



**UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA  
INDOAMÉRICA**

**FACULTAD DE CIENCIAS DEL MEDIO AMBIENTE**

**CARRERA DE INGENIERÍA EN BIODIVERSIDAD Y RECURSOS GENÉTICOS**

**TEMA:**

---

**DIVERSIDAD GENÉTICA Y TAMAÑO POBLACIONAL EFECTIVO DE UNA POBLACIÓN DE LA GARZA AGAMI (ARDEIDAE: *Agamia agami*), EN EL PARQUE NACIONAL YASUNÍ (ORELLANA, ECUADOR)**

---

Trabajo de titulación previo a la obtención del título de INGENIERA EN BIODIVERSIDAD Y RECURSOS GENÉTICOS.

**Autor(a)**

Ortiz Galarza Flor María

**Tutor(a)**

Dra. Páez Vacas Mónica

QUITO – ECUADOR

2021

**AUTORIZACIÓN POR PARTE DEL AUTOR PARA LA CONSULTA,  
REPRODUCCIÓN PARCIAL O TOTAL, Y PUBLICACIÓN ELECTRÓNICA DEL  
TRABAJO DE TITULACIÓN**

Yo, Flor María Ortiz Galarza, declaro ser autor del Trabajo de Titulación con el nombre “DIVERSIDAD GENÉTICA Y TAMAÑO POBLACIONAL EFECTIVO DE UNA POBLACIÓN DE LA GARZA AGAMI (ARDEIDAE: *Agamia agami*, EN EL PARQUE NACIONAL YASUNÍ (ORELLANA, ECUADOR)”, como requisito para optar al grado de Ingeniera en Biodiversidad y Recursos Genéticos y autorizo al Sistema de Bibliotecas de la Universidad Tecnológica Indoamérica, para que con fines netamente académicos divulgue esta obra a través del Repositorio Digital Institucional (RDI-UTI).

Los usuarios del RDI-UTI podrán consultar el contenido de este trabajo en las redes de información del país y del exterior, con las cuales la Universidad tenga convenios. La Universidad Tecnológica Indoamérica no se hace responsable por el plagio o copia del contenido parcial o total de este trabajo.

Del mismo modo, acepto que los Derechos de Autor, Morales y Patrimoniales, sobre esta obra, serán compartidos entre mi persona y la Universidad Tecnológica Indoamérica, y que no tramitaré la publicación de esta obra en ningún otro medio, sin autorización expresa de la misma. En caso de que exista el potencial de generación de beneficios económicos o patentes, producto de este trabajo, acepto que se deberán firmar convenios específicos adicionales, donde se acuerden los términos de adjudicación de dichos beneficios.

Para constancia de esta autorización, en la ciudad de Quito, a los 5 días del mes de Julio de 2021, firmo conforme:

Autor: Flor María Ortiz Galarza

Firma: 

Número de Cédula: 1717706269

Dirección: Pichincha, Quito, Cotacollao, Cotacollao.

Correo Electrónico: [ing.florortizg@gmail.com](mailto:ing.florortizg@gmail.com)

Teléfono: 0962111282

## **APROBACIÓN DEL TUTOR**

En mi calidad de Tutor del Trabajo de Titulación “DIVERSIDAD GENÉTICA Y TAMAÑO POBLACIONAL EFECTIVO DE UNA POBLACIÓN DE LA GARZA AGAMI (ARDEIDAE: *Agamia agami*), EN EL PARQUE NACIONAL YASUNÍ (ORELLANA, ECUADOR)” presentado por Flor María Ortiz Galarza, para optar por el Título de Ingeniera en Biodiversidad y Recursos Genéticos.

### **CERTIFICO**

Que dicho trabajo de investigación ha sido revisado en todas sus partes y considero que reúne los requisitos y méritos suficientes para ser sometido a la presentación pública y evaluación por parte del Tribunal Examinador que se designe.

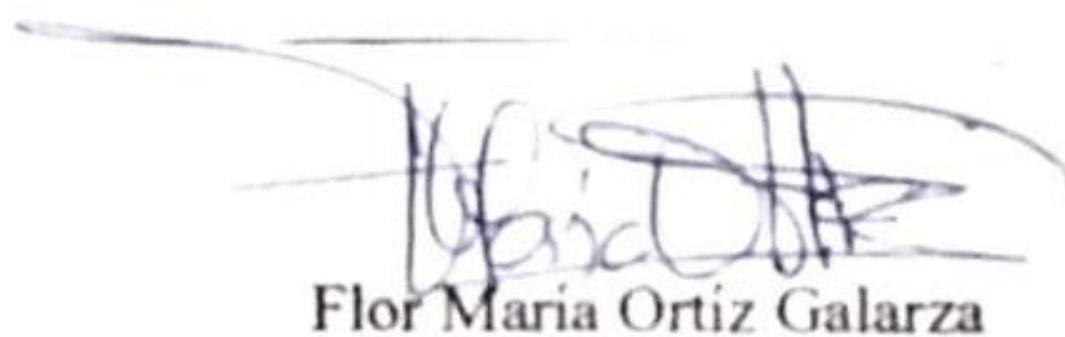
Quito, 5 de Julio del 2021

Dra. Mónica Páez Vacas

## DECLARACIÓN DE AUTENTICIDAD

Quien suscribe, declaro que los contenidos y los resultados obtenidos en el presente trabajo de investigación, como requerimiento previo para la obtención del Título de Ingeniera en Biodiversidad y Recursos Genéticos, son absolutamente originales, auténticos y personales y de exclusiva responsabilidad legal y académica del autor

Quito, 5 de Julio de 2021



Flor Maria Ortiz Galarza

1717706269

## APROBACIÓN TRIBUNAL

El trabajo de Titulación, ha sido revisado, aprobado y autorizada su impresión y empastado, sobre el Tema: DIVERSIDAD GENÉTICA Y TAMAÑO POBLACIONAL EFECTIVO DE UNA POBLACIÓN DE LA GARZA AGAMI (ARDEIDAE: *Agamia agami*), EN EL PARQUE NACIONAL YASUNÍ (ORELLANA, ECUADOR) previo a la obtención del Título de Ingeniera en Biodiversidad y Recursos Genéticos, reúne los requisitos de fondo y forma para que la estudiante pueda presentarse a la sustentación del trabajo de titulación.

Quito, 27 de Julio de 2021



Dra. Nora Helena Oleas Gallo

PRESIDENTE DEL TRIBUNAL



MSc. Zayda Jacqueline Lozano Haro

VOCAL



Dra. Patricia Elena Salerno Domínguez

VOCAL

## **DEDICATORIA**

Dedico este trabajo a mis padres, hermanos, compañeros y profesores.

## **AGRADECIMIENTO**

**Agradezco a mi familia, en especial a mis padres, por apoyarme y alentarme a culminar mis estudios. También agradezco a mi tutora de proyecto de titulación por su paciencia y guía.**

## ÍNDICE DE CONTENIDOS

PORTADA	i
AUTORIZACIÓN PARA EL REPOSITORIO DIGITAL	ii
APROBACIÓN DEL TUTOR	iii
DECLARACIÓN DE AUTENTICIDAD	iv
APROBACIÓN TRIBUNAL	v
DEDICATORIA	vi
AGRADECIMIENTO	vii
ÍNDICE DE CONTENIDOS	viii
ÍNDICE DE TABLAS	xi
ÍNDICE DE FIGURAS	xi
ÍNDICE DE IMÁGENES	xi
RESUMEN EJECUTIVO	xiii
ABSTRACT	xiii
<b>CAPÍTULO I</b>	1
INTRODUCCIÓN	1
LAS GARZAS Y SU CONSERVACIÓN	2
LA FAMILIA ARDEIDAE EN EL ECUADOR	2
LA GARZA AGAMI ( <i>Agamia agami</i> )	2
RESEÑA DE LA CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DE LA GARZA AGAMI	3
DESCRIPCIÓN	4
DISTRIBUCIÓN	5
ESTADO DE CONSERVACIÓN DE LA GARZA AGAMI	6
LA IMPORTANCIA DEL ESTUDIO GENÉTICO DE LAS POBLACIONES PARA LA CONSERVACIÓN DE LAS ESPECIES	8



OBJETIVOS	11
OBJETIVO GENERAL	11
OBJETIVOS ESPECÍFICOS	11
<b>CAPÍTULO II</b>	
MÉTODOS	12
ÁREA DE ESTUDIO	12
MARCADOR MOLECULAR	13
TOMA DE MUESTRAS	13
EXTRACCIÓN DE ADN	12
REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA (PCR)	15
ANÁLISIS DE DATOS	16
<b>CAPÍTULO III</b>	
RESULTADOS ESPERADOS	18
<b>CAPÍTULO IV: CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES</b>	21
CRONOGRAMA	24
PRESUPUESTO	25
LITERATURA CITADA	27

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Sinónimos de <i>Agamia agami</i> entre 1789–1895.	36
Tabla 2. Microsatélites obtenidos de Campanini et al. (2012)	37

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Individuo de la *Garza Agamia agami* en la colonia de anidamiento en el Parque Nacional Yasuní, Orellana – Ecuador. 39

Figura 2. Sitio de anidamiento de la Garza Agami, en la laguna Batelón, Parque Nacional Yasuní, Orellana 39

**UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA INDOAMÉRICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DEL MEDIO AMBIENTE**  
**INGENIERÍA EN BIODIVERSIDAD Y RECURSOS GENÉTICOS**

**TEMA: DIVERSIDAD GENÉTICA Y TAMAÑO POBLACIONAL EFECTIVO DE UNA POBLACIÓN DE LA GARZA AGAMI (ARDEIDAE: *Agamia agami*), EN EL PARQUE NACIONAL YASUNÍ (ORELLANA, ECUADOR)**

**AUTOR:** Flor María Ortiz Galarza

**TUTOR:** Dra. Mónica Páez Vacas

**RESUMEN EJECUTIVO**

Los estudios de genética de poblaciones son una herramienta para estimar la variabilidad genética de una especie a nivel poblacional. Es útil para conocer si una población ha pasado o está pasando por procesos de naturaleza genética que puedan poner en peligro su permanencia en el tiempo. La garza Agami, *Agamia agami* (Ardeidae) es una especie que representa al linaje más antiguo de las garzas, cuya categoría de amenaza es Vulnerable debido a la deforestación de su hábitat. En Ecuador, se ha encontrado una población en el Parque Nacional Yasuní. Sin embargo, no se han realizado estudios genéticos para determinar si presenta amenazas como altos niveles de coeficiente de endogamia o bajos niveles de variación genética. El objetivo de la propuesta es estimar la diversidad genética y el tamaño efectivo poblacional de la Garza Agami con el fin de conocer su real estado de amenaza. Para esto, se utilizarán once microsatélites que son los marcadores moleculares que proveen la resolución necesaria, se estimará también el coeficiente de endogamia. El fin de estimar el estado de variación genética de la garza, y su vulnerabilidad, es obtener información que será de utilidad para evaluar la categoría de amenaza de la especie y para proponer estrategias de conservación.

