



CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS
DEL NOROESTE, S.C.

Programa de Estudios de Posgrado

**ESTRUCTURA POBLACIONAL Y GENÉTICA DEL
PARGO LUNAREJO *Lutjanus guttatus* Y DEL
CHUPALODO *Porichthys analis* (PISCES)
PRESENTES EN LA FAUNA DE
ACOMPañAMIENTO DEL CAMARÓN EN EL
GOLFO DE CALIFORNIA**

T E S I S

Que para obtener el grado de

Doctor en Ciencias

Uso, Manejo y Preservación de los Recursos
Naturales
(Orientación en Pesquerías)

p r e s e n t a

O s c a r A r m a n d o G o n z á l e z O c h o a

La Paz, B.C.S. Abril de 2010

ACTA DE LIBERACION DE TESIS

En la Ciudad de La Paz, B. C. S., siendo las 12:00 horas del día 12 del Mes de Febrero del 2010, se procedió por los abajo firmantes, miembros de la Comisión Revisora de Tesis avalada por la Dirección de Estudios de Posgrado del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C., a liberar la Tesis de Grado titulada:

"Estructura poblacional y genética del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* y del chupalodo *Porichthys analis* (Pisces) presentes en la Fauna de Acompañamiento en la pesquería de camarón en el Golfo de California"

Presentada por el alumno:

Oscar Armando González Ochoa


Aspirante al Grado de DOCTOR EN CIENCIAS EN EL USO, MANEJO Y PRESERVACION DE LOS RECURSOS NATURALES CON ORIENTACION EN **Pesquerías**

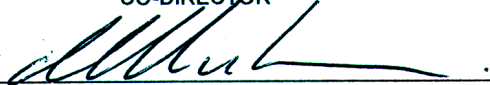
Después de intercambiar opiniones los miembros de la Comisión manifestaron su **APROBACION DE LA TESIS**, en virtud de que satisface los requisitos señalados por las disposiciones reglamentarias vigentes.


LA COMISION REVISORA


DRA. JUANA LÓPEZ MARTÍNEZ
CO-DIRECTOR DE TESIS


DRA. NORMA Y. HERNÁNDEZ SAAVEDRA
CO-DIRECTOR


DR. SERGIO HERNÁNDEZ VÁZQUEZ
CO-TUTOR


DR. DANIEL LLUCH COTA
CO-TUTOR


DR. PEDRO CRUZ HERNÁNDEZ
CO-TUTOR


DRA. ELISA SERVIERE ZARAGOZA,
DIRECTORA DE ESTUDIOS DE POSGRADO

CONFORMACIÓN DE COMITÉS

COMITÉ TUTORIAL Y COMITÉ REVISOR DE TESIS

Dra. Juana López Martínez	CIBNOR, S.C.	Co-Director de tesis
Dra. Norma Y. Hernández Saavedra	CIBNOR, S.C.	Co-Director de tesis
Dr. Daniel Lluch-Cota	CIBNOR, S.C.	Co-Tutor
Dr. Pedro Cruz Hernández	CIBNOR, S.C.	Co-Tutor
Dr. Sergio Hernández Vázquez	CIBNOR, S.C.	Co-Tutor

JURADO DE EXAMEN DE GRADO

Dra. Juana López Martínez	CIBNOR, S.C.
Dra. Norma Y. Hernández Saavedra	CIBNOR, S.C.
Dr. Daniel Lluch-Cota	CIBNOR, S.C.
Dr. Pedro Cruz Hernández	CIBNOR, S.C.
Dr. Jesús Rodríguez	CIBNOR, S.C.
SUPLENTE:	
Dr. Enrique Morales Bojórquez	CIBNOR, S.C.

RESUMEN

Existen limitados estudios de diversidad poblacional fenotípica o genotípica de las especies que conforman la Fauna de Acompañamiento del camarón (FAC) en el Golfo de California. El presente trabajo evaluó la existencia de estructura poblacional y genética del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* y el chupalodo *Porichthys analis* a partir de muestras provenientes de la FAC y de la pesca ribereña. El pargo lunarejo no presentó características poblacionales diferentes y la relación Longitud-Peso ($P = 0.000092 \text{ LE}^{3.0509}$; LE, longitud estándar) mostró un crecimiento isométrico. Se construyeron distribuciones de frecuencia de tallas y mediante ELEFAN I se estimaron los parámetros de crecimiento de von Bertalanffy, que fueron $L_{\infty} = 515 \text{ mm (LE)}$ y $K = 0.13$ e indican una especie longeva (23 años). La mortalidad natural ($M = 0.35$) se estimó con las ecuaciones empírica de Pauly y de Ralston, y la mortalidad total ($Z = 1.0$) con la ecuación de curva de captura convertida en tallas. El patrón de reclutamiento se estimó mediante ELEFAN II y se extendió durante todo el año, con máximos en primavera-verano. La talla de primera captura ($LC_{50} = 80 \text{ mm, LE}$) se estimó por ajuste no lineal de mínimos cuadrados. La proporción sexual fue 1:1. En el chupalodo tampoco existen elementos para inferir una estructura poblacional. La relación talla-peso fue $P = 0.000092 \text{ LE}^{3.0509}$; los parámetros de crecimiento $L_{\infty} = 352 \text{ mm de LE}$ y $K = 0.5$ indican una especie de moderadamente longeva (12 años). La mortalidad natural ($M = 0.97$) y la total ($Z = 4.67$) aparecen altas. El patrón de reclutamiento es mayor durante primavera-verano. La proporción sexual M:F fue 1,65:1 y la talla de primera madurez (L_{m50}) es menor en el norte (148 mm LE) que en el centro y sur (184 mm LE; global, 157 mm LE) y en ambos casos mayor que la talla de primera captura ($LC_{50} = 135 \text{ mm LE}$). Se obtuvo ADN total que se usó como template en la amplificación del gen 16S ADNmt (\approx

467 pb) mediante PCR, se secuenciaron y alinearon mediante Clustal W o Muscle, y obtuvieron 33 haplotipos para el pargo lunarejo y 39 para el chupalodo. Se evaluaron las relaciones de similitud y filogenia mediante la construcción de árboles con los criterios de Vecino mas Cercano (Neighbour-Joining), Máxima Parsimonia con el programa MEGA y Máxima Verosimilitud mediante el programa BOSQUE. Debido a la alta consistencia (> 90 %), en la formación de dos clados dentro cada especie, a los altos valores de distancia genética entre ellos (Pargo lunarejo, D_{Nei} = 2.85; chupalodo D_{Nei} = 6.0) y a niveles de diferenciación poblacional, estimados mediante AMOVA, entre esos clados (Pargo lunarejo: F_{CT} = 0.88, P = 0.000; Chupalodo: F_{CT} = 0.91, P = 0.1461) se consideró que existe una mezcla de dos especies (*Lutjanus* sp A y B) en lo que se consideró como pargo lunarejo y al menos dos (*Porichthys* sp. A y B) en el chupalodo. Siendo un gen relativamente conservado, los valores de diversidad genética como número de sitios polimorficos (S), diversidad haplotípica (H), diferencias pareadas promedio (k) diversidad nucleotídica (π) son relativamente bajos. De manera similar el resultado de un AMOVA utilizando este marcador (16 S) no detecta una estructura genética significativa entre las localidades o entre agrupaciones de éstas. El efecto de la sobrepesca sería evidente a mas largo plazo en el pargo lunarejo que en el chupalodo, y si bien la pesca captura organismos jóvenes, la veda del camarón coincide con los meses mas intensos de reproducción y reclutamiento de ambas especies. Se sugiere el uso de otros marcadores como COI, Cit b para discriminar adecuadamente entre las especies y Región control o microsatélites para discriminar estructura poblacional.

Palabras clave: *Porichthys analis*, *Lutjanus guttatus*, estructura.

