20 \pm 1.75	43.52 \pm 37.94	33.82 \pm 11.34	32.74 \pm 1.95	39.78 \pm 31.47	ND
	Hembras 26	40.23 \pm 1.27	ND	ND	29.96 \pm 1.97	34.62 \pm 13.84	33.65 \pm 14.05	34.66 \pm 13.93	32.08 \pm 2.41	50.58 \pm 4.12
C) Valle de Mexicali*	Machos 2	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	Hembras 0	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
D) Desierto del Vizcaíno	Machos 33	44.77 \pm 23.44	54.96 \pm 3.84	28.30 \pm 5.82	32.79 \pm 1.71	39.10 \pm 24.44	37.44 \pm 16.98	33.83 \pm 1.59	34.22 \pm 1.91	ND
	Hembras 28	42.05 \pm 2.24	ND	ND	32.06 \pm 1.68	36.63 \pm 13.00	35.51 \pm 13.14	33.16 \pm 2.24	33.70 \pm 2.24	53.22 \pm 3.61
E) Distrito del Cabo	Machos 42	42.44 \pm 2.13	55.94 \pm 5.18	34.61 \pm 4.39	37.70 \pm 21.81	43.47 \pm 29.84	37.70 \pm 14.85	39.73 \pm 21.54	39.85 \pm 21.49	ND
	Hembras 31	47.88 \pm 16.16	ND	ND	38.12 \pm 17.42	39.57 \pm 16.79	42.76 \pm 23.21	39.62 \pm 16.84	40.22 \pm 16.67	58.94 \pm 12.79
ZONA DE TRANSICIÓN										
a) Desierto-mediterráneo	Machos 21	42.68 \pm 13.86	53.73 \pm 3.71	26.28 \pm 5.41	32.43 \pm 1.88	34.08 \pm 1.50	36.32 \pm 15.10	33.30 \pm 1.53	33.71 \pm 1.73	ND
	Hembras 14	41.19 \pm 2.51	ND	ND	31.20 \pm 1.41	33.18 \pm 1.37	32.09 \pm 1.92	32.87 \pm 2.41	33.35 \pm 2.40	52.14 \pm 3.49
b) Subregión Mediterránea	Machos 17	39.15 \pm 1.57	50.54 \pm 4.94	26.95 \pm 5.47	31.45 \pm 1.64	33.96 \pm 1.98	36.22 \pm 17.38	33.33 \pm 1.96	33.32 \pm 1.66	ND
	Hembras 13	40.36 \pm 1.95	ND	ND	30.75 \pm 2.00	33.70 \pm 1.97	31.11 \pm 1.05	33.30 \pm 1.88	33.59 \pm 3.01	49.99 \pm 4.53

c) Transición Costa-Desierto*	Machos 4	42.43±0.89	52.77±7.81	27.88±4.32	34.23±1.02	35.14±1.45	34.67±1.52	35.15±1.75	36.17±0.96	ND
	Hembras 2	43.07±0.81	ND	ND	32.25±0.46	33.95±0.12	34.74±0.19	32.54±0.55	33.39±0.31	56.24±1.72
d) Centro de la Península	Machos 18	41.24±2.06	54.86±6.64	28.62±5.40	33.42±1.73	35.99±2.05	41.13±22.16	35.01±2.29	35.42±1.80	ND
	Hembras 19	43.31±1.64	ND	ND	33.68±2.16	35.32±2.16	44.93±32.81	35.21±2.71	35.79±2.67	56.36±4.02
e) Sierra de la Giganta*	Machos 0	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	Hembras 1	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
f) Tropical- Desierto	Machos 12	43.61±1.65	56.89±3.35	40.14±41.26	40.83±19.48	48.91±24.85	35.03±1.80	38.03±2.27	43.18±18.63	ND
	Hembras 7	45.00±1.09	ND	ND	33.65±1.20	36.00±1.71	34.19±1.60	35.73±2.65	36.57±2.50	54.59±6.61

Apéndice 6. Frecuencia alélica por locus y población.