**DESCRIPTORES:** Conservación, Genética de Poblaciones, Microsatélites, Variabilidad Genética, Vulnerabilidad.

**UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA INDOAMÉRICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DEL MEDIO AMBIENTE**  
**CARRERA INGENIERÍA EN BIODIVERSIDAD Y RECURSOS GENÉTICOS**

**THEME: GENETIC DIVERSITY AND EFFECTIVE POPULATION SIZE OF A POPULATION OF THE AGAMI GARZA (ARDEIDAE: *Agamia agami*), IN THE YASUNÍ NATIONAL PARK (ORELLANA, ECUADOR)**

**AUTHOR:** Flor María Ortiz Galarza

**TUTOR:** Dr. Mónica Páez Vacas

**ABSTRACT**

Population genetic studies are a tool for estimating the genetic variability of species at the population level. It is useful to know if a population has undergone or is undergoing genetic processes that may endanger its permanence over time. The Agami Heron, *Agamia agami* (Ardeidae) is a species that represents the oldest lineage of herons, whose threat category is Vulnerable due to the deforestation of its habitat. In Ecuador, a population has been found in Yasuní National Park. However, no genetic studies have been carried out to determine if it presents threats such as high levels of inbreeding coefficient or low levels of genetic variation. The objective of the proposal is to estimate the genetic diversity and effective population size of the Agami Heron in order to know its real threat status. For this, eleven microsatellite loci will be used, which are molecular markers that provide the needed resolution, and the inbreeding coefficient will also be estimated. The purpose of estimating the state of genetic variation of the heron, and its vulnerability, is to obtain information that will be useful to evaluate the threat category of the species and to propose conservation strategies.

**KEYWORDS:** Conservation, Genetic Variability, Microsatellites, Population Genetics, Vulnerability

## CAPÍTULO I

### INTRODUCCIÓN

La diversidad biológica es la variación de especies, ecosistemas, y diversidad genética (CBD; [www.cbd.int](http://www.cbd.int)). Dicha biodiversidad se está perdiendo a nivel mundial directa o indirectamente por diferentes actividades antrópicas. Entre las principales amenazas está la pérdida y degradación de hábitat, tanto terrestre como acuático. Se estima que hace millones de años, la cobertura de los bosques tropicales fue aproximadamente de  $16 \times 10^6 \text{ Km}^2$ . A finales de la década de los años 70, en el inicio de la era industrial, los bosques tropicales disminuyeron su cobertura a  $10 \times 10^6 \text{ Km}^2$  (Iñigo y Enkerlin, 2002). Para 2011, las estimaciones de deforestación muestran que ya se ha perdido más de la tercera parte de la cobertura boscosa de los trópicos (Iñigo y Enkerlin, 2002, Giam, 2017). El ritmo de deforestación actual indica que en máximo 100 años, los bosques tropicales podrían desaparecer por completo incluyendo las especies que habitan en ellos, y por esta razón se presume que estamos viviendo “la sexta extinción” (Leakey y Lewin, 1995; Iñigo y Enkerlin, 2002; Corcuera, 2011). Con respecto a la degradación del hábitat, la contaminación del agua también contribuye a la pérdida de especies. Se calcula que diariamente se vierten en el agua dos millones de toneladas de desechos provenientes de la industria, la agricultura y cloacas que agregan al agua sustancias químicas, estas pueden ser bioacumuladas por los animales provocando deficiencias fisiológicas que ponen en peligro la supervivencia de las especies (Pascual et. al., 2010; WWAP, 2003). Uno de los grupos más afectados por el cambio de uso de suelo y la contaminación del agua son las aves acuáticas, en especial las garzas (Kushlan y Steinkamp, 2007; Kushlan, 2018).

## **Las garzas y su conservación**

Las garzas pertenecen a la familia Ardeidae. Las ardeidas son conocidas como aves zancudas porque tienen patas y cuello largos, y su pico es generalmente largo y puntiagudo (Hruska, 2018; Kushlan, 2018). Las garzas son aves altriciales, lo que quiere decir que al nacer los polluelos son prematuros, sumamente indefensos e incapaces de desplazarse, su cuerpo no tiene plumas y sus ojos y oídos no están desarrollados, por lo que para su supervivencia el cuidado parental es esencial (Naef-Daenzer y Gruebler, 2016). Para este tipo de aves son indispensables determinadas condiciones de incubación en cuanto a temperatura, humedad y ventilación (Kushlan, 1993). Los nidos son comúnmente contruidos con ramas en plataformas entre árboles o arbustos, pueden anidar solitarias o en colonias (Ridgely y Greenfield, 2006). Son carnívoras, los peces, crustáceos, anfibios e insectos forman parte de su dieta (Hruska, 2018). Son altamente dependientes del agua, si bien no son 100 % acuáticas, necesitan de cuerpos de agua, sea dulce, salada o salobre, para su alimentación, sobretodo en época reproductiva en donde requieren gran cantidad de alimento, por lo que un cambio en los ciclos del agua podría afectar seriamente su supervivencia (Kushlan, 2018).

La transformación de cuerpos de agua y bosques en zonas agrícolas, ganaderas, sitios de extracción de recursos minerales o petroleros, han tenido un gran impacto en la disminución de sitios de forrajeo, cortejo, anidación, y descanso de estas aves (Bennett, 1999; McKinney, 2002; Kushlan, 2018). La contaminación del agua con pesticidas y metales pesados puede significar un notable descenso en el éxito reproductivo de las garzas (García 2002; Corcuera, 2011). Al ser carnívoras, las garzas bioacumulan los químicos sintéticos que son absorbidos por la piel de los peces o ingeridos por insectos o crustáceos (Wayland et al., 2000); estos químicos obstaculizan la asimilación de calcio en las aves resultando en una disminución del grosor de la cáscara de los huevos (Wiemeyer et al., 1984; García, 2002).

Además de la deforestación, degradación de los hábitats y la contaminación del agua, el cambio climático representa otro desafío para las garzas (Wiens et al., 2009; Cotín et al., 2012). Las garzas son altamente dependientes de las condiciones climáticas para sus ciclos reproductivos y alimenticios (Kushlan y Hafner, 2000; Ávila y Tabet, 2010). La modificación del clima influye en los patrones de migración, distribución e incluso comportamiento de algunas especies (Wiens et. al., 2009; Sandoval et. al., 2017). En un estudio realizado en los Everglades, se reportó el abandono de nidos por parte de garzas a razón de la prolongación de la época lluviosa e incremento en su intensidad (Frederick y Collopy, 1989; García, 2002).

En Ecuador, la familia Ardeidae tiene 22 especies que pertenecen a 14 géneros. De las 22 especies, cuatro se encuentran bajo alguna categoría de amenaza, cinco tienen Datos Insuficientes (DD) y 13 están en la categoría de Preocupación Menor (LC) (BirdLife International, 2016). Las especies con categoría de Casi Amenazada (NT) y Vulnerable (VU), habitan en áreas con altos niveles de deforestación y degradación de bosque, por ejemplo, *Tigrisoma fasciatum* (NT) y *Botaurus pinnatus* (VU) habitan en las Regiones del Chocó y Tumbesina; *Zebrilus undulatus* habita en la Llanura Amazónica; y *Agamia agami* (VU) habita tanto en la zona del Chocó como en la Llanura Amazónica (Freile y Poveda, 2019; López et. al., 2019; Bioweb, 2021). Entre las especies de garzas que están amenazadas por diferentes actividades antrópicas, destaca la garza Agami (*Agamia agami*).

## **LA GARZA AGAMI (*Agamia agami*)**

### **Reseña de la clasificación taxonómica de la Garza Agami**

La especie *Agamia agami* ha sido estudiada en su mayoría para conocer su taxonomía, debido a que su posición dentro de la familia Ardeidae ha sido objeto de discusión durante años. Gmelin (1789) describió la especie y determinó que pertenecía al género *Ardea*, género que contenía a la mayoría de las especies de garzas, quedando su nombre científico como *Ardea*



*agami* (Linné, 1789). En los siguientes cien años, la garza Agami tuvo diferentes nombres científicos (Tabla 1) hasta que Sharpe (1895) la denominó *Agamia agami*, tal como la conocemos ahora (Figura 1).