ABSTRACT

There are limited studies on population phenotypic or genotypic diversity on fish species that make up the Shrimp bycatch (FAC) in the Gulf of California (GC). The present study evaluated the existence of population structure and genetic structure of spotted rose snapper *Lutjanus guttatus* and darkedge midshipman fish *Porichthys analis* from shrimp bycatched and artisanal fishery samples in the GC. The spotted rose snapper did not show a population structure and length-weight relationship ($W = 0.000092 SL^{3.0509}$, SL, standard length) was estimated by least squares. Frequency distributions were constructed by ELEFAN I, size and growth parameters of von Bertalanffy model were $L_{\infty} = 515$ mm (LE) and $K = 0.13$ indicating a long-lived species (23 years). Natural mortality ($M = 0.35$) was estimated using Pauly's empirical and Ralston's equations, and total mortality ($Z = 1.0$) with length converted catch curve equation. The recruitment pattern was estimated by ELEFAN II and was extended throughout the year, with peaks in spring and summer. The mean size at capture ($LC_{50} = 80$ mm, SL) was estimated by nonlinear least squares. The sex ratio M:F was 1:1. Elements to infer a population structure in darkedge midshipman were not found either. The length-weight relationship was $W = 0.000,092 SL^{3.0509}$, the growth parameters $L_{\infty} = 352$ mm SL and $K = 0.5$ indicates a short life span (12 years). Natural ($M = 0.97$) and total mortality ($Z = 4.67$) were high. The recruitment pattern is highest during spring and summer. The sex ratio M: F was 1,65:1 and mean size at first maturity (Lm_{50}) is lower in the north (148 mm SL) than in the center and southern (184 mm SL; overall, 157 mm SL) part of the Gulf and in both cases greater than the mean size at capture ($LC_{50} = 135$ mm SL). For both species total DNA was obtained and used as template in PCR amplification of 16S mtDNA (≈ 467 pb), the amplicons were sequenced and aligned by Clustal W or

Muscle program, yielding 33 haplotypes for spotted rose snapper and 39 for darkedge midshipman. We evaluated the homology relationships between haplotypes by Neighbor-Joining, Maximum Parsimony (MEGA program) and Maximum Likelihood (BOSQUE program) trees. Due to high consistency (> 90%) in two clades formation within each species, the high values of genetic distance between them (snapper $D_{Nei} = 2.85$; midshipman $D_{Nei} = 6.0$) and levels of population differentiation, estimated by AMOVA, among these clades (snapper *Lutjanus*: $F_{CT} = 0.88$, $P = 0.000$; midshipman *Porichthys*: $F_{CT} = 0.91$, $P = 0.1461$) we considered there is an admixture of two species (*Lutjanus* sp A and B) in what initially was considered as spotted rose snapper, and at least two species (*Porichthys* sp. A and B) in the darkedge midshipman fish group. Because 16S is a relatively conserved gene, the genetic diversity values as number of polymorphic sites (S), haplotype diversity (H), average pairwise differences (k), nucleotide diversity (π) values are relatively low. Similarly, the AMOVA result of using this marker (16S) did not detect a significant genetic structure between populations or between clusters of them. The effect of overfishing would be evident in a longer time in the spotted rose snapper *Lutjanus* than on darkedge midshipman *Porichthys*, and even when shrimp fishery catches juvenil organisms, the shrimp closed season coincides with the most intensive reproductive and recruitment months from both species. We suggest the use of alternative markers such as COI, Cit b to adequately discriminate between species and control region or microsatellites to discriminate on population structure.

Keywords: *Porichthys analis*, *Lutjanus guttatus*, structure.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco muy especialmente a la Dra. Norma Hernández Saavedra, por su paciencia y apoyo constante, por haber confiado en mi a pesar de mi absoluta inexperiencia en temas de genética.

A la Dra. Juana López Martínez por su apoyo durante mi estadía en Guaymas, y sus consejos para auxiliarme en el proceso de mi formación.

A los miembros de mi comité tutorial y revisor de tesis: Dr. Daniel Lluch-Cota, Dr. Pedro Cruz Hernández, Dr. Sergio Hernández Vázquez, Dr. Jesús Rodríguez y Dr. Enrique Morales Bojórquez por sus valiosas críticas y sugerencias para el planteamiento, desarrollo y conclusión de éste trabajo.

Agradezco al CONACYT por la beca otorgada (No. 142799) durante los estudios doctorales.

Agradezco al CIBNOR, por los recursos y equipo puesto a disposición para mi formación, en particular al Proyecto EP1.1 y el Proyecto SAGARPA-CONACYT 2003-C01-089.

Al personal del Laboratorio de Pesquerías (CIBNOR, Guaymas) Eloisa, Jesús Padilla, Ana María Siaruki Quijano, Emma Reyes, Rufino Ramírez, por auxiliarme en la identificación de especies, obtención de muestras y conformación de bases de datos.

A ti Delia Rojas, encargada del Laboratorio de Genética molecular (CIBNOR, La Paz) por todo tu apoyo y paciencia durante estos años de aprendizaje.

Al Instituto Nacional de la Pesca por las facilidades otorgadas para la obtención de muestras. Así como a la Dra. Elaine Espino Barr del CRIP Manzanillo por proveer de muestras adicionales para este estudio.

A Rubén Valles y muy especialmente a mi compañero Miguel Correa, por auxiliarme con el análisis de los datos y su interpretación. Sin su ayuda este trabajo me parecía un mar de programas informáticos poco comprensibles.

PREFACIO

El presente trabajo de tesis doctoral comprende también los siguientes artículos y manuscritos en preparación.

Trabajo	Status
González-Ochoa OA, López-Martínez J y Hernández-Saavedra NY. 2009. Publicado Population characteristics of spotted rose snapper <i>Lutjanus guttatus</i> caught as shrimp bycatch in the Gulf of California. <i>Interciencia</i> , 34(11):808-813.	
González-Ochoa OA, López-Martínez J y Hernández-Saavedra NY. Darkedge midshipman <i>Porichthys analis</i> (Hubbs and Shults, 1939) (Pisces), a common fish from the Gulf of California shrimp bycatch with unknown population characteristics. <i>Revista de Biología Marina y Oceanografía</i> .	Sometido
González-Ochoa OA, López-Martínez J y Hernández-Saavedra NY. Estudios genéticos de algunas especies recurrentes en la fauna de acompañamiento del camarón en el Golfo de California: el chupalodo <i>Porichthys analis</i> (Hubbs & Schultz, 1939). En: López-Martínez J., Morales-Bojorquez E. y Ocampo-Victoria L. (Eds.). Efectos de la pesca de arrastre del camarón efectuada en el Golfo de California. Pp 30, México, Ed. CIBNOR.	Sometido

CONTENIDO

RESUMEN	III
ABSTRACT	V
AGRADECIMIENTOS.....	VII
1. INTRODUCCIÓN	18
2. ANTECEDENTES.....	21
2.1. DIVERSIDAD BIOLÓGICA Y DIVERSIDAD GENÉTICA	21
2.2. EL GOLFO DE CALIFORNIA Y SU IMPORTANCIA.....	25
2.3. LA PESQUERÍA DE CAMARÓN	27
2.3.1. Mitigación de los efectos.....	28
2.4. LOS EFECTOS DE LA PESCA	29
2.5. USO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA	31
3. HIPÓTESIS	34
4. OBJETIVOS.....	35
4.1. OBJETIVO GENERAL	35
4.2. DETERMINAR LA ESTRUCTURA POBLACIONAL Y GENÉTICA DEL CHUPALODO Y DEL PARGO LUNAREJO, A PARTIR DE MUESTRAS DE LA FAUNA DE ACOMPañAMIENTO DEL CAMARÓN, EN EL GOLFO DE CALIFORNIA.....	35
4.3. OBJETIVOS PARTICULARES	35
4.3.1. Determinar los parámetros poblacionales clave: crecimiento, mortalidad, patrón de reclutamiento, del chupalodo y del pargo lunarejo.....	35
4.3.2. Determinar la distribución y temporada de reclutamiento del chupalodo y del pargo lunarejo.....	35
4.3.3. Evaluar la estructura poblacional con los parámetros poblacionales antes estimados	35

4.3.4.	Determinar la variabilidad genética del chupalodo y el pargo lunarejo	35
4.3.5.	Determinar la estructura genética del chupalodo y el pargo lunarejo...	35
5.	METODOLOGÍA.....	36
5.1.	ÁREA DE ESTUDIO Y TRABAJO PREVIO EFECTUADO.....	36
5.2.	OBTENCIÓN DE MUESTRAS.....	36
5.2.1.	Información de observadores a bordo de la flota camaronera de Sonora	38
5.2.1.1.	Pesca comercial.....	38
5.2.1.2.	Cruceros realizados en época de veda del camarón.....	39
5.2.2.	Información de avisos de arribo de la flota escamera del estado de Sonora	43
5.2.3.	Muestreos en campos pesqueros.....	43
5.3.	TRABAJO DE GABINETE.....	45
5.3.1.	Estimación de parámetros poblaciones.....	45
5.3.1.1.	Relaciones biométricas.....	45
5.3.1.2.	Estructura por tallas.....	46
5.3.1.3.	Crecimiento.....	46
5.3.1.4.	Talla de primera madurez sexual.....	48
5.3.1.5.	Patrón de reclutamiento.....	49
5.3.1.6.	Mortalidad total, mortalidad por pesca, mortalidad natural y tasa de explotación.....	49
5.3.1.7.	Longevidad.....	51
5.3.2.	Distribución espacial.....	51
5.3.2.1.	Composición de especies de la captura de escama ribereña.....	52
5.4.	ANÁLISIS GENÉTICOS.....	52
5.4.1.	Aislamiento de ADN total.....	52
5.4.2.	Evaluación del ADN obtenido.....	54
5.4.3.	Amplificación mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación.....	55