Locus/Alelo	Ccc	Ccp	Ccd	Cca	Locus/Alelo	Ccc	Ccp	Ccd	Cca
Cc1					Cc2				
206	00.00	00.00	10.00	00.00	99	10.00	00.00	20.00	13.64
212	00.00	5.56	00.00	00.00	103	00.00	00.00	5.00	9.09
214	00.00	00.00	10.00	00.00	105	30.00	45.83	60.00	59.09
216	00.00	22.22	10.00	18.75	108	15.00	16.67	15.00	00.00
218	14.29	16.67	20.00	00.00	110	15.00	12.50	00.00	18.18
220	42.86	5.56	15.00	18.75	112	10.00	12.50	00.00	00.00
222	14.29	33.33	15.00	18.75	114	15.00	12.50	00.00	00.00
224	21.43	11.11	10.00	18.75	116	5.00	00.00	00.00	00.00
226	7.14	00.00	10.00	6.25					
228	00.00	5.56	00.00	6.25	Cc25				
234	00.00	00.00	00.00	6.25	184	00.00	00.00	4.55	00.00
236	00.00	00.00	00.00	6.25	188	6.25	00.00	00.00	00.00
					190	12.50	10.00	13.64	15.00
Cc3					198	00.00	00.00	9.09	00.00
115	00.00	13.64	18.18	11.11	200	00.00	5.00	00.00	00.00
117	6.25	18.18	9.09	00.00	206	6.25	00.00	00.00	00.00
119	31.25	18.18	9.09	11.11	208	6.25	00.00	00.00	15.00
121	50.00	36.36	36.36	72.22	210	00.00	00.00	00.00	5.00
123	00.00	00.00	4.55	5.56	212	12.50	15.00	4.55	00.00
125	6.25	13.64	22.73	00.00	214	18.75	20.00	36.36	20.00
127	6.25	00.00	00.00	00.00	216	12.50	5.00	13.64	5.00
					218	6.25	20.00	18.18	5.00
Cc93					220	12.50	15.00	00.00	35.00
168	10.00	00.00	00.00	00.00	222	6.25	10.00	00.00	00.00
239	00.00	00.00	11.11	16.67					
241	00.00	00.00	5.56	8.33	Cc269				
254	00.00	00.00	00.00	8.33	134	9.09	37.50	36.36	27.22
256	00.00	12.50	16.67	00.00	136	9.09	20.83	9.09	13.64
258	10.00	6.25	11.11	00.00	138	22.73	16.67	22.73	13.64
260	00.00	6.25	16.67	00.00	140	9.09	8.33	22.73	31.82
262	10.00	12.50	11.11	25.00	142	13.64	00.00	00.00	00.00
264	10.00	31.25	11.11	00.00	144	9.09	00.00	00.00	4.55
266	30.00	6.25	00.00	00.00	146	9.09	4.17	00.00	00.00
268	10.00	00.00	11.11	8.33	148	9.09	8.33	00.00	4.55
270	00.00	00.00	00.00	25.00	150	4.55	4.17	4.55	00.00

272	00.00	12.50	5.56	00.00	152	0.00	00.00	00.00	4.55
274	00.00	00.00	00.00	8.33	154	4.55	00.00	4.55	00.00
276	00.00	6.25	00.00	00.00					
280	00.00	6.25	00.00	00.00					
282	20.00	00.00	00.00	00.00					
Cc346									
175	10.00	20.83	5.00	11.11					
177	25.00	12.50	5.00	22.22					
179	15.00	20.83	20.00	22.22					
181	00.00	8.33	15.00	27.78					
183	30.00	33.33	30.00	11.11					
185	10.00	4.17	5.00	00.00					
187	5.00	00.00	00.00	00.00					
189	00.00	00.00	5.00	5.56					
201	5.00	00.00	15.00	00.00					

Apéndice 7. Genotipos por locus. Homocigotos Observados (Hom. Obs.), Homocigotos Esperados (Hom. Esp.), Porcentaje de Homocigotos (Hom.), Heterocigotos Observados (Het. Obs.), Heterocigotos Esperados (Hom. Esp.), Porcentaje de Heterocigotos (Het.), Genotipos Observados (Gen. Obs.), Genotipos Esperados (Gen Esp), Porcentaje de Genotipos (Gen.).