Con respecto a su posición dentro de la familia, Bock (1956) determinó que la garza Agami pertenecía a la subfamilia Ardeinae, basándose en una revisión sistemática de la familia Ardeidae. Para esto, comparó los estados de desarrollo de las plumas de las diferentes especies, usando exclusivamente la colección de pieles de garzas del Museo Americano de Historia Natural (AMNH). Más adelante, Payne y Risley (1976) construyeron la primera estimación cladística de la filogenia de las garzas. Utilizando 33 caracteres osteológicos distinguieron cuatro grupos con diferencias marcadas entre ellos: Garzas Diurnas, Garzas Nocturnas, Garzas Atigradas y Avetoros. Determinaron que *Agamia agami* pertenecía al grupo de las garzas diurnas, que, osteológicamente, era más cercana al género *Ardeola* y que pertenecía a la subfamilia Ardeinae, corroborando las conclusiones de Bock (1956).

Los primeros estudios que utilizaron datos moleculares (Sheldon et al., 1995) revelaron tres grupos principales: las garzas tigre (Tigriornithinae); los avetoros (Botaurinae); garzas diurnas, garcetas y garzas nocturnas (Ardeinae). A pesar de corroborarse la pertenencia de *Agamia* a la subfamilia Ardeinae, Sheldon et al. (1995) consideran que la posición de *Agamia* es todavía una incertidumbre. Asimismo, Bock (1956) menciona que la garza *Agami* es tan aberrante que no ha sido posible descubrir sus verdaderas relaciones. Años más tarde, Kushlan y Hancock (2005) adoptaron una clasificación basada en estudios previos y en un análisis de filogenia estimada a partir de datos de ADN mitocondrial, no publicado realizado por Sheldon y McCracken, quienes dividieron a las garzas (Ardeidae) en cinco subfamilias, dos de ellas monotípicas: Agamiinae y Cochlearniinae, y las otras tres subfamilias con varias especies Tigrisomatinae, Boutarinae y Ardeinae (Hruska, 2018). Posteriormente, Huang (2016) presentó un análisis filogenético de la familia Ardeidae utilizando la subunidad I del citocromo

“C” de la oxidasa mitocondrial (COI por sus siglas en inglés) donde se corrobora la ubicación de *Agamia agami* dentro de la subfamilia Ardeinae. Finalmente, los análisis filogenéticos más recientes concluyen que la especie *Agamia agami* no pertenece a la subfamilia Ardeinae, sino que pertenece a la Subfamilia Agamiinae, y es así como se la clasifica actualmente (Hruska, 2018).

## **Descripción**

La garza Agami mide entre 66 y 76 cm de alto, a pesar de que los machos tienden a ser más altos que las hembras, no existe dimorfismo sexual (Kushlan y Hancock, 2005). Se diferencia de las demás garzas por tener el cuello bastante largo y las patas relativamente cortas (Kushlan y Hancock, 2005). Es la más colorida de las garzas, presenta plumas de color azul en la cabeza, a los lados de la garganta y al final de su espalda, sus alas son de color verde oliva, a zona loreal y patas son de color amarillo, la parte inferior de su cuerpo y cuello son de color castaño, tiene una línea blanca en el centro de la garganta, los juveniles son de color marrón con partes inferiores de color blanco (Kushlan y Hancock, 2005; Erize et al., 2006; BirdLife International, 2014).

En época de cortejo, la zona loreal de los adultos se torna de color anaranjado o rojizo y crecen plumas de color celeste en forma de penacho, en la cabeza (Kushlan y Hancock, 2005; BirdLife International, 2014; Kushlan, 2018). Cada hembra pone dos huevos de color celeste que son cuidados por la pareja (Kushlan y Hancock, 2005; BirdLife International, 2014).

## **Distribución**

La garza Agami se distribuye en Centroamérica y América del Sur (BirdLife International, 2014; Stier y Kushlan, 2015). La zona más septentrional donde se ha registrado esta especie es en Veracruz, México y también habita en las costas del Caribe (Guatemala,

Belice, El Salvador, Honduras, Nicaragua, Costa Rica, Panamá), y en Suramérica se encuentra en las costas del Atlántico (Guyana Francesa, Surinam, Guyana) y en la cuenca del Amazonas (Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia y Brasil) y en la cuenca del Orinoco en Venezuela, (BirdLife International, 2014; Stier y Kushlan, 2015; Sandoval et. al., 2017; Ortiz-Galarza y Garzón Sotomayor, 2019). La garza Agami prefiere bosques inundados, igapós, manglar, bosques de galería y humedales de agua dulce a una altitud de 0 a 300 msnm, pero existe evidencia de observaciones de hasta los 2600 m en los Andes (Kushlan y Hancock, 2005; Plan de Conservación *Agamia agami*, 2015; Sandoval et al., 2017; Stier et al., 2017). Es una especie que evita zonas abiertas o cercanas a ruido y poblados (Sandoval et al., 2017; Kushlan 2018).

Esta garza es generalmente solitaria, pero en época de reproducción es congregatoria (Kushlan, 2018; Stier y Kushlan, 2015). En 2015, se publicó el Plan de Conservación de *Agamia agami* en donde se enlistaron cinco (Costa Rica, Venezuela, Trinidad, Brasil, Guyana francesa) de las ocho localidades en donde se encontraron comunidades de anidamiento. De entre las nuevas localidades de anidamiento registradas para la garza Agami que no constan en el Plan de Conservación (2015), se encuentra la que está localizada dentro de la Reserva Nacional de Tambopata en Perú, en la laguna de Cocococha, cuyos datos no han sido publicados hasta la fecha (AIDER, 2014; [www.tambopata-bahuaja.info/assets/agami.pdf](http://www.tambopata-bahuaja.info/assets/agami.pdf)). Adicionalmente, se conocieron dos nuevas localidades de anidamiento, una en Veracruz, México (Sandoval et al., 2017) y otra en el Parque Nacional Yasuní, Provincia de Francisco de Orellana en Ecuador (Ortiz-Galarza y Garzón-Sotomayor, 2019).

Según lo que se conoce de la garza Agami, esta tiene una amplia distribución, pero sus patrones de movimiento son poco conocidos. Según Hancock y Kushlan (1984) esta garza no es considerada como migratoria, sin embargo, en un estudio sobre el rango de acción de esta ave, en donde se colocaron transmisores a ocho individuos adultos pertenecientes a la colonia de Guyana Francesa, se menciona que esta garza podría ser considerada como variablemente

migratoria ya que las distancias alcanzadas exceden los 1200 Km (Stier et al., 2017). Los individuos estudiados se mantuvieron en la región del Atlántico, pero viajaron a destinos diferentes, esto puede explicarse por sus hábitos solitarios fuera de la época de reproducción, sin embargo, una de las características que diferencia a la migración de los movimientos naturales de una especie, es que, los individuos viajan periódicamente a un destino definido entre temporadas reproductivas y no reproductivas (Naranjo, 2004; Ocampo-Peñuela, 2010). Pese a que el estudio mencionado anteriormente muestra datos sobre los rangos de ocurrencia de la especie, todavía es necesario profundizar sobre sus movimientos para conocer si existe conectividad entre poblaciones que habitan en zonas más distantes como por ejemplo Centroamérica y la Amazonía.

### **Estado de Conservación de la garza Agami**

La garza Agami (*Agamia agami*) está clasificada como “Vulnerable” según la Lista Roja de la UICN (2014). En el continente americano, ocupa el segundo lugar en las especies de garzas prioritarias para la conservación (Abella-Gutiérrez y López-Conlon, 2008; BirdLife International, 2012; Kushlan y Hafner, 2000). Según estimaciones hechas por BirdLife International (2012), entre el 19 al 26 % del hábitat de la garza Agami estaría en peligro de desaparecer en tan solo tres generaciones. En Perú, en la Reserva Nacional de Tambopata, se realizó un monitoreo de la garza Agami entre los años 2005 y 2014, en donde se registró una disminución alarmante del número de adultos en un 93 % y de nidos en un 84 % (<http://www.tambopata-bahuaja.info/assets/agami.pdf>, Ortiz-Galarza y Garzón-Sotomayor, 2019).

El plan de Conservación de *Agamia agami* (2015), recomienda realizar estudios sobre la ecología del ave, monitoreos a largo plazo para tener registros de las dinámicas poblacionales del ave en las diferentes localidades en donde se han registrado sitios de anidación. Por otro

lado, es también necesario resaltar la importancia que la garza Agami tiene en el aspecto filogenético puesto que esta garza es una especie monotípica, es decir, es la única especie de su género y también representa uno de los linajes más antiguo de garzas a nivel mundial (Kushlan y Hancock, 2005).

### **La importancia del estudio genético de las poblaciones para la conservación de las especies**

Una de las estrategias para conocer el estado de las poblaciones en cuanto a los riesgos de extinción es la genética de la conservación, esta identifica los posibles factores genéticos que pueden intervenir en la disminución de especies (Brook et al., 2002; Yeh, 2000). La Unión Mundial para la Naturaleza (UICN) reconoce el mantenimiento de la diversidad genética como una prioridad global de conservación, por cuanto el papel de los factores genéticos en las extinciones de poblaciones contribuye de forma importante al riesgo de extinción (McNeely et al., 1990; Frankham, 2005; Marchelli, 2017).