5.4.4.	Análisis de secuencias.....	56
5.4.4.1.	Estructura poblacional.....	57
5.4.4.2.	Variabilidad genética.....	58
6.	RESULTADOS.....	60
6.1.	DISTRIBUCIÓN ESPACIAL Y PARÁMETROS POBLACIONALES POR ESPECIE.....	60
6.1.1.	Distribución de Chupalodo <i>P. analis</i>	60
6.1.1.1.	Estimación de parámetros poblacionales del chupalodo <i>P. analis</i>	61
6.1.2.	Distribución del pargo lunarejo <i>L. guttatus</i>	70
6.1.2.1.	Estimación de los parámetros poblacionales del pargo lunarejo.....	71
6.2.	ANÁLISIS GENÉTICOS.....	80
6.2.1.	Extracción de ADN total y amplificación mediante PCR de un fragmento del gen 16S ribosoma.....	80
6.2.2.	Análisis de alineamiento y variabilidad genética.....	82
6.2.3.	Análisis de comparación de secuencias y homología molecular.....	90
6.2.4.	Redistribución de haplotipos.....	99
6.2.5.	Diversidad genética y neutralidad.....	109
6.2.6.	Estructura genética.....	113
7.	DISCUSIÓN.....	118
8.	CONCLUSIONES.....	148
9.	LITERATURA CITADA.....	150
10.	ANEXO.....	165

LISTA DE TABLAS

Tabla I. Ubicación geográfica de las estaciones muestreadas durante la temporada de veda del camarón del 2004.....	41
Tabla II. Lista de las especies de peces más comunes encontradas como F.A.C. en el Golfo de California. (Tomado de López Martínez <i>et al.</i> , en prensa).....	42
Tabla III. Relaciones morfométricas del chupalodo <i>Porichthys analis</i>	62
Tabla IV. Resultado de la prueba para la comparación pareada entre las distribuciones de frecuencia de tallas por zona para el chupalodo <i>Porichthys analis</i>	64
Tabla V. Parámetros de la ecuación de crecimiento de von Bertalanffy del chupalodo <i>Porichthys analis</i>	65
Tabla VI. Tasas de mortalidad y longevidad del chupalodo <i>Porichthys analis</i> por zonas.....	70
Tabla VII. Relaciones morfométricas del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i>	73
Tabla VIII. Resultado de la prueba para la comparación pareada entre las distribuciones de frecuencia de tallas por zona para el pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> obtenido de arrastres camaroneros en el golfo de California.	75
Tabla IX. Valores de los parámetros de la ecuación de crecimiento de von Bertalanffy para el pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> obtenidos a partir de arrastres camaroneros en el Golfo de California.	75
Tabla X. Tasas de mortalidad y longevidad del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i>	79
Tabla XI. Ejemplo de la secuencia (dirección 5'-3') de un fragmento del gen 16S ribosomal de pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i>	83
Tabla XII. Lista de los haplotipos encontrados en un fragmento de la secuencia del gen 16S ribosomal del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> . Los puntos indican identidad con el haplotipo 1.	84
Tabla XIII. Distribución de los haplotipos por localidad, del gen 16S de pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i>	85
Tabla XIV. Ejemplo de la secuencia (dirección 5'-3') de un fragmento del gen 16S ribosomal del chupalodo <i>Porichthys analis</i>	86
Tabla XV. Lista de los haplotipos encontrados en un fragmento de la secuencia del gen 16S ribosomal del chupalodo <i>Porichthys analis</i> . Los puntos indican identidad con el haplotipo 1.	87
Tabla XVI. Distribución de los haplotipos, por localidad, del gen 16S del chupalodo <i>Porichthys analis</i>	89

Tabla XVII. Análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) considerando el índice de fijación (F_{ST}) para los agrupamientos generados a partir de los análisis filogenéticos del pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. del chupalodo <i>Porichthys</i> sp.	98
Tabla XVIII. Lista de los haplotipos encontrados después de la reagrupación, en la secuencia del gen 16S ribosomal del pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. A. Los puntos indican identidad con el haplotipo 1. *Delección en el sitio 29.	100
Tabla XIX. Distribución de los haplotipos de ANDmt del gen 16S de pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. A encontrados por localidad.	102
Tabla XX. Lista de los haplotipos encontrados después de la reagrupación, en la secuencia del gen 16S y los sitios variables en el pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. B. Los puntos indican identidad con el haplotipo 9 (h9).	103
Tabla XXI. Distribución de los haplotipos por localidad de ANDmt del gen 16S de pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. B.	103
Tabla XXII. Lista de los haplotipos después de la preagrupación, en la secuencia del gen 16S ribosomal de <i>Porichthys</i> sp. A. Los puntos indican identidad con el haplotipo 1 (h1).	105
Tabla XXIII. Distribución de los haplotipos de ANDmt del gen 16S por localidad en <i>Porichthys</i> sp. A.	107
Tabla XXIV. Lista de los haplotipos y de ADNmt de la sección del gen 16S y su distribución (Kino), encontrados en <i>Porichthys</i> sp. B. Los puntos indican identidad con el haplotipo 14 (h14).	109
Tabla XXV. Parámetros descriptivos de la variabilidad genética de pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. para las distintas localidades.	110
Tabla XXVI. Parámetros descriptivos de la variabilidad genética del chupalodo <i>Porichthys</i> sp. para las distintas localidades.	112
Tabla XXVII. Valores de la prueba de neutralidad D de Tajima para las especies de <i>Lutjanus</i> y <i>Porichthys</i>	113
Tabla XXVIII. Valores pareados de F_{ST} (bajo la diagonal) y valores de significancia estadística (sobre la diagonal) para la comparación entre poblaciones de pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp. A.	114
Tabla XXIX. Valores pareados de F_{ST} (bajo la diagonal) y valores de significancia estadística (sobre la diagonal) para la comparación entre poblaciones de chupalodo <i>Porichthys</i> sp.	114
Tabla XXX. Análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) considerando el índice de fijación de Wright (F_{ST}) para los agrupamientos mostrados entre localidades de distribución de pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp.	115

Tabla XXXI. Análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) considerando el índice de fijación (F_{ST}) para los agrupamientos entre localidades de distribución de <i>Porichthys</i> sp. A.....	116
Tabla XXXII. Relaciones biométricas de <i>L. guttatus</i> reportadas por diversos autores.	124
Tabla XXXIII. Parámetros de crecimiento del pargo lunarejo, <i>L. guttatus</i> , obtenidos por diversos autores.	127

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Plan de estaciones de muestreo de camarón, para cruceros de altamar, realizados de Julio a Agosto del 2004.	37
Figura 2. Ubicación de las localidades de donde se recolectaron las muestras de tejido de chupalodo y de pargo lunarejo.	44
Figura 3. Distribución del chupalodo <i>Porichthys analis</i> , en el Golfo de California, durante la temporada de pesca de camarón 2004.	60
Figura 4. Relación entre longitud total y longitud estándar del chupalodo <i>Porichthys analis</i> recolectados de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.	61
Figura 5. Relación entre longitud estándar y peso total del chupalodo, <i>Porichthys analis</i> colectados de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.	62
Figura 6. Distribución de frecuencias de tallas del chupalodo <i>Porichthys analis</i> para cada zona del Golfo de California (Norte, Centro y Sur), obtenidas de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.	64
Figura 7. Curva de crecimiento, por zonas, para el chupalodo <i>Porichthys analis</i> , aplicando el modelo de von Bertalanffy.	66
Figura 8. Curva de ajuste para el cálculo de la talla media de primera madurez sexual del chupalodo <i>Porichthys analis</i> , obtenido de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.	68
Figura 9. Patrón de reclutamiento del chupalodo <i>Porichthys analis</i> , obtenido de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.	69
Figura 10. Distribución del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> en el Golfo de California, a partir de los muestreos de arrastres de camarón.	71
Figura 11. Relación entre longitud total y longitud estándar del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> en el Golfo de California a partir de arrastres camaroneros.	72
Figura 12. Relación entre la longitud estándar y el peso total del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> en el Golfo de California a partir de arrastres camaroneros.	72
Figura 13. Distribución de frecuencia de tallas para el pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> por zona del Golfo de California obtenidas a partir de arrastres camaroneros. .	74
Figura 14. Curvas de crecimientos del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> derivadas de la aplicación del modelo de von Bertalanffy, por zonas.	76

