



The World's Largest Open Access Agricultural & Applied Economics Digital Library

This document is discoverable and free to researchers across the globe due to the work of AgEcon Search.

Help ensure our sustainability.

Give to AgEcon Search

AgEcon Search

<http://ageconsearch.umn.edu>

aesearch@umn.edu

*Papers downloaded from **AgEcon Search** may be used for non-commercial purposes and personal study only. No other use, including posting to another Internet site, is permitted without permission from the copyright owner (not AgEcon Search), or as allowed under the provisions of Fair Use, U.S. Copyright Act, Title 17 U.S.C.*

No endorsement of AgEcon Search or its fundraising activities by the author(s) of the following work or their employer(s) is intended or implied.

MARCADORES MOLECULARES EN EL MANEJO Y CONSERVACIÓN DE FAUNA SILVESTRE

MOLECULAR MARKERS IN THE MANAGEMENT AND CONSERVATION OF WILD FAUNA

Mercado-Reyes, M.

Laboratorio de Biología de la Conservación; Unidad Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Zacatecas, *Campus 2*, Av. Preparatoria s/n Colonia Agronómica, CP 98056, Zacatecas, México.

Autor responsable: lailammr@gmail.com

RESUMEN

El avance tecnológico en biología molecular ha aumentado nuestra habilidad para analizar el ADN (ácido desoxirribonucleico), molécula que concentra la información genética. Los marcadores moleculares constituyen una herramienta de gran utilidad para planificar, tomar decisiones y emprender acciones en el manejo y conservación de la fauna silvestre. En el presente se describe el uso de esta metodología molecular en el contexto de manejo y conservación de fauna silvestre y cita trabajos en la que ha sido utilizada. Las fuentes para obtener el ADN son diversas y la metodología para realizarlo varía de acuerdo a estas. Existen métodos de extracción para sangre, tejido, pelo y plumas de donde se pueden extraer pequeñas cantidades de ADN; nuevas fuentes de extracción de ADN se desarrollan mediante análisis de las excretas (Perry *et al.*, 2010), fósiles y muestras de museo. Los marcadores moleculares son ya una herramienta importante dentro del manejo de fauna silvestre, y existen muchas más alternativas de su uso en este campo.

Palabras clave: Técnicas moleculares, manejo, ADN, especies silvestres, conservación.

ABSTRACT

The technological advancement of the molecular biology discipline has increased our ability to analyze DNA (deoxyribonucleic acid), molecule which concentrates genetic information. Molecular markers constitute a tool of great use to plan, make decisions and undertake actions in the management and conservation of wild fauna. This study describes the use of this molecular methodology in the context of management and conservation of wild fauna and cites the studies where it has been used. The sources to obtain the DNA are diverse and the methodology to do it varies according to these; there are extraction methods for blood, tissue, hair and feathers, from which small amounts of DNA can be extracted; new sources of DNA extraction are developed through methods such as excretas, fossils and museum samples. The molecular markers are already an important tool within management of wild fauna, and there are many alternatives for their use in this field.

Keywords: molecular techniques, management, DNA, wild species, conservation.

INTRODUCCIÓN

La fauna silvestre es uno de los recursos renovables básicos de nuestro medio ambiente; sus especies y poblaciones son producto de un proceso evolutivo que generó la gran biodiversidad que ahora observamos, su importancia radica en valores tanto intrínsecos (éticos y de derecho a la vida) como el valor que la sociedad le confiere como aporte utilitario, económico, cultural y ecológico; a pesar de lo anterior, este recurso ha sido subestimado debido a características, tales como, la poca vocación comercial (salvo algunas excepciones) y las estadísticas de aprovechamiento no comparables a las que presentan los recursos pesqueros o forestales (DeWoody *et al.*, 2010). Aun así, el uso de este recurso se encuentra excedido a nivel mundial, a tal grado que algunas especies han desaparecido y otra gran parte se encuentra en peligro de extinción, por lo que la administración adecuada del recurso se convierte en alta prioridad. El manejo de la fauna silvestre se refiere a la forma de su administración; y es la aplicación del conocimiento científico y habilidades técnicas para proteger, conservar, limitar, crear o mejorar hábitats para la vida silvestre. Más concretamente, el concepto del manejo de fauna silvestre se define como “la ciencia y el arte de decidir y actuar para manipular la estructura, dinámica y las relaciones entre poblaciones de animales silvestres, sus hábitats y la gente, al fin de alcanzar determinados objetivos humanos por medio del recurso fauna silvestre” (Anderson, 2002). Estos objetivos se derivan de las demandas de diversos sectores de la sociedad para el uso sustentable y la conservación del recurso fauna silvestre.