Un factor fundamental que brinda a las especies la facultad de evolucionar es la variación o diversidad genética (De Rochambeau et al., 2000; Wayne y Miyamoto, 2006). Resulta de la interacción de procesos evolutivos que son el flujo génico, la mutación, la deriva génica y la selección natural (Donoso et. al, 2004; Wayne y Miyamoto, 2006; Lewin, 2008; Pierce, 2009). La fuente primaria de la diversidad genética es la mutación, es decir, alteraciones en el ADN, pueden ser puntuales cuando se altera el orden de los nucleótidos, y también se puede eliminar o duplicar secciones considerables del ADN por medio de la recombinación. Las mutaciones pueden tener efectos positivos, negativos o neutros. En poblaciones estables, las mutaciones favorables para la especie tienden a permanecer, mientras que, en poblaciones pequeñas, sin flujo génico las mutaciones negativas podrían llegar a fijarse, poniendo a la especie en riesgo de extinción (Wang et al., 2002; Nardelli y Túnez, 2017). Otro de los procesos

que ayuda a mantener la diversidad genética es la migración, cuando ocurre un intercambio genético entre poblaciones (flujo génico), si éste se interrumpe se pueden perder alelos importantes para la viabilidad y adaptación de las especies (Blaché, 2011). Por otro lado, la selección natural se refiere a que algunos caracteres que son hereditarios pueden tener ventaja sobre otros para adaptarse, y confieren a las especies mayor supervivencia, éxito reproductivo y adaptación a cambios ambientales (Barbilla, 2010). Por último, la deriva génica es el cambio al azar de las frecuencias alélicas y afecta especialmente a poblaciones que han pasado por llamado cuello de botella, es decir que han tenido una reducción del número de individuos de manera significativa y que han perdido la diversidad de variantes genéticas. En estos casos, la deriva génica puede resultar en la fijación de alelos deletéreos que disminuyen la viabilidad de una especie y la capacidad de adaptación al medio (Bouzat, 2010; Peery et. al, 2012).

Para medir la variación genética existen diferentes medidas. Entre las más comunes tenemos la heterocigosidad, la riqueza alélica y la diversidad de nucleótidos. La heterocigosidad es la fracción de individuos que son heterocigotos en un determinado locus. La heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) es la probabilidad de que, en un locus único, cualquier par de alelos escogidos al azar de la población, sean diferentes entre sí (Nei y Li, 1979). Este parámetro es distinguido por representar el grado de diversidad genética en un determinado locus ( $H_i$ ) y su promedio en N loci dentro de una población es la mayor medida general de la diversidad genética (Nei, 1987). La heterocigosidad observada es la suma de frecuencias de todos los heterocigotos observados en una muestra de genotipos (Nei, 1987). La riqueza alélica es utilizada para determinar cuántos alelos existen para un locus, también usada para demostrar variedad. Finalmente, la diversidad de nucleótidos que permite conocer la cantidad de polimorfismos de nucleótidos en una población (Jiménez y Callada, 2000; Luikart et al., 2001)

Para estudiar la variación genética se utilizan diferentes marcadores moleculares que son biomoléculas, sean segmentos de ADN o proteínas, que permiten detectar diferencias y

similitudes en los organismos para contestar preguntas en el campo de la biología (Loo, 2011). Los marcadores moleculares más usados son microsatélites, ADN mitocondrial y polimorfismos de un solo nucleótido, conocidos como SNPs (Kawabe et al., 2017). Los microsatélites, o secuencias de repetición simple, son regiones de ADN con secuencias cortas de una a seis pares de bases repetidas en tándem llegando a mediar toda la región hasta 100 pares de bases (Scholtterer, 2000). El ADN mitocondrial se utiliza para conocer la estructura de una población, efectos fundadores recientes, distancia genética, herencia materna, entre otros (Loo, 2011). Los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) son el resultado de mutaciones que ocurren en solo en un nucleótido y que, dependiendo de su ubicación en el genoma, pueden reconocer la variación genética funcional (Clark et al., 2005).

Estudiar la variación genética nos permite calcular el tamaño poblacional efectivo, los cambios demográficos de una población, los niveles de endogamia. Conocer el tamaño de la población es indispensable cuando se trata de implementar estrategias de gestión y conservación (Clendenin et al., 2020). Resulta difícil mediante observación llegar a estimar el número de individuos de una población, por lo que los datos moleculares son una de las herramientas para estimar el tamaño poblacional (Hohenlohe et al., 2021). Mediante marcadores moleculares se puede llegar a identificar las relaciones de parentesco y así estimar el tamaño de la población (Schwartz et al., 2007, Paetkau et al., 2009). Para estimar el tamaño poblacional se usa el tamaño poblacional efectivo ( $N_e$ ) que se define como el número de individuos que una población idealizada debería tener para que una cantidad específica de interés sea la misma en la población idealizada que en la población real (Paetkau et al., 2009). Los datos moleculares no solo permiten estimar el tamaño poblacional efectivo, sino inferir la historia demográfica de una población y aspectos de la biología de las especies importantes para la conservación (Frankham, 2002). Poblaciones pequeñas que no tienen flujo génico y que han pasado por cuellos de botella podrían verse afectadas por la endogamia es decir la

reproducción entre individuos emparentados (Loo, 2011). Cuando el coeficiente de endogamia es alto, se pierde la heterocigosidad y disminuye la diversidad genética (Loo, 2011). La endogamia podría hacer que se manifiesten alelos deletéreos que disminuyen la supervivencia y/o el éxito reproductivo de una población, fenómeno conocido como depresión endogámica, que eventualmente podría aumentar el riesgo de extinción (Blanché, 2011; Primack et al., 2001; Frankham et al., 2002).

## **OBJETIVOS**

### **OBJETIVO GENERAL**

Conocer la diversidad genética de una población de la *Agamia agami* (Ardeidae) en el Parque Nacional Yasuní (Orellana, Ecuador).

### **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Estimar la heterocigosidad y la riqueza alélica de la población de la garza Agami.
- Estimar el coeficiente de endogamia de la población de la garza Agami.
- Calcular el tamaño poblacional efectivo de la población.
- Determinar si la población de la garza Agami ha atravesado un cuello de botella.
- Reevaluar la categoría de amenaza de la especie incluyendo los datos genéticos obtenidos.



## CAPÍTULO II

### MÉTODOS

#### Área de estudio

El Parque Nacional Yasuní (PNY) fue creado en 1979 por medio del acuerdo ministerial No. 191 del Ministerio de Agricultura. En 1989, fue declarado Reserva de Biosfera por la UNESCO. Es considerado como uno de los parques más biodiversos del mundo, tiene una superficie de 1022.736 ha, siendo el área protegida más extensa del Ecuador continental. Se encuentra en la región amazónica entre las provincias de Orellana y Pastaza, está delimitado por los ríos Napo y Curaray, es de clima cálido, su temperatura está entre los 24 °C y 27 °C, tiene un promedio de precipitación anual de 3200 mm y su humedad relativa anual oscila entre 80 % y 94 %. El territorio es parcialmente plano con elevaciones de entre 190 m a 400 m sobre el nivel del mar. El Parque Nacional Yasuní se caracteriza porque toda su extensión corresponde al bosque húmedo tropical, que incluye cuatro tipos predominantes de vegetación: Tierra firme no inundable que se encuentra en las zonas más altas, várzea, igapó, y bosque pantanoso (Holdridge, 1967; Bonilla y Guerrero, 2011).

La colonia de estudio se encuentra dentro del PNY, al noroccidente del río Yasuní, en la laguna llamada el Batelón, a una altitud de 184 msnm, es un sitio de difícil acceso, es un área de bosque inundado o igapó (MAE, 2013; Figura 2). Contiene comunidades de árboles que poseen troncos torcidos y producen semillas flotadoras (García et al., 2014).

Se consideró a esta población para la realización de la propuesta ya que es la única población registrada con una colonia de anidamiento dentro del territorio ecuatoriano, y por motivos de logística y costos se realizarán únicamente los análisis genéticos de la población situada en el PNY, es importante mencionar que el presente trabajo pretende ser el inicio de

una serie de estudios de genética de poblaciones en donde se buscará la colaboración de los expertos en la especie en cada sitio en donde se encuentran distribuidas las demás colonias de la garza Agami.

### **Marcador molecular**

El marcador molecular que se utilizará serán microsatélites, ya que estos permiten distinguir los heterocigotos de los homocigotos, como también la hipervariabilidad ya que contienen muchos alelos por locus (Heller y Belfiore, 2019). Los microsatélites son secuencias cortas de pares de bases repetidas en tándem, en un número de variable, que se encuentran dispersos en el ADN, que pueden ser reconocidas con facilidad usando la técnica de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) en donde se usa secuencias flanqueantes llamadas iniciadores o primers (O'Connell y Wright, 1997). Para estudios de genética de poblaciones es recomendado el uso de microsatélites específicos para cada especie, pero, existen estudios que afirman que sí existe la posibilidad de usar marcadores moleculares "universales" entre grupos de taxones hermanos, por lo que se sugiere que se compruebe la eficacia de amplificación de los microsatélites interespecíficos para cada taxón (Barará et. al., 2007). Para este estudio se utilizarán once microsatélites que fueron obtenidos por Campanini et al. (2012), ya que en el mismo estudio se comprobó que los microsatélites obtenidos tuvieron un alto éxito de amplificación en ocho especies de garzas correspondientes a cinco diferentes géneros de la familia Ardeidae: *Ardea cocoi*, *Ardea alba*, *Egretta caerulea*, *Egretta gularis*, *Egretta thula*, *Nycticorax nycticorax*, *Nyctanassa violacea*, *Ardeola ralloides* (Tabla 2).