Figura 15. Patrón de reclutamiento del pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> en el Golfo de California.....	78
Figura 16. Ejemplo del ADN total obtenido a partir de muestras de tejido muscular de pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> y chupalodo <i>Porichthys analis</i> . Notación: M, marcador molecular Low DNA Mass Lader (Invitrogen, ®). A la izquierda el marcador indica la longitud de las cadenas de ADN (pb) y su concentración aproximada ($\text{ng } \mu\text{l}^{-1}$); líneas 1-8, pargo lunarejo Lugu443-Lugu451; líneas 10-20, chupalodo Poan36-Poan41.	81
Figura 17. Ejemplo de algunos productos de la amplificación del gen 16S a partir de ADN total obtenido de tejido muscular de pargo lunarejo <i>Lutjanus guttatus</i> y chupalodo <i>Porichthys analis</i> , recolectados de la FAC y de pesca artesanal. Notación: líneas 1-9, pargo lunarejo Lugu443-Lugu451; líneas 10-18 chupalodo Poan31-Poan44. A la derecha se indica el tamaño aproximado del amplificado obtenido conforme a lo estimado con un marcador (izquierda, 1Kb Plus, Invitrogen ®).	82
Figura 18. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en pargo lunarejo construido mediante el método de Vecino más cercano (Neighbour-Joining).....	91
Figura 19. . Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en pargo lunarejo construido mediante el método de Máxima Parsimonia.....	92
Figura 20. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el pargo lunarejo construido mediante el método de Máxima Verosimilitud.	93
Figura 21. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el chupalodo construido mediante método de distancias genéticas Vecino más cercano (Neighbour-Joining).....	95
Figura 22. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el chupalodo construido mediante el método de Máxima Parsimonia.....	96
Figura 23. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el chupalodo construido mediante el método de Máxima Verosimilitud.	97

1. INTRODUCCIÓN

El concepto de diversidad biológica comprende la variabilidad de los distintos niveles de organización biológica, desde las poblaciones y especies hasta los ecosistemas (CBDMS, 1995; Féral, 2002). Un programa de conservación dirigido a preservar esta diversidad, debe evaluar además de los ecosistemas y las relaciones filogenéticas entre las especies, la variabilidad genética hacia dentro de una población así como entre poblaciones distintas (Lande, 1988; Bowen, 1999; Kenchington *et al.*, 2003). De esta manera, la preservación de la diversidad genética es parte de los procesos de conservación (Shumway, 1999; Kenchington, 2001).

Entre las regiones marinas con mayor diversidad biológica se encuentra el Golfo de California. En esta región se presentan cetáceos, pinnípedos, aves y peces, además de algunas especies catalogadas en riesgo de extinción como la vaquita marina (Lluch-Cota *et al.*, 2004). Una de las explicaciones de esta alta diversidad, es la geomorfología que presenta el Golfo de California y los procesos físicos internos que se generan, que derivan en características oceanológicas particulares (Lavín *et al.*, 1997; Lluch-Cota *et al.*, 2004) que permiten una alta productividad, aunada a la convergencia de aguas templadas y tropicales, permitiendo una variada gama de comunidades. Considerando criterios ictiológicos, se ha dividido al Golfo en al menos tres zonas o regiones: zona norte, zona centro y zona sur (Walker *et al.*, 1960; Thomson *et al.*, 1987; Castro-Aguirre *et al.*, 1995). Dada su alta productividad y biodiversidad, en el Golfo de California se desarrollan importantes pesquerías, contribuyendo con aproximadamente el 50 % de la producción pesquera de México. Entre estas pesquerías, la del camarón se destaca en cuanto a

beneficios económicos, siendo la primera en generación de divisas y la tercera en importancia en volumen, superada solo por la de atún y sardina (López-Martínez *et al.*, 2000; Sierra-Rodríguez *et al.*, 2005). Sin embargo, de manera incidental, junto con el camarón se pesca una alta proporción (2-10 veces la captura) de muchas otras especies que se conocen como Fauna de Acompañamiento de Camarón (F.A.C.), siendo la mayoría descartadas o subutilizadas (Alverson *et al.*, 1994; Kelleher, 2005). La F.A.C. incluye principalmente peces (80 %) y, en menor proporción crustáceos y moluscos (Van der Heiden, 1985; Rábago-Quiroz, 2005) siendo la mortalidad asociada el efecto más notorio.

La actividad pesquera en general, afecta tanto el entorno marino como a las poblaciones de las especies pescadas, incidentalmente o no (Jennings y Kaiser, 1998). El proceso tiende a la captura de organismos de mayor talla y selecciona a favor de individuos de menor crecimiento y que alcanzan la madurez reproductiva a tallas o edades más tempranas (Smith, 1994; Kenchington, 2001). Se ha sugerido también la selección de caracteres conductuales (reproductivos o de evasión a artes de pesca) que operarían en detrimento del aprovechamiento de los recursos (Shumway, 1999; Heino, 2003).

Frecuentemente, se supone que las especies de peces marinos mantienen poblaciones muy numerosas y con una gran capacidad de dispersión. De esta de manera es difícil que se presenten procesos de afectación genética. Sin embargo, la población puede estar particionada o estructurada genéticamente y entonces, la pesca puede reducir la abundancia a grado tal que se generen procesos de pérdida de la variabilidad genética (Féral, 2002; Hauser *et al.*, 2002; Kenchington y Heino, 2003; Hutchings y Bakun, 2005). Por otro lado, considerando que la extinción económica ocurre mucho antes que la extinción biológica, es factible la recuperación de las poblaciones; sin embargo, este precepto no aplica en

especies de alto valor comercial, aquellas que forman parte de pesquerías multiespecíficas o aquellas que componen la fauna de acompañamiento (Dulvy *et al.*, 2003).

De esta manera, además de aspectos demográficos, es conveniente la estimación de la variabilidad genética de una especie, ya sea que se explote comercialmente o se utilice como auxiliar en la designación de reservas (Lande, 1988; Bowen, 1999; Laikre *et al.*, 2005). Gaines *et al.* (1999) sugieren como especies testigo aquellas que presentan una estructura poblacional evidente, que se encuentran amenazadas o habitan en el extremo de su distribución geográfica.

Entre las especies que componen la F.A.C. del camarón en el Golfo de California, se encuentran organismos pequeños de pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* (Lutjánidae). Esta especie, presenta en la región del golfo la parte más norteña de su distribución (Allen, 1995; Robertson y Allen, 2002) y posee importancia económica, pues los adultos forman parte de las especies objetivo en la pesquería de escama ribereña (CONAPESCA, 2003); de este modo, se encuentra sometida a dos fuentes de afectación pesquera.

La otra especie, el chupalodo *Porichthys analis* (Batrachoïidae) se encuentra entre las especies más abundantes y que ocurren con mayor frecuencia en la F.A.C. Forma parte de la dieta de aves y lobos marinos, distribuyéndose en el Golfo de California y parte del Pacífico Mexicano (Collete *et al.*, 1995; Robertson y Allen, 2002); aún cuando carece de valor económico, forma parte integral del sistema y podría tener una importancia ecológica relevante (Walters *et al.*, 2000).

2. ANTECEDENTES

2.1. Diversidad biológica y diversidad genética

El término de diversidad biológica posee múltiples acepciones dependiendo de la escala en la que se aplica. En el nivel más alto, el cuarto, la diversidad de paisaje, integra el tipo, condición, patrón y conectividad existente entre el conjunto de ecosistemas o comunidades. El tercer nivel comprende la variedad de comunidades o ecosistemas. En el segundo nivel se encuentra la diversidad orgánica (o específica) que incluye la abundancia de especies en un ecosistema o comunidad. En el primer nivel, la diversidad infraespecífica o genética, comprende la variación dentro de una misma población así como entre poblaciones distintas. El complejo de interrelaciones que se establecen entre estos niveles de organización es también parte de la biodiversidad y los tres primeros niveles, se traslapan en torno a un eje común: la población, como grupo fundamental. La pérdida de una población resulta en una pérdida de variabilidad genética y por lo tanto, en una reducción de la diversidad total. Esta diversidad no puede ser recuperada, es irremplazable y esencial para la evolución adaptativa de las especies. (CBDMS, 1995; Féral, 2002). A su vez, la adaptación de los organismos a condiciones extremas en el ámbito de la distribución de su especie, conlleva a incrementos graduales de aislamiento, diferenciación y variabilidad (Kawecki, 2008; Sexton *et al.*, 2009). La interacción entre los rasgos vitales, determinados genéticamente, y las condiciones del ambiente contribuyen al mantenimiento de estas diferencias entre poblaciones (Begg *et al.*, 1999). De ésta manera, las especies y poblaciones, raramente conforman un grupo único de individuos que se reproducen de

manera aleatoria, sino mas bien se encuentran subdivididos en grupos mas pequeños. Pueden existir diferentes niveles de estructuración poblacional, que a su vez pueden o no tener un arreglo jerárquico. De modo tal que una población puede estar dividida en grupos o regiones, a su vez divididos en unidades menores y así hasta que se determina una unidad que puede ser considerada como básica y relativamente homogénea (Excofier, 2007).