Locus	A	Hom. Obs.	Hom. Esp.	Hom. %	Het. Obs.	Het. Esp.	Het. %	Gen. Obs.	Gen. Exp.	Gen. %
Cc1	12	8	12	66.66	26	66	39.39	34	78	43.58
Cc2	8	14	8	100*	29	28	100*	43	36	100*
Cc3	17	7	17	41.17	21	136	15.44	28	153	18.30
Cc25	11	14	11	100*	31	55	56.36	45	66	68.18
Cc93	14	6	14	42.85	33	91	36.26	39	105	37.14
Cc269	7	13	7	100*	26	21	100*	39	28	100*
Cc346	9	6	9	66.66	35	36	97.22	41	45	91.11

*El porcentaje fue mayor al 100% debido a que los valores observados fueron altos que los esperados.

Apéndice 8. Estimación de distancia genética entre haplotipos por el método MCL

	Hap1	Hap2	Hap3
Hap1	****		
Hap2	0.003	****	
Hap3	0.007	0.003	****

Apéndice 9. Comparación del nivel de variación genética, entre especies de codornices del nuevo mundo y otras especies Galliformes estimada a partir de *loci* microsatélites y aloenzimas (Zink *et al.* 1987). Número de muestras (N), Número de *loci* (L), Numero promedio de alelos por locus (A), Intervalo de alelos por locus (AL), Heterocigidad observada (Ho) promedio e intervalo y Heterocigidad esperada (He) promedio e intervalo.

Especie	Distribución	N	L	A	AL	Ho*	He*	Referencia
<i>Callipepla californica</i>	Península de Baja California	45	7	11.14	7-17	0.74 (0.65-0.86)	0.80 (0.65-0.86)	Datos propios
<i>Callipepla californica</i>	No se especifica en el artículo	24	7	15.5	9-25	0.77 (0.64-0.84)	0.77 (0.48-0.92)	Gee <i>et al.</i> 2003
<i>Callipepla californica</i>	California y Baja California	101	16	1.3	-	0.31 (0.02-0.05)	0.38 (0.02-0.06)	Zink <i>et al.</i> 1987
<i>Callipepla gambelii</i>	No se especifica en el artículo	18	7	11.7	5-18	0.68 (0.30-0.88)	0.90 (0.63-0.95)	Gee <i>et al.</i> 2003
<i>Colinus virginianus</i>	México, Nueva Inglaterra. y Canadá	16	14	6.5	2-11	0.47 (0.06-0.94)	0.60 (0.06-0.85)	Schable <i>et al.</i> 2004
<i>Colinus virginianus</i>	Georgia	30	10	7	2-16	0.48 (0.01-0.80)	0.57 (0.01-0.80)	Faircloth <i>et al.</i> 2009
<i>Colinus virginianus</i>	Virginia	30	10	6	2-13	0.51 (0.03-0.80)	0.58 (0.03-0.84)	Faircloth <i>et al.</i> 2009
<i>Odontophorus leucolaemus</i>	Costa Rica	50	9	10.2	2-15	0.78 (0.24-0.96)	0.80 (0.42-0.92)	Hale y Hughes 2003
<i>Tetrao tetrix</i>	Alpes	349	14	5.4	6-17	0.74 (0.24-0.96)	0.78 (0.66-0.83)	Caizergues <i>et al.</i> 2003
<i>Tetrao tetrix</i>	Finlandia	140	14	6.3	4-20	0.78 (0.24-0.96)	0.76 (0.24-0.89)	Caizergues <i>et al.</i> 2003

Algunos valores se calcularon por el promedio de la información reportada en los artículos.