### **Toma de muestra**

Los individuos serán capturados mediante la técnica de redes de neblina que serán colocadas en los alrededores de la colonia de anidamiento, se usará dicha técnica ya que a pesar de que la garza Agami es un especie grande, el método de redes de neblina fue sido utilizado

por Stier et al. (2017) para la captura de los individuos de esta especie, existen otros métodos de captura para aves que viven en humedales pero estos son efectivos siempre y cuando no exista una fluctuación en el nivel del agua, por lo que dichos métodos no son útiles para la presente propuesta ya que esta se llevará a cabo en Abril, época lluviosa en donde el nivel del agua no se mantiene constante. (Raygadas, 2011). El tamaño muestral será de entre 50 a 60 individuos. El ADN será obtenido a partir de muestras de sangre que se extraerá de la vena subclavia (vena cutánea ulnaris superficialis) que se encuentra entre la articulación de los huesos radio-cubital-húmero y es de fácil acceso, se usarán agujas de calibre 25 G y jeringas de 3ml que son las recomendadas para extracción de sangre en aves (Ochoa y Bouda, 2007). La cantidad de sangre a extraer no sobrepasará el equivalente al 10% (ml /kg) del peso del ave. La muestra será colocada en tubos con 1 ml de ácido etilendiaminotetraacético o mejor conocido como EDTA, este compuesto evita que la sangre se coagule y preserva las células sanguíneas, después se homogenizará el EDTA con la sangre por 10 veces para asegurar que el anticoagulante y la sangre estén bien fusionados. Las muestras serán colocadas en un refrigerador portátil con pilas de refrigeración donde permanecerán hasta llegar al laboratorio, en donde se almacenarán a -20 °C.

### **Extracción de ADN**

Para la extracción de ADN, se seguirá el procedimiento recomendado por Peñafiel et al., (2019). La sangre obtenida será preservada en 99% de etanol, se tomará 1 mL de la sangre preservada y se colocará en un vial Eppendorf de 1,5 mL para ser centrifugada el vial a ~16.000 g (o a 13.000 rpm en una centrífuga de 8 cm de radio) durante 2 minutos para que todas las partículas de sangre formen un pellet. Se eliminarán todos los restos de etanol con una micropipeta y se dejará secar al aire dejando la tapa del vial abierta durante 5 minutos. Se verterán 300 µl de la solución de lisis en el vial, luego se añadirá 3 µL de solución de proteinasa K que serán mezclados por vortex. La muestra será incubada en un termoagitador a 55 °C y

900 rpm\*; 15–18 h (toda la noche); para asegurar que toda la muestra se digiera completamente. Las muestras serán digeridas utilizando un agitador térmico con una velocidad de 900 rpm, para mantener las partículas en solución y evitar que se depositen en el fondo del tubo. Como las muestras se dejarán toda la noche, se añadirá 3 µl de solución de proteinasa K y serán mezcladas por vortex, antes de incubar, después de la incubación a 55 °C, el vial será calentado a 95 °C durante 10 minutos para inactivar cualquier residuo de Proteinasa K. Las muestras se dejarán enfriar a temperatura ambiente durante 5-10 minutos y se añadirán 4 µl de solución de RNasa A al lisado y se mezclará inclinando el fondo del tubo, después las muestras serán incubadas a 37 °C durante 30 min y se dejará enfriar a temperatura ambiente durante 5 min. Se añadirá 100 µL de solución de precipitación de proteínas y para luego agitar enérgicamente durante 20s. Los tubos serán llevados a la centrifugadora a ~16.000g durante 10 min, el sobrenadante será colocado en un tubo vacío de 1,5 mL sin alterar el pellet residual, para precipitar el ADN se añadirá 300 µl de isopropanol al 100% refrigerado (mantenido en el -20 °C), los tubos serán volteados varias veces hasta que el pellet de ADN sea visible, a continuación, se centrifugará a ~16.000 g durante 2–5 minutos o hasta 10 min en el caso de ser necesario. Se desechará el sobrenadante y se añadirá 300 µl de etanol al 70% para lavar el pellet de ADN volteando los tubos 5–10 veces, se centrifugará nuevamente a ~16.000 g durante 2-5 min. El sobrenadante será desechado absorbiendo con una micropipeta para dejar el pellet de ADN lo más seco posible, los tubos se dejarán secar al aire hasta que no se observe ni una sola gota de líquido. El pellet de ADN será resuspendido una solución de rehidratación (por ejemplo, Tris-Cl 10 mM pH 8.0) y se incubará a 65 °C durante 1 hora golpeando ocasionalmente el fondo del vial. Los tubos estarán en reposo a 4 °C durante toda la noche para lograr una resuspensión completa.

### **Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)**

Cada 20  $\mu\text{L}$  de premezcla de PCR está contenida de 1 U de ADN polimerasa Top, 250  $\mu\text{M}$  de dNTPs, 10 mM de Tris-HCl (pH 9,0), 30 mM de KCl y 1,5 mM de  $\text{MgCl}_2$ . La mezcla de reacción se completará con 10 pmol del cebador y 50 ng de ADN genómico. Las temperaturas óptimas de anillamiento se determinarán empíricamente utilizando PCR de gradiente (Mastercycler-nexus, Eppendorf, Hamburgo, Alemania). La amplificación iniciará con una desnaturalización inicial a 94 °C durante 5 min, seguida de 30 ciclos de desnaturalización a 94 °C durante 30s, anillamiento a una temperatura de 58 °C durante 30 s y elongación a 72 °C durante 30 s, y se concluirá con una extensión final a 72 °C durante 5 min. Después del procedimiento de termociclaje de la PCR, los productos se analizarán mediante electroforesis en gel de agarosa al 1,5% (Sahib y Al Shihab, 2017). Para la visualización de los microsátélites, los productos de la PCR serán enviadas a Macrogen Inc. Corea para secuenciamiento para electroforesis capilar.

### **Análisis de datos**

Los alelos obtenidos serán estimados usando Geneious versión 2021.1.1 ([www.geneious.com](http://www.geneious.com)). Se estimará la posibilidad de alelos nulos usando MICROCHECKER (van Oosterhout et al., 2006). Para determinar la diversidad genética y conocer el estado de la población de *Agamia agami*, se calcularán lo siguiente: riqueza alélica, heterocigosidad, coeficiente de endogamia (f), cuello de botella y tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ).

Para calcular la riqueza alélica, se usará el programa FSTAT versión 5.5 (Goudet, 1995), ya que es un paquete informático que estima y prueba la diversidad genética y las estadísticas de diferenciación de los marcadores genéticos codominantes. El Equilibrio Hardy-Weinberg, desequilibrio de ligamiento (LD), la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ) y el coeficiente de endogamia serán calculados usando el software GENEPOP v.4.2 (Raymond and Rousset 1995). Para calcular el tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ), se

utilizará el programa NeEstimator 2.01 (Do et al., 2014) usando el método de desequilibrio de ligamiento (Do et al. 2014). Para analizar si la población ha atravesado un cuello de botella, se utilizará el programa BOTTLENECK v.1.2.03.

## CAPÍTULO III

### RESULTADOS ESPERADOS

Con el desarrollo de este estudio, se espera obtener estimados de la diversidad genética de la garza. Al conocer los niveles de heterocigosidad de la población se espera estimar si existe reproducción entre individuos que no están emparentados, lo cual podría sugerir que el número de individuos de la población no ha disminuido (Loo, 2011). Además, de determinar los niveles de endogamia, con los resultados se espera conocer si la población de estudio ha pasado por cuellos de botella recientes. Estos datos permitirán conocer si la población presenta poca variación genética que potencialmente aumentaría su vulnerabilidad hacia un posible proceso de extinción. Conocer el estatus poblacional es información que se necesita para crear estrategias de conservación.

Con los resultados obtenidos se espera iniciar una base de información genética que sirva de comparación para las demás poblaciones que se encuentran distribuidas en Centro y Suramérica. Se espera que conocer los índices de heterocigosidad, riqueza alélica de la población de estudio y compararlas con las poblaciones y se pueda reconocer cuales son las poblaciones en las cuales se deberían enfocar los esfuerzos de conservación, es decir, si una población posee altos grados de heterocigosidad y riqueza alélica y bajos niveles de endogamia podría significar que esa población podría tener un alto potencial adaptativo a los cambios ambientales y los esfuerzos de conservación podrían estar enfocados en evitar que exista una reducción de los individuos de dicha población.

A pesar de que los estudios de genética de poblaciones han incrementado en las últimas décadas, todavía es raro encontrar planes de conservación de especies que incorporen la información genética para el manejo de las especies. Con la presente propuesta y los resultados obtenidos, se busca utilizar los análisis de genética poblacional y la evaluación de riesgos

genéticos como una oportunidad para la generación de estrategias de manejo y conservación de las especies (Holderegger et al., 2019).

Para ubicar las especies en una correcta categoría de amenaza, se necesita evaluar también la variación genética y el nivel de aislamiento entre sus poblaciones (UICN, 2005). Si la población tiene bajos niveles de variación en comparación con otras poblaciones y/o especies de garzas, eso podría significar potencial re-categorización de la especie.

Con este trabajo se quiere iniciar con las investigaciones sobre esta especie, determinando el tamaño poblacional efectivo. Con esta información, en un futuro se podría calcular el Tamaño Mínimo Viable (TMV); es decir, cuál es el mínimo de individuos que necesita la población de estudio para permanecer estable y que no se incremente la endogamia. De esta manera, garantizar que la población se mantenga en el tiempo y que tenga la capacidad de adaptación y evolución (Hoban et al, 2013; Paz-Vinas et al., 2018; Lopeira, 2019).

Este trabajo debería replicarse en otras poblaciones de la garza para determinar la conectividad entre las diferentes poblaciones, para caracterizar la estructura poblacional de la especie. Esto con el fin de evaluar el potencial de medidas de conservación, para aumentar la diversidad genética y disminuir la endogamia, como el rescate genético. Para realizar un rescate genético, se eligen individuos de otras poblaciones de la misma especie y se introducen en la población objetivo con el fin de mejorar el acervo genético. Esto evitaría que la población pierda alelos importantes que le confieren la capacidad de adaptarse a los cambios ambientales y que se fijen alelos deletéreos, lo que podría disminuir la viabilidad de la población (Frankham, 2010; Stowell et al., 2017). Previo a la implementación de un rescate genético, es necesario evaluar primero qué tan divergentes genéticamente son las poblaciones y si habitan ambientes muy diferentes para evitar una depresión exogámica (Frankham et al., 2011).