La distinción o discriminación entre poblaciones, principalmente aquellas explotadas comercialmente (pesqueras) se basa en el análisis de estas variaciones fenotípicas. Por ejemplo, el uso de diferencias de rasgos morfométricos y merísticos, de composición química y patrones de formación de bandas en estructuras calcificadas (por ejem. otolitos y escamas) o la expresión diferencial de rasgos de historia de vida como son el crecimiento, la sobrevivencia, el reclutamiento, la reproducción y la distribución espacial entre otros. Estrategias alternativas comprenden el uso de etiquetas de marcaje y de marcadores genéticos de diversa índole que auxilian en la definición de las diferencias poblacionales (Begg *et al.*, 1999; Cadrin, 2005). Con la creciente diversificación y aplicación de técnicas genéticas moleculares, esta discriminación de la variabilidad dentro de la especie, se redefinió incluyendo la premisa de aislamiento reproductivo. El reconocimiento de que no existe un método único para ajustarse al complejo de características que implica la diversidad poblacional conlleva a una visión mas holística que requiere múltiples fuentes de datos demográficos y genéticos. De este modo es difícil considerar a las poblaciones como unidades geográficas distintas, con rasgos vitales homogéneos y aisladas de otras adyacentes (Cadrin y Secor, 2009).

La evaluación de la diversidad requiere, inicialmente, de un proceso exploratorio que consiste en el descubrimiento o identificación de las especies y su interrelación. Una

segunda fase comprende la cuantificación y monitoreo de la diversidad, estableciendo el *status* actual, y si es posible histórico, detectando cambios a través del tiempo. Debido a que la evaluación de todos los organismos en un sistema no es posible, se eligen algunos grupos utilizados como ejemplo-modelo del entorno donde se encuentran (Vecchione *et al.*, 2000).

Un concepto ampliamente aceptado se refiere a que las especies, en general, se extinguen antes de que los factores genéticos lleguen a impactarlas. Sin embargo, en grupos de especies relacionadas taxonómicamente, aquellas que presentan una menor diversidad genética, poseen un mayor riesgo de extinción (Spielman *et al.*, 2004). Si bien, la diversidad de especies interviene en el funcionamiento del ecosistema y su resiliencia, en un ambiente pobre en especies, la diversidad genotípica puede suplir el papel de la diversidad específica y, de esta manera, amortiguar eventualidades ambientales (Reusch *et al.*, 2005).

Comúnmente, para propósitos de conservación inmediata, se confiere mayor importancia a las variables poblacionales que a la genética de las poblaciones. Sin embargo, el riesgo de extinción puede ser alto, incluso en grandes poblaciones, y se incrementa por influencia del deterioro del hábitat. Este, a su vez, puede incidir en una reducción de la diversidad genética. Si bien el proceso de declinación de la especie puede ser repentino o lento, la extinción como tal puede tomar más tiempo y la población puede aparecer como sana en el corto plazo, aunque sea inviable en una escala de tiempo mayor (Higgins y Lynch, 2001). En otras ocasiones, se da prioridad a la variabilidad genética de las especies (Lande, 1988); sin embargo, los criterios de conservación deben ser formulados en términos de diversidad genética, filogenéticos y ecológicos. La razón es que la preservación de cualquiera de los

tres objetos de manera aislada (genes, especies o ecosistemas), carece de sentido. Es necesaria la identificación y protección de las diversas manifestaciones de la vida (filogenia), de los sistemas que la soportan (ecología) y la continua adaptación de los organismos a su entorno (evolución). Ninguno por si solo es suficiente; la genética molecular tiene aplicación en las tres áreas (Bowen, 1999). En lo referente a la ecología, los estudios genéticos pueden acoplarse a estudios de campo y brindar una poderosa herramienta para la conservación (Lande, 1988; Bowen, 1999).

Dentro de este marco, los objetivos de la preservación de la diversidad genética son: mantener la adaptabilidad de las poblaciones silvestres ante cambios en el ambiente; preservar la integridad de los recursos para su futura utilidad; y minimizar los cambios en caracteres de historia de vida y de comportamiento que impredeciblemente pueden influir en la dinámica de las poblaciones y, por ende, en el rendimiento de aquellas sometidas a explotación (Kenchington y Heino, 2003).

En el diseño de reservas marinas es útil el entendimiento de procesos de dispersión larvaria y reclutamiento. Sin embargo, las estimaciones directas de la dispersión larvaria son extremadamente difíciles de efectuar a pesar de su utilidad en determinar la conectividad entre distintas áreas. Los patrones genéticos de aislamiento, por distancia o estructuración poblacional, tienen el potencial de dar idea directa de la distancia de dispersión, además de auxiliar en la determinación de las escalas geográficas apropiadas en las que una reserva puede ser útil, o el desarrollo de estrategias para manejar una especie (Palumbi, 2003).

El número de zonas declaradas como reservas naturales va en aumento. Se afirma que su creación ha conducido, en muchos casos, a incrementos en la abundancia, talla, biomasa y reproducción de especies explotadas. Las reservas han beneficiado a un amplio espectro

taxonómico incluyendo especies comerciales (Gell y Roberts, 2002; 2003). Sin embargo, es indispensable entender como premisa que los hábitat son dinámicos, evolucionan por procesos naturales y antropogénicos, y que los patrones de cambio pueden ser tan importantes como otros atributos (Naiman y Latterell, 2005). Adicionalmente, las reservas marinas se han venido estableciendo en sitios de particular interés por su biodiversidad, y es frecuente que se generen conflictos con actividades pesqueras (Gell y Roberts, 2002).

2.2. El Golfo de California y su importancia

El Golfo de California posee una importancia ecológica y de conservación relevante, pues bajo la influencia de aguas tropicales y subárticas especies de ambos ambientes convergen ahí. Ubicado en el noroeste de México, es uno de los ecosistemas marinos más importantes del mundo. La región posee una diversidad biológica considerable, pues por ejemplo, existen cuatro especies de pinnípedos, ocho especies de quelonios marinos, 27 de cetáceos y un sinnúmero de colonias de diversas especies de aves marinas (Lluch-Cota *et al.*, 2004). Se han establecido numerosas reservas (CONABIO, 2006; CNANP, 2006), ya que en esta región habitan diversas especies, algunas de ellas endémicas y amenazadas como la totoaba *Cynoscion macdonaldi* y la vaquita marina *Phocoena sinus* (Luch-Cota *et al.*, 2004). Se considera como una región altamente productiva (Santamaría-del-Ángel y Álvarez-Borrego, 1994) y la producción media anual se estima en $477 \text{ g C m}^{-2} \text{ a}^{-1}$ con variaciones interanuales de hasta 25 % (Lluch-Cota *et al.*, 2004). Posee una longitud aproximada de 1,126 km y un área de $177,000 \text{ km}^2$ (Lluch-Cota *et al.*, 2004; Nix, 2005). El agua dentro del golfo es esencialmente la misma que se encuentra en la región tropical del Pacífico

Oriental. Sin embargo, dentro del golfo ocurren procesos físicos por arrastre, mezcla por vientos, mareas, intercambios de calor y evaporación, que generan una estructura termohalina de características propias, principalmente cerca de la superficie (Lavín *et al.*, 1997). La amplitud de mareas, de un metro en la entrada, se magnifica considerablemente por constricción de la cuenca oceánica hasta nueve metros hacia la cabeza (Marione y Lavín, 1997). En la costa peninsular, la plataforma continental es casi inexistente, en tanto que en la porción continental, abarca unos 30 km de anchura y es influida localmente por ríos importantes como el Yaqui, el Fuerte y el Sonora. La región de las islas, se distingue por umbrales someros y canales angostos de características oceanográficas muy particulares. La porción mas al norte, es muy somera con profundidad media de 15 m sujeta a fuertes corrientes de marea (Lavín *et al.*, 1997).

En un intento por describir y analizar los procesos ecológicos y oceanográficos, el Golfo de California se ha dividido en zonas o regiones. Los criterios utilizados se han basado en comunidades de crustáceos (Brusca, 1980); en comunidades planctónicas (Brinton *et al.*, 1986); en escalas de productividad (Santamaría-del-Ángel y Álvarez-Borrego, 1994); o con base en características fisiográficas y oceanológicas (Maluf, 1983; Badán-Dangón *et al.*, 1985; Lavín, 2000). Considerando las comunidades de peces se han señalado al menos tres como las principales: una zona norte desde la desembocadura del Río Colorado hasta la región de las grandes islas, incluyendo Bahía de Kino; una parte central hasta una línea imaginaria que une La Paz, (B.C.S.) con Huatabampo (Sonora), y desde aquí hasta otra línea imaginaria desde Los Cabos (B.C.S.) hasta la frontera entre Sinaloa y Nayarit (Walker *et al.*, 1960; Thomson *et al.*, 1987; Castro-Aguirre *et al.*, 1995).