Históricamente, este manejo se realiza aplicando el conocimiento de la biología y ecología de las especies, y así generar objetivos y justificaciones para cada una de las especies y/o sus necesidades de acción específica. Actualmente, los desafíos de la conservación y la sustentabilidad han aumentado, los manejadores ahora necesitan mayor cantidad de datos que con el uso de los métodos convencionales no pueden ser adquiridos (Honeycutt *et al.*, 2010); ahora, esta información se puede generar con cierta precisión si esta metodología de campo se combina con las técnicas de la ecología molecular; disciplina emergente generada de los avances tecnológicos en biología molecular, y que conforma una nueva rama de la ecología que pretende resolver problemas ecológicos y poblacionales (Freeland *et al.*, 2011).

¿Qué son los marcadores moleculares?

La caracterización genética de las poblaciones, individuos y especies es un método casi de rutina que aporta datos importantes de la biología y ecología de los seres vivos. Los marcadores moleculares están basados en el ADN (ácido desoxirribonucleico); molécula que se encuentra en casi todos los seres vivos del planeta y que contiene la información genética altamente variable entre individuos, poblaciones y especies (Freeland *et al.*, 2011). Estos marcadores permiten identificar “variantes alélicas” (grupo de genotipos de determinado gen) que se forman de algún tipo de mutación en la información genética de las poblaciones a través de un tiempo evolutivo (también llamadas polimorfismos). Esta información permite identificar grupos, poblaciones, cepas, especies o grupos taxonómicos (Astorga, 2008; Freeland *et al.*, 2011) y generar decisiones rápidas y precisas para la asignación de priori-

dades de conservación (Shivaji *et al.*, 2003). Para facilitar la comprensión de este tema, se presentan algunas de las definiciones más comunes utilizadas en esta disciplina (Cuadro 1).

La variación genética: base de la utilidad de los marcadores moleculares

La variación en la naturaleza se divide en niveles de jerarquía: los genes, los individuos, poblaciones, especies y ecosistemas; juntos conforman el espacio y la biodiversidad, la base hereditaria de esta diversidad es la variación genética (Kimura, 1983); definida como la variedad de alelos y genotipos presentes en una población, que se reflejan en diferencias morfológicas, fisiológicas y conductuales entre individuos y/o poblaciones (Frankham *et al.*, 2002). Esta variación es la base de la evolución de las especies como respuesta a los cambios del ambiente, pilar importante para la genética de la conservación (Toro y Caballero, 2005). Esta variación puede modificarse por eventos como la migración, selección y oportunidad, formando parte de la adaptación a los cambios ambientales de los organismos, por lo que su pérdida se asocia a la endogamia (Cuadro 1) y la disminución en la reproducción (Frankham *et al.*, 2002). Otros eventos que pueden modificar la variación genética en los organismos son los procesos poblacionales actuales como el tamaño y subdivisión poblacional, dispersión y estructura social, y los cambios ambientales provocados por el hombre como la fragmentación del hábitat (Ruokonen, 2001). El objetivo principal de los marcadores moleculares es establecer las variaciones (polimorfismos) para diferenciar grupos de estudio al nivel que se requiera, proporcionando una identificación con

Cuadro 1. Términos más frecuentes utilizados en ecología molecular y genética de poblaciones. Adaptado de Frankham *et al.* (2002); DeYoung y Honeycutt (2005); Freeland *et al.* (2011).