El mayor conocimiento del estado de la población de la garza Agami podría permitir el desarrollo de iniciativas de educación ambiental sobre la especie, su importancia y las medidas de conservación que se pueden implementar. Es vital involucrar en estas iniciativas, no solo a la comunidad científica, sino también a los actores políticos y comunidades aledañas del PNY con el fin de lograr alianzas para promover su conservación.

## **CAPÍTULO IV**

### **CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES**

#### **CONCLUSIONES**

Los estudios de genética de la conservación permiten entender el estado poblacional de una especie, predecir qué tan vulnerable es a la extinción, cuál es potencial de adaptarse y persistir a cambios ambientales, evaluar a qué factores son más sensibles y finalmente, realizar planes de manejo para su conservación. Sin embargo, se deben realizar estudios multidisciplinarios que incorporen varios aspectos ecológicos, etológicos y fisiológicos de la especie, entre otros. Además, se debería incorporar un análisis de las posibles amenazas en cuanto a la fragmentación y degradación de su hábitat, cambio climático e incluso se debe tomar en cuenta la relación de la especie con el humano. Al involucrar varios aspectos que pueden afectar a la especie, se puede obtener un plan de conservación completo y exitoso, basado en la realidad de la especie y su entorno.

#### **RECOMENDACIONES**

Se recomienda realizar estudios de genética en más poblaciones de la garza Agami para conocer su estructura poblacional. Además, son importantes los análisis genéticos entre poblaciones que se encuentran más distantes y que habitan en áreas con importantes diferencias ambientales con el fin de conocer si existen diferencias genéticas significativas que puedan indicar procesos de especiación.

Es necesario también realizar estudios genéticos en donde se pueda determinar si existe migración y flujo génico entre poblaciones o si en su defecto las poblaciones se encuentran aisladas unas de otras. Conocer estos datos ayudará a crear planes de conservación basados en la realidad de cada población individual o, en su defecto, realizar planes de conservación en

donde se necesiten acuerdos internacionales para la protección no solo de los sitios de anidamiento, sino también zonas importantes de alimentación y rutas de migración.



## CAPÍTULO V: CRONOGRAMA Y PRESUPUESTO

### CRONOGRAMA

	DESCRIPCIÓN ACTIVIDAD	I Trimestre			II Trimestre			III Trimestre			IV Trimestre		
		1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
<b>TRABAJO DE CAMPO</b>	Colección de muestras en el campo												
<b>TRABAJO DE LABORATORIO</b>	Extracción de ADN												
	PCR												
	Secuenciamiento en Macrogen												
<b>ANÁLISIS DE DATOS</b>	Análisis de datos genéticos												
<b>ESCRITURA Y DIVULGACIÓN</b>	Escritura de informes												
	Escritura de artículo científico												
	Socialización con la comunidad												

**PRESUPUESTO**

	<b>Item</b>	<b>No. de items</b>	<b>Costo por unidad</b>	<b>Descripción</b>	<b>No. de unidades</b>	<b>Costo total</b>
<b>TRABAJO DE CAMPO</b>	Transporte terrestre Quito-Coca	2	\$12	por viaje	2	\$48
	Transporte acuático Coca-Tampococha	1	\$50	por día	2	\$100
	Transporte acuático Tambococha	1	\$20	por día	15	\$300
	Gasolina para embarcaciones	1	\$25	por unidad	8	\$200
	Hospedaje y comida	5	\$10	diario	15	\$750
	Asistente de campo	4	\$35	diario	15	\$2.100
	<b>Gastos de viaje</b>					<b>\$3.498</b>
	<b>Equipos y materiales</b>					
	Anticoagulante	1	\$10	por unidad	2	\$20
			\$40	por 500		\$40
	Tubos de centrifuga	1	\$9	por 100 tubos	1	\$9
	Jeringas (3ml)	1		por 100 unidades	1	
	Etanol 96%	1	\$40	por 1 galón	1	\$40
			\$9	por 100 unidades	4	\$36
	Guantes	1		por unidad	5	\$5
	Gafas de protección	1	\$1	por unidad	5	\$5
	Red de neblina	1	\$40	por unidad	6	\$240
<b>Equipos y materiales</b>					<b>\$390</b>	
	<b>SUBTOTAL TRABAJO DE CAMPO</b>					<b>\$3.888</b>

<b>TRABAJO DE LABORATORIO</b>	Extracción de ADN	de 1	\$2,50	por muestra	50	\$125
	Primers	1	\$150	por par	11	\$1.650
	PCR	1	\$12	por muestra	50	\$600
	Secuenciamiento en Macrogen	1	\$10	por muestra	50	\$500
	<b>SUBTOTAL LABORATORIO</b>					<b>\$2.875</b>
<b>DIFUSIÓN</b>	Sala de conferencias	de 1	\$200	Por sala	\$ 200	<b>\$ 200</b>
<b>TOTAL</b>						<b>\$6.963</b>

## LITERATURA CITADA:

- Abella-Gutiérrez, I., y López-Conlon, M. (2008). Fenología reproductiva de una colonia de Garza Agami (*Agamia agami*, Aves: Ardeidae) en la Reserva Pacuare, Costa Rica. *Brenesia*, 69, 77-79.
- Ávila, D. D., y Tabet, M. A. (2010). Condiciones climáticas en la ciénaga de Birama, Cuba, entre 1995 y 2004. *Mesoamericana* 14 (1), 35-43.
- Bennett, A. F. (1999). *Linkages in the landscape: The Role of Corridors and Connectivity in Wildlife Conservation* (No. 1). IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK
- Bock, W. J. (1956). A generic review of the family Ardeidae (Aves). *American Museum Novitates* 1779, 1-49.
- Bonilla S., y Guerrero J. (2011). Informe De Gestión Parque Nacional Yasuní. Fondo Ambiental Nacional. Ministerio del Ambiente.
- Barbara, T., PALMA-SILVA, C. L. A. R. I. S. S. E., Paggi, G. M., Bered, F., Fay, M. F., y Lexer, C. (2007). Cross-species transfer of nuclear microsatellite markers: potential and limitations. *Molecular ecology*, 16(18), 3759-3767.
- Brook, B. W., Tonkyn, D. W., O'Grady, J. J. y Frankham, R. (2002). Contribution of Inbreeding to Extinction Risk in Threatened Species. *Conservation Ecology*, 6(1), 16.
- Bouzat, J. L. (2010). Conservation genetics of population bottlenecks: the role of chance, selection, and history. *Conservation Genetics*, 11(2), 463-478.  
<https://doi.org/10.1007/s10592-010-0049-0>
- Camero, J. P. G. (2002). *Estado actual de la contaminación por metales pesados y pesticidas organoclorados en el parque natural de Monfragüe* [ Tesis de Doctorado, Universidad de Extremadura] . <http://www.pcid.es/public.htm>
- Campanini, E. B., Sanches, A., Hatanaka, T., y Del Lama, S. N. (2012). Isolation and characterization of 11 microsatellite loci from cattle egret (*Bubulcus ibis*) and cross-amplification in other Ardeidae species. *Conservation Genetics Resources*, 4(3), 707-709.  
<https://doi.org/10.1007/s12686-012-9627-4>
- Clark, A. G., Hubisz, M. J., Bustamante, C. D., Williamson, S. H., y Nielsen, R. (2005). Ascertainment bias in studies of human genome-wide polymorphism. *Genome research*, 15(11), 1496-1502.  
<https://doi.org/10.1101/gr.4107905>



- Clendenin, H. R., Adams, J. R., Ausband, D. E., Hayden, J. A., Hohenlohe, P. A., y Waits, L. P. (2020). Combining harvest and genetics to estimate reproduction in wolves. *The Journal of Wildlife Management*, 84(3), 492-504.  
<https://doi.org/10.1002/jwmg.21820>
- Cotín, J., García-Tarrasón, M., Jover, L., y Sanpera, C. (2012). Are the toxic sediments deposited at Flix reservoir affecting the Ebro river biota? Purple heron eggs and nestlings as indicators. *Ecotoxicology*, 21(5), 1391-1402.  
<https://doi.org/10.1007/s10646-012-0893-4>
- Corcuera Martínez del Río, P. (2011). La desaparición de especies de aves. ¿ Cuáles son los grupos más vulnerables y cuál sería el panorama al que nos enfrentaríamos si algunas especies desaparecieran?. *Revista digital universitaria*, 12(1), 1-14.
- De Rochambeau, H., Fournet-Hanocq, F., y Khang, J. V. T. (2000). Measuring and managing genetic variability in small populations. In *Annales de zootechnie. EDP Sciences*, 49(2), 77-93.
- Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J., y Ovenden, J. R. (2014). NeEstimator v2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (Ne) from genetic data. *Molecular ecology resources*, 14(1), 209-214.  
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157>
- Erize, F., Rodriguez Mata, J. R., y Rumboll, M. (2006). *Princeton illustrated checklist Birds of South America - Non-Passerines: Rheas to Woodpeckers*. Princeton University Press.
- Frankham, R. (2005). Genetics and extinction. *Biological conservation*, 126(2), 131-140.  
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.05.002>
- Frankham, R. (2010). Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. *Biological conservation*, 143(9), 1919-1927.  
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.05.011>
- Frankham, R., Ballou, S. E. J. D., Briscoe, D. A., y Ballou, J. D. (2002). *Introduction to conservation genetics*. Cambridge university press.
- Frankham, R., Ballou, J. D., Eldridge, M. D., Lacy, R. C., Ralls, K., Dudash, M. R., y Fenster, C. B. (2011). Predicting the probability of outbreeding depression. *Conservation Biology*, 25(3), 465-475.  
<https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2011.01662.x>