Esta particular riqueza biológica da lugar a que en el Golfo de California se efectúe una preponderante actividad pesquera. A pesar de conformar la cuarta parte del litoral mexicano, aporta aproximadamente la mitad de la producción pesquera nacional (CAG *et al.*, 2004).

2.3. La pesquería de camarón

La pesca de camarón en el Golfo de California es de una de las más relevantes. En 1981 contribuía con el 33 % de las capturas a escala nacional (Arvizu-Martínez, 1987). Esta proporción se ha incrementado, de modo que para el 2000 aportó el 64 % de la producción en volumen y el 57 % del valor (CAG *et al.*, 2004). Probablemente, la pesquería de camarón es la mas importante en México pues ocupa el primer lugar en valor económico, comprendido el 37 % de las aportaciones, seguido por la sardina con el 12 %, y el tercero en volumen solamente superado por el atún y la sardina (Sierra-Rodríguez *et al.*, 2005). De igual manera, esta preponderancia se mantiene entre las pesquerías que se efectúan dentro del Golfo de California (López-Martínez *et al.*, 2000). Los estados que aportan la mayor parte de la producción de camarón en el Golfo de California son Sonora, Sinaloa y Nayarit (CONAPESCA, 2003) siendo las principales especies capturadas el camarón blanco *Litopenaeus vannamei*, el camarón café *Farfantepenaeus californiensis* y el camarón azul *Litopenaeus stylirostris* (Sierra-Rodríguez *et al.*, 2005).

Sin embargo, en un proceso inherente a la actividad pesquera, se capturan muchas otras especies de manera accidental o incidental. A dicha porción se le conoce como fauna de acompañamiento (F.A.C.). A escala mundial, la F.A.C. es la de mayores proporciones,

alcanzando en promedio el 0.8 de la captura total (Alverson *et al.*, 1994). Para el caso del Golfo de California, se ha determinado la relación camarón:F.A.C. desde 1:2 hasta 1:10, con un estimado para 1976, de 150 000 t a⁻¹ (Chapa, 1976). Entre los grupos de especies que la componen se cuentan: los crustáceos con el 12 % (83 especies), un 3-8% de moluscos (31 especies) y el resto (aprox. 80 %) lo dominan 187 especies de peces (Chapa, 1976; Rosales, 1976; Van der Heiden, 1985; Rábago-Quiroz, 2005; Rábago-Quiroz *et al.*, 2009; López Martínez *et al.*, en prensa).

2.3.1. Mitigación de los efectos

Debido a los efectos más evidentes de la pesca incidental, en el caso de la pesquería de camarón, se han efectuado adecuaciones que implican, entre otras, la modificación de las artes o los métodos de pesca. La utilización de rejillas o paneles de malla logra la selección de peces por tamaño permitiendo que una buena parte de la captura escape (Everest, 1995). Otro ejemplo son los Dispositivos Excluidores de Peces (o DEPs) que reducen la captura de organismos jóvenes de pargo (Graham, 1995). En caso particular del Golfo de California, el recurso camarón se aprovecha al máximo permisible. Existen vedas temporales durante la época reproductiva, hay control sobre el esfuerzo, y la pesca industrial está prohibida en profundidades menores a cinco brazas, así como en bahías (NOM-002-PESC-1993). Se realizan acciones de protección y conservación, pues desde 1996 toda la flota camaronera del Pacífico emplea Dispositivos Excluidores de Tortugas (o DETs) (López-Martínez *et al.*, 2007). A pesar de la creciente presión internacional, y amenazas de un embargo camaronero, la investigación demuestra que no existe posibilidad

de daño permanente, al menos a las poblaciones de tortugas marinas (Aguilar y Grande-Vidal, 1996).

2.4. Los Efectos de la Pesca

La mayor parte de las especies que componen la Fauna de Acompañamiento poseen poco o nulo valor comercial, y algunas de ellas se encuentran en *status* de protección especial. La F.A.C. es descartada o subutilizada en la fabricación de harina o aceite de pescado (Alverson *et al.*, 1994), y el daño más evidente es la mortalidad asociada a las especies que la componen (Jennings y Kaiser, 1998). Hasta la fecha, las variaciones en la abundancia de especies de la captura incidental no ha podido relacionarse de manera directa y satisfactoria con las alteraciones ocasionadas por la pesca (Greenstreet y Rogers, 2000); menos aun cuando estas son explotadas por otras pesquerías (Andrew y Pepperell, 1992). La pesca de camarón no es la excepción, y los trabajos relacionados con sus efectos han abordado aspectos que involucran principalmente la composición y abundancia de los grupos de organismos capturados de manera incidental (FAO, 2001).

Además, la actividad pesquera, en general, incide tanto sobre las características vitales de las especies capturadas, como sobre el resto del entorno marino. Por sí misma es un agente selectivo, dado que usualmente se capturan los organismos de mayor talla y tiende a seleccionarse a favor de individuos de crecimiento más lento y que alcanzan la madurez reproductiva a tallas o edades más tempranas (Smith, 1994; Kenchington, 2001). Este proceso se ha documentado en varias especies de regiones templadas del Atlántico Norte donde se observa una reducción en la edad (21 %) y la talla (13 %) de primera madurez.

Así mismo, se observa una reducción de la media de edad (5%) y la talla (18 %) de los reproductores (Hutchings y Bakun, 2005). Se ha sugerido también la selección de caracteres conductuales (reproductivos o de evasión a artes de pesca) que operarían en detrimento del aprovechamiento de los recursos (Shumway, 1999; Heino, 2003).

Usualmente, se considera que las especies de peces marinos poseen grandes poblaciones, que generan enormes cantidades de descendientes. Sin embargo, cuando la población es severamente sobreexplotada, se vuelven prominentes los problemas asociados a pequeñas poblaciones (endogamia) y interrupciones a la migración entre poblaciones (Kenchington y Heino, 2003). Hauser *et al.* (2002) han documentado que a pesar de los elevados tamaños poblacionales, en el pargo de Nueva Zelanda (*Lutjanus auratus*) se ha detectado un proceso de reducción de la variación genética atribuido a la sobrepesca.

Por otro lado, se supone en el ambiente marino, que las especies usualmente presentan una amplia distribución o una elevada capacidad de dispersión, con escasa o nula estructura genética. No obstante, existen muchos tipos de aislamiento reproductivo así como diferencias en periodo reproductivo, tolerancia ambiental, entre otros que pueden inducir eventos de estructuración poblacional y, en caso extremo, de especiación. El océano mismo, como un continuo presenta características biogeográficas que lo hacen ser distinto en regiones más o menos extensas (Santamaría-del-Ángel y Álvarez-Borrego, 1994; Féral, 2002; Lluch-Cota *et al.*, 2004).

Además, existe el precepto generalizado de que la disminución de la abundancia de una especie a niveles económicamente no atractivos, ocurre mucho tiempo antes de alcanzar abundancias cercanas a la extinción biológica; tras el abandono de su explotación por la incosteabilidad, viene un periodo de recuperación y restablecimiento de las poblaciones. Y

ciertamente, la extinción económica normalmente ocurre antes que la población sea suficientemente pequeña para volverse endogámica. Sin embargo, un grupo poblacional considerado como único, puede en realidad estar subdividido o estructurado conteniendo una o varias poblaciones pequeñas, pero netamente diferenciadas. Ante la aplicación de una presión pesquera uniforme y dirigida a la gran población, algunos de estos grupos poblacionales pueden reducirse a un nivel riesgoso, antes que la situación pueda apreciarse; de ahí la importancia de conocer si la población presenta alguna estructura (Kenchington y Heino, 2003). Por otro lado, este precepto donde la extinción comercial antecede con mucho a la extinción biológica, no se aplica a especies que se capturan de manera incidental y ni a aquellas que forman parte de una pesquería multiespecífica, debido a que frecuentemente no se hacen estimaciones de sus tamaños poblacionales. De la misma manera no aplica en algunas especies de alto valor comercial escasamente reguladas, en las que a una menor presencia del producto por una escasa abundancia, mayor es el precio que alcanza en el mercado, lo que incentiva a aumentar el esfuerzo para su captura (Marko *et al.*, 2004).

2.5. Uso de la información genética

La información referente a la variabilidad genética disponible puede utilizarse en la identificación de poblaciones individuales o grupos genéticos que se manejen de manera diferencial, y determinar la dimensión espacial de unidades de manejo apropiadas (Laikre *et al.*, 2005). Por otro lado, el manejo pesquero de una especie particular, o la utilización de esta en la designación de áreas de reserva, debe incorporar además de aspectos ecológicos

especialmente demografía e historia de vida, la estimación de los tamaños poblacionales basados en características genéticas (Lande, 1988; Bowen, 1999).

