

ARTÍCULOS

Ausencia de Estructura Genética Espacial entre Áreas de Nidificación e Invernada en *Somateria spectabilis*

JOHN M. PEARCE^{1,5}, SANDRA L. TALBOT¹, BARBARA J. PIERSON¹,
MARGARET R. PETERSEN¹, KIM T. SCRIBNER², D. LYNNE DICKSON³ AND
ANDERS MOSBECH⁴

¹*U.S. Geological Survey, Alaska Science Center, 1011 E. Tudor Rd., Anchorage, AK 99503*

²*Department of Fisheries and Wildlife, Michigan State University, East Lansing, MI 48824*

³*Canadian Wildlife Service, Edmonton, AB T6B 2X3, Canada*

⁴*National Environmental Research Institute, Department of Arctic Environment, Frederiksborgvej 399, DK4000 Roskilde, Denmark*

Manuscript received 12 May 2003; accepted 11 December 2003.

⁵E-mail: john_pearce@usgs.gov

Resumen. Con base en datos de anillamiento y en el uso de áreas de invernada separadas en el Pacífico y el Atlántico, la especie *Somateria spectabilis* ha sido separada en dos poblaciones reproductivas de amplia distribución en Norte América (las del Ártico este y oeste). Se conoce poco sobre los niveles de flujo génico entre estas dos poblaciones. También se desconoce si patrones de comportamiento comunes entre aves acuáticas migratorias, como la fidelidad a los sitios de invernada y la formación de parejas en dichos sitios, han existido por suficiente tiempo como para crear estructura poblacional definida por la filopatría a las áreas de invernada en lugar de a las áreas de nidificación. Utilizamos seis loci nucleares de ADN microsatelital y secuencias del gen mitocondrial citocromo *b* para estimar el grado de diferenciación genética espacial entre áreas de nidificación e invernada de *S. spectabilis* a través de Norte América y regiones adyacentes. Los estimados de la varianza interpoblacional en la frecuencia de alelos de microsatélites y de haplotipos de ADNmt fueron bajos y no significativos con base en muestras de tres áreas de invernada y cuatro de nidificación. Los resultados de un análisis de clados anidados, de las distribuciones “mismatch” y de análisis basados en coalescencia sugieren la existencia de crecimiento poblacional histórico y flujo génico, eventos que colectivamente podrían haber homogeneizado las frecuencias génicas. La presencia de varios haplotipos exclusivos entre aves que invernán cerca de Groenlandia sugiere que el flujo génico podría ser ahora más limitado entre el Ártico oeste y este, lo que es consistente con los datos de anillamiento.