- Frederick, P. C., y Collopy, M. W. (1989). Nesting success of five ciconiiform species in relation to water conditions in the Florida Everglades. *The Auk*, 106(4), 625-634.
- Freile, J. F., y Poveda, C. (2019). Aves del Ecuador. (Version 2019.0). Museo de Zoología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Obtenido 6 Junio 2021 <https://bioweb.bio/faunaweb/avesweb>.
- García, M., Parra, D. y Mena V., P. (2014). El país de la biodiversidad: Ecuador. Quito, Ecuador: Fundación Botánica de los Andes. Ministerio del Ambiente y Ecofondo.
- Geneious Prime v. 2021.1.1 Biomatters Ltd. Available online: <https://www.geneious.com>.
- Giam, X. (2017). Global biodiversity loss from tropical deforestation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(23), 5775-5777.  
<https://doi.org/10.1073/pnas.1706264114>
- Goudet, J. F. S. T. A. T. (1995). FSTAT (version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of heredity*, 86(6), 485-486.
- Hancock, J. y J. Kushlan, 1984. *The Herons Handbook*. Croom Helm, London y Sydney.
- Heine, F. y Reichenow, A. 1890. Nomenclator musei heineani ornithologici. R. Friedlander y Sohn, Berlin
- Heller, L., y Belfiore, N. (2019). Using Non-Invasive Sampling Techniques to Test Genetic Markers for the Little Blue Heron (*Egretta caerulea*). *Biology*, 4(1), 1-3.
- Hoban, S. M., Hauffe, H. C., Pérez-Espona, S., Arntzen, J. W., Bertorelle, G., Bryja, J., Frith, K., Gaggiotti, O. E., Galbusera, P., Godoy, J. A., Rus Hoelzel, A., Nichols, R. A., Primmer, C. R., Russo, I., Segelbacher, G., Siegismund, H. R., Sihvonen, M., Vernesi, C., Vilà, C. y Bruford, M. W. (2013). Bringing genetic diversity to the forefront of conservation policy and management. *Conservation Genetics Resources*, 5(2), 593-598.  
<https://doi.org/10.1007/s12686-013-9859-y>
- Hohenlohe, P. A., Funk, W. C., y Rajora, O. P. (2021). Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology*, 30(1), 62-82.  
<https://doi.org/10.1111/mec.15720>
- Holderegger, R., Balkenhol, N., Bolliger, J., Engler, J. O., Gugerli, F., Hochkirch, A., Nowak, C., Segelbacher, G., Widmer, A. y Zachos, F. E. (2019). Conservation genetics: Linking science with practice. *Molecular Ecology*, 28(17), 3848-3856.  
<https://doi.org/10.1111/mec.15202>
- Holdridge, L. R. (1967). Life zone ecology. Life zone ecology.

- Huang, Z. H., Li, M. F., y Qin, J. W. (2016). DNA barcoding and phylogenetic relationships of Ardeidae (Aves: Ciconiiformes). *Genetics and molecular research*, 15(3), 1-8.  
<http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038270>
- Iñigo-Elías, E. y Enkerlin-Hoeflich, E. C. (2003). Amenazas, estrategias e instrumentos para la conservación de aves. pp. 86-132. En: H. Gómez de Silva y A. Oliveras de Ita (Eds.). *Conservación de Aves, experiencias en México*. National Fish and Wildlife Foundation y CONABIO. México, D.F
- Jiménez, P., y Collada, C. (2000). Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación. *Forest Systems*, 9(4), 237-248.
- Kawabe et. al, 2013. Techen, N., Parveen, I., y Khan, I. A. (2017). A single molecular marker to distinguish between species of Dioscorea. *Genome*, 60(3), 201-207.  
<https://doi.org/10.1139/gen-2015-0105>
- Kushlan, J. A. (1993). Colonial waterbirds as bioindicators of environmental change. *Colonial waterbirds*, 16(2), 223-251.  
<https://doi.org/10.2307/1521444>
- Kushlan, J. A., y Steinkamp, M. J. (2007). Seabird nesting and conservation in the northern Bahamas. *Waterbirds*, 30(4), 613-623.  
[https://doi.org/10.1675/1524-4695\(2007\)030\[0613:SNACIT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1675/1524-4695(2007)030[0613:SNACIT]2.0.CO;2)
- Kushlan, J. A. (2018). Heron conservation—a history. *Waterbirds*, 41(4), 345-354.  
<https://doi.org/10.1675/063.041.0411>
- Kushlan, J. A., y Hafner, H. (2000). *Heron conservation*. Helm.
- Kushlan, J. A., y Hancock, J. A. (2005). *Hérons*. OUP Oxford.
- Lapeira Varela, D. (2019) *Aplicación de un modelo conceptual y metodológico en conservación para distintos planes de conservación de fauna silvestre* [ Tesis de Grado, Pontificia Universidad Javeriana] .  
<https://repository.javeriana.edu.co/bitstream/handle/10554/46641/Trabajo%20de%20Grado%20Denys%20Lapeira%20V.pdf?sequence=1>
- Latham, J. (1790). Index Ornithologicus. Systema Ornithologiae. V1. Pag. 700. (Ardea fusca)
- Leakey, R. E., y Lewin, R. (1995). *The sixth extinction: biodiversity and its survival*. Phoenix.
- Lewin, B. (2008). *Genes IX*.
- Lichtenstein, M.H.C. (1854) Nomenclator Avium Musei Zoologici Berolinensis: Namenverzeichniss der in der zoologischen Sammlung der königlichen Universität zu Berlin aufgestellten Arten von Vögeln [...]. Königliche Akademie der Wissenschaften, Berlin, VIII, 123 pp.

- Linné, C. (1789). *Systema naturae* (Vol. 1). Apud JB Delamolliere.
- Loo, J. A. (2011). *Manual de genética de la conservación*. México, DF. Semarnat y Conafor.  
 Recuperado de:  
[http://www.conafor.gob.mx/biblioteca/documentos/MANUAL\\_DE\\_GENETICA\\_DE\\_LA\\_CONSERVACION.PDF](http://www.conafor.gob.mx/biblioteca/documentos/MANUAL_DE_GENETICA_DE_LA_CONSERVACION.PDF)
- López, V., Espíndola, F., Calles, J., y Ulloa, J. (2019). *Amazonía ecuatoriana bajo presión*. Ecociencia.
- Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J. D., Bouvet, J., y Taberlet, P. (2001). Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(10), 5927-5932.  
<https://doi.org/10.1073/pnas.091591198>
- Marchelli, P. (2017). *Variabilidad genética en Raulí (Nothofagus nervosa (Phil.) Dim. et Mil. su relación con procesos evolutivos y su importancia en la conservación y utilización de sus recursos genéticos* [Tesis de Doctorado, Universidad Nacional de Comahue].  
<http://rdi.uncoma.edu.ar:8080/handle/123456789/196>
- McKinney, M. L. (2002). Urbanization, Biodiversity, and Conservation The impacts of urbanization on native species are poorly studied, but educating a highly urbanized human population about these impacts can greatly improve species conservation in all ecosystems. *BioScience*, 52(10), 883-890.  
[https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2002\)052\[0883:UBAC\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2002)052[0883:UBAC]2.0.CO;2)
- McNeely, J. A., Miller, K. R., Reid, W. V., Mittermeier, R. A., y Werner, T. B. (1990). *Conserving the world's biological diversity*. International Union for conservation of nature and natural resources.
- Naef-Daenzer, B., y Grübler, M. U. (2016). Post-fledging survival of altricial birds: Ecological determinants and adaptation. *Journal of Field Ornithology*, 87(3), 227-250.  
<https://doi.org/10.1111/jofo.12157>
- Naranjo LG. (2004). *Las aves migratorias y la planificación del manejo de reservas naturales*. [Conservación de hábitats para aves migratorias para aves migratorias en la cuenca del Río Orinoco]. Conferencia, Villavicencio, Meta
- Nardelli, M., y Túnez, J. I. (2017). Aportes de la genética de la conservación al estudio de los mamíferos neotropicales: revisión y análisis crítico. *Ecología austral*, 27(3), 421-436.  
<https://doi.org/10.25260/EA.17.27.3.0.539>
- Nei, M. (1987). *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University press.