En la evaluación de la diversidad genética se ha propuesto entre otros criterios:

- Utilizar especies con poblaciones reducidas (amenazadas o en peligro).
- Especies que evidentemente se encuentran fragmentadas, ya sea por causas naturales o antropogénicas.
- Especies que se encuentran en el límite de su distribución geográfica o que ocurren en densidades bajas, aunque su distribución sea amplia (*e.g.* grandes depredadores) (Kawecki, 2008; Sexton *et al.*, 2009).

A esto se añade el establecimiento de programas de monitoreo sistemático de la variabilidad genética (Gaines *et al.*, 1999).

En el caso del Pacífico Mexicano, las especies de la familia Lutjanidae presentan, en la región del Golfo de California, el límite norte de su distribución geográfica (Allen, 1995; Robertson y Allen, 2002). El pargo lunarejo *L. guttatus* forma parte de una importante pesquería multiespecífica que comprende, entre otras, al mero *Epinephelus itajara* (Serranidae), el burro *Orthopristis reddingi* (Haemulidae), el cochito *Balistes polylepis* (Balistidae), el cirujano *Acanthurus xanthopterus* (Acanthuridae), el pámpano *Trachinotus rhodopus*, (Carangidae) y/o la manta gavián *Rhinoptera steincachneri* (Myolobatidae) (SAGARPA, 2002b). Adicionalmente, bajo el genérico huachinango y pargo, se capturan varias especies del género *Lutjanus* (SAGARPA, 1999-2002; SAGARPA, 2006), algunas de aspecto muy similar como el huachinango del Pacífico *L. peru*, el pargo lunarejo *L. guttatus*, el pargo colorado *L. colorado* y el pargo colmillón *L. jordani* (Allen, 1995; Robertson y Allen, 2002).

Los registros de producción pesquera, así como los procesos de comercialización adolecen de una distinción entre las especies, lo que puede influir adversamente en la apreciación *a priori* de la abundancia del recurso (Marko *et al.*, 2004); algunas de estas especies, como el pargo lunarejo, forman parte de la F.A.C. del camarón en el Golfo de California. De esta manera, si existe alguna estructura poblacional o genética, desde el aspecto de la genética de la conservación, manejar un recurso como si presentara cierta estructura genética es menos riesgoso que considerarlo como una población homogénea (Graves, 1998; Laikre *et al.*, 2005).

Por otro lado, el chupalodo *P. analis* (Batrachoididae) es una de las especies de mayor frecuencia de ocurrencia y abundancia en la F.A.C. en la pesquería de camarón en el Golfo de California (López-Martínez *et al.*, En prensa). Forma parte de la dieta de aves y lobos marinos, y se distribuye en Baja California Sur y Golfo de California presentando hábitos bentónicos y nocturnos (Collete, 1995; Robertson y Allen, 2002). Walters *et al.* (2000) señalan que aun cuando las especies afectadas por la captura incidental carezcan de valor económico, forman parte integral de los sistemas ecológicos y podrían tener una importancia relevante.

Por lo expuesto en los párrafos precedentes, se plantea la hipótesis y objetivos detallados a continuación

3. HIPÓTESIS

La zona norte del Pacífico Oriental Tropical, desde el Golfo de California hasta las costas de Colima, presenta ambientes muy heterogéneos por la convergencia de aguas tropicales y templadas. Entre los peces capturados como Fauna de Acompañamiento del camarón, el pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* presenta aquí el límite norte de su distribución geográfica y el chupalodo *Porichthys analis* es endémico de la región. Bajo estas condiciones las especies pueden originar adaptaciones locales al hábitat diferenciándose en múltiples poblaciones; es decir, presentarán una estructura poblacional denotada por diferencias en crecimiento, longevidad, mortalidad, patrón de reclutamiento y madurez sexual; y una estructura genética apreciable por diferencias en el ADN mitocondrial.

4. OBJETIVOS

4.1. OBJETIVO GENERAL

- 4.2. Determinar la estructura poblacional y genética del chupalodo y del pargo lunarejo, a partir de muestras de la Fauna de Acompañamiento del camarón, en el Golfo de California

4.3. OBJETIVOS PARTICULARES

- 4.3.1. Determinar los parámetros poblacionales clave: crecimiento, mortalidad, patrón de reclutamiento, del chupalodo y del pargo lunarejo
- 4.3.2. Determinar la distribución y temporada de reclutamiento del chupalodo y del pargo lunarejo
- 4.3.3. Evaluar la estructura poblacional con los parámetros poblacionales antes estimados
- 4.3.4. Determinar la variabilidad genética del chupalodo y el pargo lunarejo
- 4.3.5. Determinar la estructura genética del chupalodo y el pargo lunarejo

5. METODOLOGÍA

5.1. Área de estudio y trabajo previo efectuado

El área geográfica considerada en este estudio comprende la plataforma continental de las costas de los estados de Sonora, parte de Sinaloa, Baja California y Nayarit (Fig. 1); estas áreas incluyen los sitios de pesca habitual de la flota camaronera del Estado de Sonora. Los puertos de desembarque son Guaymas, Puerto Peñasco y Yavaros, en Sonora, y San Felipe, en B.C., siendo los dos primeros los que registran la mayor parte de las capturas (López-Martínez *et al.*, 2000). Para el caso del pargo lunarejo se consideraron además, muestreos en localidades de los Estados de Jalisco y Colima.

La flota de Sonora está compuesta por aproximadamente 625 barcos (SAGARPA, 2002a) de pesca de altura o industrial. Estos consisten en buques de hasta 15 m de eslora, con capacidad de bodega con refrigeración hasta 100 t, motores de 220-624 hp y autonomía mayor a 15 días. Operan en profundidades de 10-60 brazas y algunos poseen equipos de navegación (orientación por satélite, radar, compás y sonda) y comunicación (radio transmisor-receptor). En Sinaloa, como puertos importantes de descarga, se encuentran Mazatlán y Topolobampo.

5.2. Obtención de Muestras

Durante el año 2003, como parte del Programa de Ecología Pesquera, se definió la Línea Estratégica: Efecto de la pesca en el Golfo de California (Proyecto EP1), dentro de este marco, en 2004 al CIBNOR se le autorizó el financiamiento para el proyecto intitulado

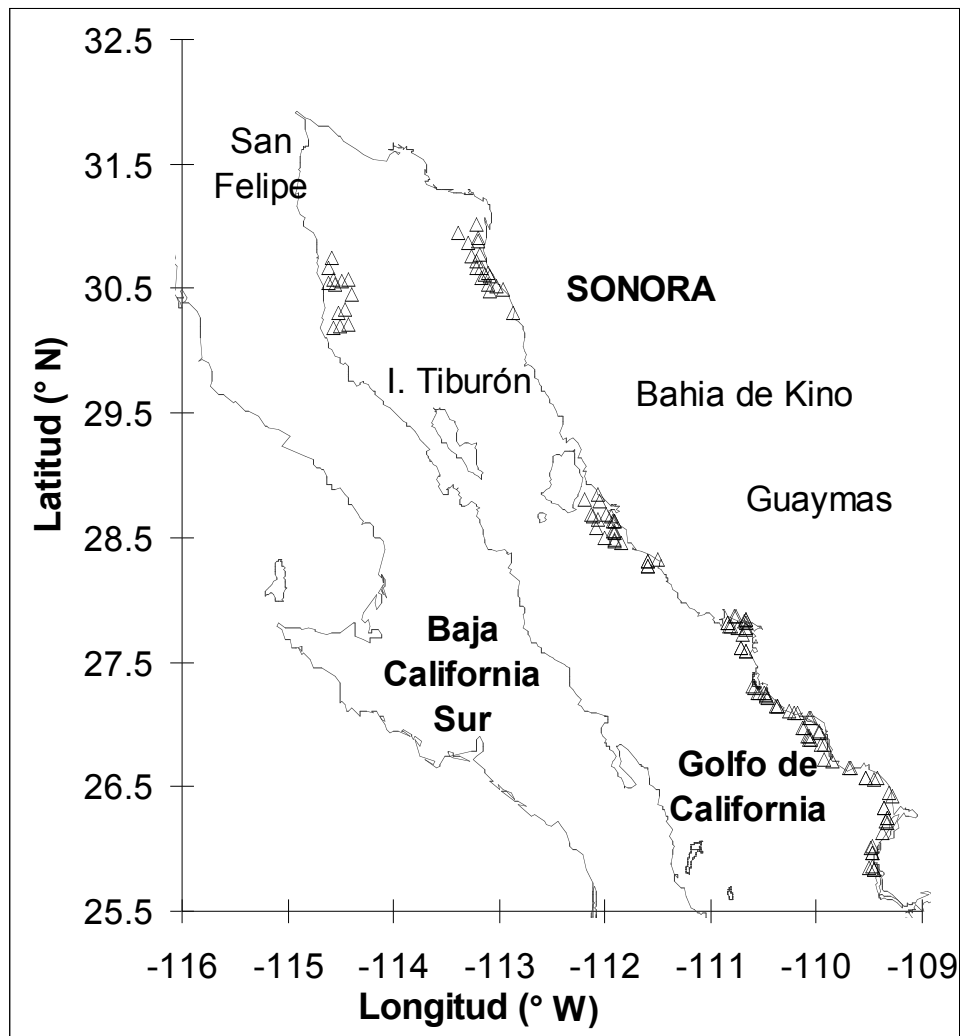


Figura 1. Plan de estaciones de muestreo de camarón, para cruceros de altamar, realizados de Julio a Agosto del 2004.