Término	Definición
Ecología molecular	Rama de la ecología que se enfoca en la interacción de los organismos, entre los mismos y su medio ambiente mediante el uso de marcadores genéticos para explorar preguntas y problemas en ecología y evolución
Biología molecular	Es el estudio de los procesos biológicos a nivel molecular
Genética de la conservación	Es el uso de la genética para la preservación de especies como entidades dinámicas capaces de enfrentar el cambio ambiental
Genética de poblaciones	Es el estudio de la variabilidad genética dentro y entre diferentes grupos de individuos
Ácido desoxirribonucleico (ADN)	Es el material genético de todos los organismos que lleva su información genética y que se encuentra principalmente en el núcleo celular
Nucleótido	Es una molécula compuesta de bases nitrogenadas, ácido fosfórico y azúcares, las bases nitrogenadas son las purinas adenina (A) y guanina (G) y las pirimidinas la citosina (C), timina (T) y uracilo (U). La secuencia de estas bases en el cromosoma conforman el código genético
Gen	Es un segmento de ADN que constituye una estructura dentro de un cromosoma y que es heredable a la descendencia
Alelo	Son las formas alternativas de un gen o secuencia de ADN que pueden diferir en tamaño
Locus	Es la localización de un gen o secuencia de ADN dentro del cromosoma (en plural: Loci)
Genoma	Es el conjunto de genes que caracterizan a un individuo
Genotipo	Son todas las características genéticas (información genética) que presenta un organismo
ADN mitocondrial (ADNmt)	Molécula circular de ADN que en la mayoría de los organismos es de herencia materna, en otras palabras, que se hereda solo de la madre hacia su descendencia
Flujo genético	Es el intercambio genético entre poblaciones como resultado del movimiento de los individuos con potencial reproductivo
PCR	Reacción en cadena de polimerasa (Polimerase chain reaction en inglés) es el proceso por el cual se amplifican los fragmentos de ADN de las muestras por medio del uso de una enzima (Taq polimerasa) y de ciclos repetidos de calor en un aparato denominado termociclador
Polimorfismo	Que tiene múltiples alelos
Mutación	Son cambios en la secuencia de los nucleótidos en el ADN
Endogamia	Apareamiento entre individuos cercanos genéticamente

mayor precisión entre especies, poblaciones, grupos o individuos (Astorga, 2008).

Tipos de marcadores moleculares

Los marcadores moleculares se clasifican en Co-dominantes, que se refieren a los que se pueden identificar en todos los alelos presentes en un locus en particular; y Dominantes, también conocidos como multilocus, los cuales generan datos de múltiples loci, que revelan solo un alelo dominante por lo que su capacidad de identificación se limita a un alelo para cada locus (Freeland *et al.*, 2011). Para cada categoría se han desarrollado los siguientes marcadores:

Marcadores Co-dominantes

Aloenzimas: Fueron los primeros marcadores que unieron a la biología molecular y la ecología; y son variantes alélicas de enzimas codificadas por genes estructurales que permiten cuantificar los niveles de variación genética dentro de las poblaciones (Freeland *et al.*, 2011).

RFLP's (Restriction Fragment length Polymorphism): Son polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción, determinan la variación de la secuencia de ADN con el uso de enzimas de restricción, las cuales pueden identificar cualquier mutación y obtener fragmentos de ADN de diferente tamaño.

SNP's (Single nucleotide polymorphism): Polimorfismo de nucleótido simple, es una variación de secuencia que ocurre como resultado de la sustitución de un solo nucleótido (A, T, C o G) en un sitio específico en el ADN (DeYoung y Honeycutt, 2005).

Microsatélites: Son secuencias cortas que consisten de dos a tres nucleótidos repetidos, su análisis se basa en el uso de la técnica de PCR para identificar polimorfismos y en el número de repeticiones de un alelo en un locus (Astorga, 2008).

Análisis de secuencias de ADN: Es la lectura de las bases nucleotídicas (nucleótidos) y su arreglo dentro de un gen o en un fragmento de ADN; puede identificar las diferencias de pares de bases exactas entre individuos, se aplica para el ADN del núcleo, el ADNmt, y en el caso de plantas, en el cloroplasto (Astorga, 2008; Freeland *et al.*, 2011).

Marcadores dominantes

RAPD's (Random amplified polymorphic DNA): Método de genotipificación individual de múltiples loci, se genera utilizando primers cortos al azar (usualmente de diez pares de bases) en una reacción de PCR (Freeland *et al.*, 2011).

ALFP's (Amplified fragment length polymorphism): Es la amplificación de ADN fragmentado con enzimas específicas y con primers diseñados para identificar sitios específicos de restricción (DeYoung y Honeycutt, 2005).

Las características de los tipos de marcadores moleculares se muestran en la Figura 1 y Cuadro 2.

