

COMUNICACIONES BREVES

Hibridización y Subdivisión dentro y entre Poblaciones de *Chen rossi* y *Chen caerulescens caerulescens*: Una Perspectiva Molecular

JASON D. WECKSTEIN^{1,5}, ALAN D. AFTON², ROBERT M. ZINK³ AND RAY T. ALISAUSKAS⁴

¹ Department of Biological Sciences and Museum of Natural Science, Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803

² U.S. Geological Survey, Louisiana Cooperative Fish and Wildlife Research Unit, Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803

³ J. F. Bell Museum and Department of Ecology, Evolution and Behavior, 100 Ecology Building, University of Minnesota, St. Paul, MN 55108-6097

⁴ Canadian Wildlife Service, 115 Perimeter Rd., Saskatoon, SK S7N 0X4, Canada

Manuscript received 26 November 2001; accepted 22 January 2002.

⁵ E-mail: jweckst@lsu.edu

Resumen. Reanalizamos los datos de la región de control del ADN mitocondrial (ADNmt) de Quinn (1992), junto con nuevas secuencias de nueve individuos de la especie *Chen caerulescens caerulescens* y 10 de *Chen rossi*. Encontramos los mismos linajes divergentes que Quinn (1992) atribuyó a la separación vicariante de las poblaciones de *C. c. caerulescens* durante el Pleistoceno. Sin embargo, encontramos que las dos especies comparten dos linajes de haplotipos divergentes, y la distribución de “mismatch” en secuencias del ADNmt mostró multimodalidad con dos niveles de estructuración de la población. Estos patrones peculiares están de acuerdo con la hipótesis de que hubo dos episodios de hibridización en gansos del género *Chen*. Los datos históricos y de aloenzimas compilados por Cooke et al. (1988) también apoyan esta hipótesis (Avice et al. 1992). Además, la estructura de la población dentro de un grupo de haplotipos es consistente con la hipótesis de Cooke et al. (1988) acerca de la pasada alopatría entre los morfos azul y blanco de *C. c. caerulescens*.