- Nei, M., y Li, W. H. (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(10), 5269-5273.  
<https://doi.org/10.1073/pnas.76.10.5269>
- O'Connell, M., y Wright, J. M. (1997). Microsatellite DNA in fishes. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 7(3), 331-363.  
<https://doi.org/10.1023/A:1018443912945>
- Ocampo-Peñuela, N. (2010). El fenómeno de la migración en aves: una mirada desde la Orinoquia. *Orinoquia*, 14(2), 188-200.
- Ochoa, L. N., y Bouda, J. (2007). *Patología clínica veterinaria*. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Ortiz-Galarza, F. M., y Garzón-Santomaro, C. (2019). New nesting locality of the Agami Heron, *Agamia agami* (Pelecaniformes: Ardeidae) in Ecuador. *Biota colombiana*, 20(1), 126-131.  
<https://doi.org/10.21068/c2019.v20n01a09>
- Paetkau, D., Vázquez-Domínguez, E., Tucker, N. I., y Moritz, C. (2009). Monitoring movement into and through a newly planted rainforest corridor using genetic analysis of natal origin. *Ecological Management & Restoration*, 10(3), 210-216.  
<https://doi.org/10.1111/j.1442-8903.2009.00490.x>
- Pascual, U., Muradian, R., Brander, L., Gómez-Baggethun, E., Martín-López, B., Verma, M., Armsworth, P., Christie, M., Cornelissen, H., Eppink, F., Farley, J., Loomis, J., Pearson, L., Perrings, C. y Polasky, S. (2010). The economics of valuing ecosystem services and biodiversity. *The economics of ecosystems and biodiversity*, 183-256.
- Payne, R. B., y Risley, C. J. (1976). *Systematics and evolutionary relationships among the herons (Ardeidae)*. Universidad de Michigan.
- Paz-Vinas, I., Loot, G., Hermoso, V., Veyssiere, C., Poulet, N., Grenouillet, G., y Blanchet, S. (2018). Systematic conservation planning for intraspecific genetic diversity. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 1-10.  
<https://doi.org/10.1098/rspb.2017.2746>
- Peery, M. Z., Kirby, R., Reid, B. N., Stoelting, R., Doucet-Béer, E. L. E. N. A., Robinson, S., y Palsbøll, P. J. (2012). Reliability of genetic bottleneck tests for detecting recent population declines. *Molecular Ecology*, 21(14), 3403-3418.  
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05635.x>

- Peñafiel, N., Flores, D. M., Rivero De Aguilar, J., Guayasamin, J. M., y Bonaccorso, E. (2019). A cost-effective protocol for total DNA isolation from animal tissue. *Neotropical Biodiversity*, 5(1), 69-74.  
<https://doi.org/10.1080/23766808.2019.1706387>
- Pierce, B. A. (2009). *Genética: Un enfoque conceptual*. Southwestern University.
- Primack R., Rozzi R., Feisinger P., Dirzo R., Massardo F., 2001. Fundamentos de Conservación Biológica: Perspectivas Latinoamericanas. *Journal of Mammalogy*, 85(1), 171-171.
- Raygadas Torres, B. S. (2011). *Aplicación de técnicas polínicas para el reconocimiento de uso de hábitat en dos especies de aves acuáticas residentes del Lago de Cuitzeo*. [Tesis de Maestría, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo].  
[http://bibliotecavirtual.dgb.umich.mx:8083/xmlui/handle/DGB\\_UMICH/1660](http://bibliotecavirtual.dgb.umich.mx:8083/xmlui/handle/DGB_UMICH/1660)
- Raymond, M., y Rousset, F. (1995). An exact test for population differentiation. *Evolution*, 49(6) 1280-1283.  
<https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1995.tb04456.x>
- Reichenow, A. (1877). Systematische Uebersicht der Schreitvögel (Gressores), einer natürlichen, die Ibiidae, Ciconidae, Phoenicopteridae, Scopidae, Balaenicipidae und Ardeidae umfassenden Ordnung. *Journal für Ornithologie*, 25(2), 113-171.  
<https://doi.org/10.1007/BF02005278>
- Ridgely, R., Greenfield, P. 2006. *Aves del Ecuador. Guía de Campo*. Academia de Ciencias Naturales de Filadelfia.
- Sandoval, J. C., Segura, G. E., y Reynoza, X. L. G. (2017). La garza Monjita. *Biodiversitas*, 133, 1-11
- Schlötterer, C. (2000). Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma*, 109(6), 365-371.  
<https://doi.org/10.1007/s004120000089>
- Schwartz, M. K., Luikart, G., y Waples, R. S. (2007). Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends in Ecology y Evolution*, 22(1), 25-33.  
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.08.009>
- Sharpe, R. B. (1895). Curiosities Of Bird Life. *Good Words*, 36, 528-535.
- Sheldon, F. H., McCracken, K. G., y Stuebing, K. D. (1995). Phylogenetic relationships of the Zigzag Heron (*Zebrilus undulatus*) and White-crested Bittern (*Tigriornis leucolophus*) estimated by DNA-DNA hybridization. *The Auk*, 112(3), 672-679.  
<https://doi.org/10.1093/auk/112.3.672>

- Stier, A., Ricardou, A., Uriot, S., De Pracontal, N., y Kushlan, J. A. (2017). Breeding season home range and migration of the Agami Heron (*Agamia agami*). *Waterbirds*, 40(3), 289-296.  
<https://doi.org/10.1675/063.040.0310>
- Stier, A., y Kushlan, J. (2015). *Plan de conservación de la Garza Agami (Agamia agami)*. Asociación GEPOG.
- Stowell, S. M. L., Pinzone, C. A., y Martin, A. P. (2017). Overcoming barriers to active interventions for genetic diversity. *Biodiversity and Conservation*, 26(8), 1753-1765.  
<https://doi.org/10.1007/s10531-017-1330-z>
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., y Shipley, P. (2006). *MICRO-CHECKER v. 2.2. 3*. University of Hull, Kingston-upon-Hull, UK.
- Wang, S., J.J. Hard y F. Utter. 2002. Salmonid inbreeding: a review. *Biology and Fisheries*, 11, 301-319.
- Wayland, M., Hobson, K. A., y Sirois, J. (2000). Environmental contaminants in colonial waterbirds from Great Slave Lake, NWT: Spatial, temporal and food-chain considerations. *Arctic*, 221-233.  
<https://doi.org/10.14430/arctic853>
- Wiemeyer, S. N., Lamont, T. G., Bunck, C. M., Sindelar, C. R., Gramlich, F. J., Fraser, J. D., y Byrd, M. A. (1984). Organochlorine pesticide, polychlorobiphenyl, and mercury residues in bald eagle eggs and their relationships to shell thinning and reproduction. *Archives of Environmental Contamination and Toxicology*, 13(5), 529-549.
- Wiens, J. A., Stralberg, D., Jongsomjit, D., Howell, C. A., y Snyder, M. A. (2009). Niches, models, and climate change: assessing the assumptions and uncertainties. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(2), 19729-19736.  
<https://doi.org/10.1073/pnas.0901639106>
- WWAP, U. (2003). *The world water development*. United Nations world water assessment programme.
- Yeh, F. C. (2000). *Forest conservation genetics: Principles and Practice*. University of Oxford, UK,





## TABLAS

**Tabla 1.** Sinónimos de *Agamia agami* entre 1789–1895.

<b>Nombre Científico</b>	<b>Sinónimo</b>	<b>Fuente</b>
<i>Agamia agami</i>	<i>Ardea agami</i>	Gmelin (1789)
<i>Agamia agami</i>	<i>Ardea fusca</i>	Latham (1790)
<i>Agamia agami</i>	<i>Egretta gamia</i>	Swainson (1837)
<i>Agamia agami</i>	<i>Agamia picta</i>	Reichenbach (1853)
<i>Agamia agami</i>	<i>Herodias agami</i>	Lichtenstein (1854)
<i>Agamia agami</i>	<i>Ardea picta</i>	Reichenow (1877)
<i>Agamia agami</i>	<i>Nycticorax agami</i>	Reichenow (1857)
<i>Agamia agami</i>	<i>Doriponus agami</i>	Heine y Reichenow (1890)
<i>Agamia agami</i>	<i>Agamia agami</i>	Sharpe (1895)

**Tabla 2.** Microsatélites obtenidos de Campanini et al. (2012). T° = Temperatura de alineación de los primers.

Locus	Sentido	Primer	Motivo de repetición	T°	Tamaño observado (pb)
Bi01	5'3'	F: GAGCCCAGTGAATTGTTTAG R: GAGAGTGGCAGGTGTATAGG	(GT) <sub>11</sub>	5 7	263–269
Bi08	5'3'	F: AGTCAGCTCTTGCCTCTCTC R: AACTCAAAGTACTACAGCATGC	(TTGG) <sub>4</sub>	5 8	111–119
Bi13	5'3'	F: CTAATTCCCGTATTCCCTTT R: CACAGGCAGATGAGCAGTG	(AC) <sub>4</sub> (CT) <sub>2</sub> (GT) <sub>2</sub>	6 0	191–193
Bi15	5'3'	F: GGGCTTGTATGATGAACTTT R: TTTCTCCACTCTAGTTGCTGT	(TTCC) <sub>2</sub> (AG) <sub>4</sub>	5 6	199–201
Bi18	5'3'	F: CATGACCATGTTCTTCG R: TAGAGCATTAGCTAACGTAAG	(TA) <sub>8</sub> (CA) <sub>6</sub>	5 7	208–214
Bi20	5'3'	F: TGGATTAGGTCCTGTTATTC R: ACAGTAAGTTCGGCTTCTG	(TGC) <sub>5</sub>	5 6	250–256
Bi22	5'3'	F: AGCCATTCCAGAGCCTAG R: GAAGTCTGACCGGGAATG	(AC) <sub>5</sub> T(AC) <sub>8</sub>	5 8	248–254
Bi26	5'3'	F: GCTTCAGACCACCCGTG R: CACCGGTTAGCAAGGAAT	(AG) <sub>9</sub>	5 9	287–291

Bi28	5`3`	F: TCTTAACAGATGTTCCAAGTG R: AACACCGTTCTGTGCTTC	(TG) <sub>8</sub>	5 6	211–213
Bi29	5`3`	F: CTGACAACACCGTTCTGTG R: TAACAGATGTTCCAAGTGACA	(CA) <sub>8</sub>	5 7	211–213
Bi30	5`3`	F: ACCTTAGCAAACCCCTC R: GAGCGGGATGAGCATCA	(GT) <sub>7</sub>	6 0	226–228

---

## FIGURAS



**Figura 1.** Individuo de la Garza *Agamia agami* en la colonia de anidamiento en el Parque Nacional Yasuní, Orellana – Ecuador.



**Figura 2.** Sitio de anidamiento de la Garza Agami, en la laguna Batelón, Parque Nacional Yasuní, Orellana - Ecuador