Importancia de los métodos genéticos en el manejo de la fauna silvestre
Los estudios poblacionales son una herramienta indispensable para el manejo de la fauna silvestre; y los marcadores moleculares permiten identificar con mayor precisión, procesos poblacionales en dichas especies (Beebe y Rowe, 2004). La integración de estas técnicas permite a la vez aplicar acciones de conservación más precisas y específicas. Por ejemplo, la genética de la conservación se enfoca en factores que impactan al proceso de extinción de las especies y la forma de controlarlos; por otro lado, ayudan a identificar los efectos genéticos producidos por la disminución poblacional, endogamia, y pérdida de la diversidad genética (Frankham *et al.*, 2002).

Aplicaciones de marcadores moleculares en el manejo de fauna silvestre

Los marcadores moleculares son útiles en las ciencias biológicas como la taxonomía, sistemática y biología evolutiva entre otras (Astorga, 2008); específicamente, en el manejo de la fauna silvestre han aportado importantes

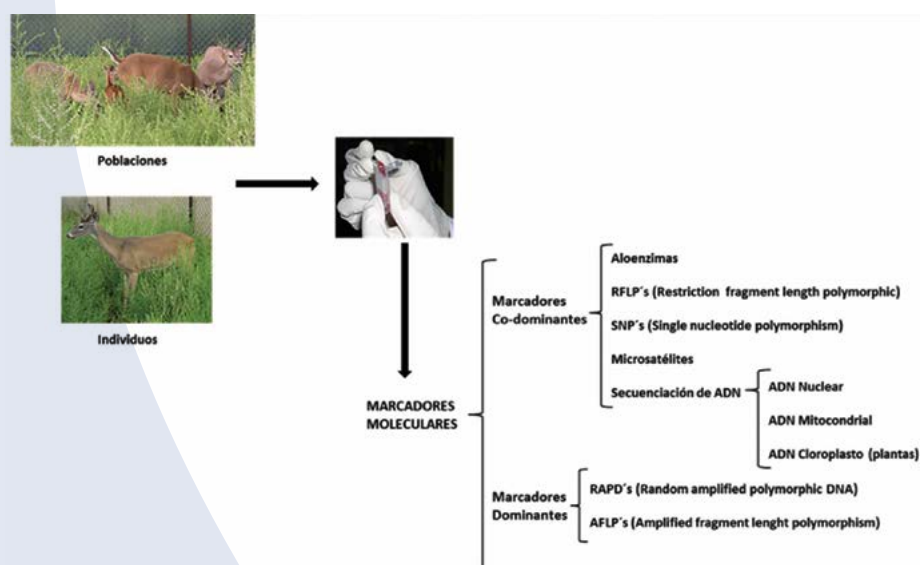


Figura 1. Proceso de análisis de información genética de poblaciones y/o individuos utilizando marcadores moleculares (Freeland *et al.*, 2011).

Cuadro 2. Características de diferentes marcadores moleculares (Astorga, 2008).

Tipo	Variabilidad	Genoma	Reproducibilidad	Costo
Aloenzimas	Media	Completo	Media	Medio
RFLP	Media	Completo	Alta	Medio
SNP	Alta	Parcial	Alta	Alto
Microsatélite	Alta	Parcial	Alta	Medio
Secuenciación	Media	Parcial	Alta	Alto
RAPD	Alta	Completo	Baja	Bajo
AFLP	Alta	Completo	Media	Medio

avances generando información para conservar y aprovechar este recurso, algunos de los temas en los que los marcadores moleculares han contribuido son los siguientes:

En la cuantificación de la variación genética de las poblaciones: Los marcadores moleculares tienen la capacidad de identificar de forma más precisa los procesos naturales que se desarrollan dentro y entre las poblaciones de vida silvestre (Greenwood, 1980; Frankham *et al.*, 2002; Toro y Caballero, 2005; Avise y Ayala, 2007); esta cualidad permite identificar problemas como la subdivisión poblacional ocasionada por la fragmentación del hábitat y separación geográfica (McCracken *et al.*, 2001), así como los procesos de especiación y divergencia de especies (Avise *et al.*, 1998), la expansión de las poblaciones (Peters *et al.*, 2005) y la diferenciación y flujo genético entre ellas (Templeton *et al.*, 1995). Los marcadores genéticos por ejemplo, permiten identificar híbridos y de esta manera discriminar individuos con cambios genéticos derivados de la conjunción de diferentes especies, como en el caso de *Meleagris gallopavo* (Latch *et al.*, 2006).

En la genética de la conservación: Esta disciplina se enfoca preservar la diversidad genética especialmente de aquellas especies y/o poblaciones sujetas a la destrucción y fragmentación de su hábitat, presiones antropogénicas y otras perturbaciones que afectan el crecimiento y desarrollo de las poblaciones en vida libre (Frankham *et al.*, 2002; Freeland *et al.*, 2011). En este sentido, los manejadores de fauna silvestre tratan de explicar los factores ambientales que determinan la viabilidad de las poblaciones y utilizan los marcadores moleculares para identificar como la reintroducción de poblaciones en el pasado han afectado a las actuales, y aportan información sobre el incremento en la variación y/o pérdida de diversidad genética como resultado de estas prácticas (Stephen *et al.*, 2005). Las "unidades de manejo", descritas como unidades evolutivamente significativas (Evolutionary Significant Unit, ESU por sus siglas en inglés) (Moritz, 1994) ayudan a definir unidades poblacionales que merecen un manejo propio, que tienen una alta prioridad de conservación (Rocha y Gasca, 2007) y permite identificar especies con prioridades específicas de conservación (McCracken *et al.*, 2001).

En otros usos en manejo de vida silvestre: Los marcadores genéticos permiten identificar el sexo en especies de aves que no presentan dimorfismo sexual (Matta *et al.*,

2009), ciencia forense en vida silvestre, donde la identificación de especies es imprescindible (Guglich *et al.*, 1994). Asimismo, se han utilizado para identificar patógenos, posibles procesos epidemiológicos y la predicción de patrones de dispersión de enfermedades para su control (Biek y Real, 2010) (Cuadro 3).

¿De dónde se extrae el ADN para cuantificar marcadores moleculares?

Las fuentes para obtener el ADN son diversas y la metodología para realizarlo varía de acuerdo a estas; existen métodos de extracción para sangre, tejido, pelo y plumas de donde se pueden extraer pequeñas cantidades de ADN; nuevas fuentes se desarrollan mediante métodos de extracción de las excretas (Perry *et al.*, 2010), fósiles y muestras de museo (Leonard, 2008), huesos, orina y marcas de olor (Freeland *et al.*, 2011).

CONCLUSIONES

Los marcadores moleculares son ya una herramienta importante dentro del manejo de fauna silvestre; aún hay muchas más alternativas de su uso en esta rama de la ciencia que las descritas anteriormente por lo que su uso en este campo sigue en crecimiento. La descripción sobre el tema en este documento no es muy profunda y probablemente sea difícil de comprender por un amplio sector del público. Por ello, se exhorta a los profesionales en vida silvestre que no manejan esta temática que se acerquen y colaboren con grupos académicos y personal de laboratorios especializados para unir esfuerzos en la conservación y aprovechamiento sustentable de este recurso natural.

LITERATURA CITADA

- Anderson S.H. 2002. Managing our wildlife resources. Prentice Hall New Jersey, EUA. 554 p.
- Astorga M.P. 2008. Estado actual del uso de marcadores moleculares en moluscos bivalvos de importancia para la acuicultura. *In*: Estado actual del cultivo y manejo de moluscos bivalvos y su proyección futura: factores que afectan su sustentabilidad en América Latina. Lovatelli A., Farias A., Uriarte I. Eds. Taller Técnico Regional de la FAO. FAO Actas de Pesca y Acuicultura. No. 12. Puerto Montt, Chile. 277-287 pp.
- Avise J.C., Walker D., Johns G.C. 1998. Pleistocene phylogeographic effects on vertebrate phylogeography. *Proceedings of the Royal Society B.*, 265: 1707-1712.
- Avise J.C., Ayala J.F. 2007. In the light of evolution. Volume 1. Adaptation and Complex design. The National Academy of Science, WA, EUA. 360 p.
- Beebe T.C., Rowe G. 2004. An Introduction to Molecular Ecology. Oxford University Press, New York, 370 p.
- Benítez A.H.E. 2014. Identificación molecular de heces y análisis de hábitos alimenticios de carnívoros en la reserva de la Biósfera

Cuadro 3. Ejemplos de manejo de fauna silvestre utilizando marcadores moleculares.

Técnica

Aloenzimas y ADNmt**Referencia:** Blandon *et al.* (2001)**Propósito:** Caracterizar la estructura poblacional del lenguado moteado (*Paralichthys lethostigma*) en las regiones del noreste del Golfo de México y noroeste del Océano Atlántico.**Resultado:** Existe correlación entre la distancia geográfica y la distancia genética de las poblaciones analizadas, así como una variación genética a causa de una respuesta adaptativa a las condiciones ambientales localizadas, o la presencia de barreras físicas que limitaron el flujo genético entre poblaciones.**PCR- RFLP's y ADNmt****Referencia:** Benítez (2014)**Propósito:** Identificar la especie de carnívoros mediante el análisis de ADN extraído de excretas colectadas en campo.**Resultado:** Se identificó la presencia de las especies *Leopardus pardalis*, *Urocyon cinereoargenteus*, *Puma concolor*, *Puma yagouaroundi* y *Leopardus wiedii*.**SNP's****Referencia:** Herrero *et al.* (2013)**Propósito:** Determinar la presencia de procesos homocigóticos causantes de la endogamia en poblaciones de cerdos domésticos y ferales de la Península Ibérica.**Resultado:** Los datos genéticos indican una historia demográfica y estructura poblacional con alta frecuencia de homocigosis debido a un reciente proceso de cuello de botella, reportado anteriormente en registros históricos.**Microsatélites y ADNmt****Referencia:** Calderón (2009)**Propósito:** Determinar la variabilidad genética entre las subespecies de *Odocolleus virginianus texanus*, *O.v. carminis*, *O. v. sinaloae*, *O. v. veraecrusis* y *O. v. yucatanensis***Resultado:** La variabilidad genética fue detectada entre las subespecies *O. v. sinaloae*, *O. v. veraecrusis* y *O. v. yucatanensis* mientras que para *O. v. texanus* y *O.v. carminis* se detectó una relación genética, probablemente debido a la mezcla de ambas subespecies por manejo cinegético aplicado o un antecesor común.**Secuenciación****Referencia:** Mercado (2012)**Propósito:** Identificar la diversidad genética de las poblaciones de pato triguero en el Altiplano Zacatecano mediante el análisis de secuencias de ADNmt**Resultado:** La alta variabilidad genética entre las poblaciones analizadas es consecuencia de procesos históricos y actuales de dispersión poblacional debidos principalmente a factores ambientales que interactúan con los movimientos y comportamientos de dispersión poblacional del pato triguero en la región.**RAPD's****Referencia:** Porras *et al.* (2008)**Propósito:** Determinar la variabilidad genética entre tres poblaciones de la especie *Cocodylus acutus* en tres Ríos del Pacífico Central en Costa Rica**Resultado:** La variabilidad genética baja es consecuencia de una dinámica metapoblacional entre las poblaciones en estudio las cuales presentan un comportamiento de "red de subpoblaciones" por un efecto de migración intermitente.



- "Sierra del Abra Tanchipa", San Luis Potosí, México. Tesis de Maestría, Posgrado de recursos genéticos y productividad. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, México. 73 p.
- Biek R., Real L.A. 2010. The landscape genetics of infectious disease emergence and spread. *Molecular Ecology* 19: 3515-3531.
- Blandon I.R., King T.L., Karel W.J., Monaghan J.P. 2001. Preliminary genetic population structure flounder *Paralichthys lethostigma* along the Atlantic Coast and Gulf of Mexico. *Fishery Bulletin* 99: 671-678.
- Calderon L.R.D. 2009. Análisis genético para la conservación y manejo de subespecies de *Odocoileus virginianus* (Zimmermann, 1780) en México. Tesis de Maestría en Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. 87 p.
- DeWoody J.A., Bickham J.W., Michler C.H., Nichols K.M., Rhodes O.E., Woeste K.E. 2010. Molecular approaches in natural resource conservation and management. Cambridge University Press, New York EUA. 402 p.
- DeYoung R.W., Honeycutt R.L. 2005. The molecular toolbox: genetic techniques in wildlife ecology and management. *Journal of Wildlife Management* 69 (4): 1362-1384.
- Frankham R., Ballou J.D., Briscoe D. A. 2002. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, New York EUA. p. 640.
- Freeland J.R., Kirk H., Petersen S.D. 2011. Molecular ecology. Wiley-Blackwell UK. 447p.
- Greenwood P.J. 1980. Mating system, phylogeny, and dispersal in birds and mammals. *Animal behaviour* 28:1140-1162.
- Guglich E.A., Wilson P.J., White B.N. 1994. Forensic application of repetitive DNA markers to the species identification of animal tissues. *Journal of forensic Sciences*, 39 (2): 353-361.
- Herrero-Medrano J.M., Hendrik-Jan M., Groenen M.A.M., Ramis G., Bosse M., Pérez-Enciso M., Crooijmans R.P.M.A. 2013. Conservation genomic analysis of domestic and wild pig populations from the Iberian Peninsula. *Genetics* 14: 106. <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/14/106>.
- Honeycutt R.L., Hillis D.M., Bickham J.W. 2010. Biodiversity Discovery and its importance to conservation. In: Molecular approaches in natural resource conservation and management. DeWoody J. A., Bickham J. W., Michler C. H., Nichols K. M., Rhodes O. E., Woeste K. E. Eds. Cambridge University Press, New York EUA. 1-34 pp.
- Kimura M. 1983. The neutral theory of molecular evolution. Cambridge University Press. Cambridge. 367 pp.
- Latch E.K., Harveson L.A., King L.S., Hobson M.D., Rhodes O.E. 2006. Assessing hybridization in wildlife populations using molecular markers: A case study in wild turkeys. *Journal of Wildlife Management* 70 (2): 485-492.
- Leonard J.A. Ancient DNA applications for wildlife conservation. 2008. *Molecular Ecology* 17: 4186-4196.
- Matta C.N.E., Zúñiga D.B.C., Vera V. 2009. Determinación de sexo en aves mediante herramientas moleculares. *Acta Biológica Colombiana*, 14(1): 25-38.
- McCracken K.G., Johnson W.P., Sheldon F.H. 2001. Molecular populations genetics, phylogeography, and conservation biology of the mottled duck (*Anas fulvigula*). *Conservation Genetics*, 2: 87-102
- Mercado R.M. 2012. Ecología y genética de la conservación del pato triguero *Anas platyrhynchos diazi* en el Altiplano Zacatecano. Tesis de Doctorado en Ciencias con Acentuación en Manejo de Vida Silvestre y Desarrollo Sustentable. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. 89 p.
- Moritz C. 1994. Defining 'evolutionarily significant units' for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9: 373-375.
- Perry G.H., Marioni J.C., Melsted P., Gilad Y. 2010. Genomic-scale capture and sequencing of endogenous DNA from feces. *Molecular Ecology* 19: 5332-5344.
- Peters J.L., Gries W., Omland E. 2005. Late Pleistocene divergence between eastern and western populations of wood ducks (*Aix sponsa*) inferred by the 'isolation with migration' coalescent method. *Molecular Ecology*, 14: 3407-3418.
- Porras M.L.P., Bolaños M.J.R., Barr B.R. 2008. Variación genética y flujo de genes entre poblaciones de *Crocodylus acutus* (Crocodylia: Crocodylidae) en tres ríos del Pacífico Central, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical* 56 (3): 1471-1480.
- Rocha M., Gasca J. 2007. Ecología molecular de la conservación. In: Ecología molecular. Eguarte E. L., Souza V., Aguirre X. Eds. Instituto Nacional de Ecología, SEMARNAT, CONABIO. México, D. F. pp. 251-278.
- Ruokonen M. 2001. Phylogeography and conservation genetics of the lesser whitefronted goose (*Anser erythropus*). Thesis (PhD). University of Oulu, Finland. 54 p.
- Shivaji S., Kholkute S.D., Verma S.K., Gaur A., Umapathy G.U., Singh A., Sontakke S., Shailaja A.R., Monika S., Sivaram V., Yostna B.J., Satyare B., Ahmed M.S., Bala A., Chandrashekar B.V.N., Gupta S., Prakash S., Singh L. 2003. Conservation of wild animals by assisted reproduction and molecular marker technology. *Indian Journal of Experimental Biology* 41: 710-723.
- Stephen C.L., Whittaker D.G., Gillis D., Cox L.L., Rhodes O.E. 2005. Genetic consequences of reintroductions: An example from Oregon pronghorn antelope (*Antilocapra americana*). *Journal of Wildlife Management* 69 (4): 1463-1474.
- Templeton A.R., Routman E., Phillips C.A. 1995. Separating population structure from population history: a cladistic analysis of geographical distribution of mitochondrial DNA haplotypes in the tiger salamander, *Ambystoma tigrinum*. *Genetics* 140: 767-782.
- Toro M.A., Caballero A. 2005. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360: 1367-1378.