“Evaluación del impacto que ocasionan las redes de arrastre para camarón y escama demersal en los fondos marinos del Golfo de California” clave SAGARPA-CONACYT-2003-CO1-089, con vigencia de tres años y a cargo de la Dra. Juana López Martínez y en el que participan siete investigadores del Programa de Ecología Pesquera. Dentro de este proyecto se aborda el estudio de los efectos potenciales de la pesca de arrastre en diversos

niveles de complejidad organizacional (población, comunidad y ecosistema) bajo diversos enfoques (taxonómicos, genéticos, de sistemas), con la finalidad de tener una visión más amplia de un problema tan complejo. Este proyecto ha permitido al CIBNOR apoyar al Gobierno del Estado de Sonora en las negociaciones para el manejo pesquero en la Reserva del Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado, así como actualmente ayudar a definir mejoras en la tecnología de captura a la Comisión del Medio Ambiente de la Cámara de Diputados, con la finalidad de disminuir afectaciones al fondo marino.

El proyecto se efectuó en las instalaciones del CIBNOR, Unidades Guaymas y La Paz. Las muestras se obtuvieron directamente de los barcos de la flota camaronera y cruceros de investigación; en el caso del pargo lunarejo, adicionalmente se obtuvieron muestras de la flota pesquera de escama ribereña. Para la obtención de datos se contó con varias fuentes de información, como se describe a continuación.

5.2.1. Información de observadores a bordo de la flota camaronera de Sonora

5.2.1.1. Pesca comercial

Durante la temporada de Pesca 2004-2005, dentro del Proyecto SAGARPA-CONACYT-2003-CO1-089 del cual forma parte esta tesis, se integró un programa de 10 observadores a bordo (técnicos con formación de biólogos pesqueros) de la flota camaronera que tiene su puerto base en Guaymas, Sonora. Estos observadores se encargaron del registro de todos los lances, así como de la obtención de las muestras de captura. De cada embarcación se obtuvo información de las artes de pesca y datos de la embarcación, que se registraron en una bitácora de viaje. Los arrastres se efectuaron según el sistema de pesca comercial

durante día y noche, siendo la mayor parte de ellos efectuados durante la noche. De cada lance existen registros de profundidad, velocidad de arrastre, distancia recorrida, posición geográfica, proporción de F.A.C., entre otros. Una vez vertida la captura sobre la cubierta del barco, se separó la fauna que acompañaba al camarón. Si el volumen de captura era alto, se tomaba una muestra de 20 kg; con la que se estimó la proporción que representó la F.A.C. respecto a la captura total. El tamaño y representatividad de la muestra se determinó mediante un muestreo piloto con criterios estándar. Las muestras se guardaron en bolsas de plástico etiquetadas y se congelaron para su posterior análisis en laboratorio. Ante la insuficiencia de muestras recolectadas, principalmente de pargo lunarejo, se obtuvieron también muestras durante el final de la temporada camaronesa de 2007.

5.2.1.2. Cruceros realizados en época de veda del camarón

Con la finalidad de obtener información de la distribución de las especies de interés no sesgada, se obtuvo información de cruceros prospectivos del recurso camarón, efectuados durante la temporada de veda, por el Instituto Nacional de Pesca (INAPESCA) en conjunto con el CIBNOR. Se efectuó un crucero de veda del 4 al 19 de agosto de 2004 y en 2007, en el barco Buque de Investigación Pesquera BIP XII propiedad del INAPESCA.

El área de estudio de este crucero comprendió las Zonas 10 y 20 del programa de muestreo de camarón del Pacífico del INAPESCA. Sus límites se ubicaron al extremo Norte por el Paralelo 31° N por una línea imaginaria entre San Felipe, Baja California y Puerto Peñasco, Sonora (línea que marca el límite inferior de la Reserva de la Biosfera del Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado), y al Sur hasta el Río Fuerte, Sinaloa.

Las estaciones de muestreo localizadas en la zona 10 (Fig. 1, Tabla 1) corresponden desde El Desemboque de los Seris (Sonora) al norte de la Isla Tiburón, a profundidades que van desde las 5 hasta las 40 brazas, hasta Puerto Peñasco por la Costa de Sonora, y desde el Sur de San Felipe hasta la Bahía San Luís Gonzága, por la Costa Oriental de Baja California.

Para la zona 20, las estaciones se localizaron por la Costa de Sonora al Sur de Isla Tiburón (Sonora), desde los 28°.53'.200" Latitud N; 112°.07'.650" Longitud W, hasta la desembocadura del Río Fuerte, Sinaloa, en los 25°.50'.231" Latitud N; 109°.27'.580" Longitud W.

Se realizaron arrastres continuos de una hora de duración durante las 24 horas, en dirección paralela a la costa, de acuerdo a las estaciones estipuladas en la Tabla I (Fig. 1). Se registraron en la bitácora de pesca la posición inicial y final de la pesca, hora de inicio y fin de la misma, profundidad de pesca, velocidad de arrastre, temperatura de mar y ambiental. Al finalizar el arrastre la captura se depositó sobre la cubierta registrándose el peso de camarón por especie, así como el peso de la F.A.C.

Al igual que en el caso de los barcos de la flota comercial, se tomó una muestra de 20 Kg de la F.A.C. que se etiquetó con los datos pertinentes de localidad de pesca, nombre del barco, número de lance, fecha y se mantuvo en congelación hasta su desembarque. En el puerto, la muestra se descargó y almacenó congelada, hasta su traslado al laboratorio de Especialidades en Pesquerías, CIBNOR Unidad Guaymas. Posteriormente, se realizaron los muestreos biológicos de los grupos taxonómicos presentes en la captura; para la toma de la muestra se procuró que esta estuviera homogénea.

Tabla I. Ubicación geográfica de las estaciones muestreadas durante la temporada de veda del camarón del 2004.

Subzona	Est	Lat N	Long W	Prof (Bz)	Subzona	Est	Lat N	Long W	Prof (Bz)
	1	26.833	-108.550	10.6		131	30.58	-114.420	18
	2	26.983	-108.533	5.3		132	30.56	-114.490	15
	3	26.967	-108.550	6.8		133	30.55	-114.570	10
	4	26.000	-108.517	4.7		134	30.45	-114.390	18
	6	26.217	-108.683	6.3		138	30.32	-114.530	15
24	8	26.250	-108.683	7	11	139	30.31	-114.540	12
	10	26.317	-108.650	15		140	30.221	-114.433	15
	11	26.433	-108.733	5.4		141	30.206	-114.503	10
	14	26.550	-108.583	11.3		142	30.195	-114.573	9
	15	26.567	-108.483	14.3		143	30.091	-114.405	16
	16	26.633	-108.333	10.2		144	29.875	-114.293	36
	19	26.700	-108.150	8.6		150	30.72	-114.600	10
	21	26.833	-108.083	5.1		151	30.74	-114.530	15
	23	26.933	-108.050	5		77	29.558	-112.657	26
	25	26.867	-109.950	20		78	29.883	-112.792	22
	26	27.050	-109.950	5		79	30.348	-112.883	14
	27	26.967	-109.900	10.4		80	30.327	-112.950	20
23	28	26.900	-109.917	11.6		81	30.428	-112.977	20
	29	27.083	-109.833	5.8		86	30.558	-113.038	5
	30	27.133	-109.633	12.7		87	30.508	-113.168	17
	31	27.133	-109.633	24		88	30.495	-113.233	19
	32	27.217	-109.533	23.3		89	30.658	-113.133	7
	33	27.233	-109.533	5.4		90	30.632	-113.203	15
	34	27.250	-109.467	20	12	92	30.593	-113.355	25
	35	27.300	-109.417	4.7		93	30.768	-113.168	8
	37	27.600	-109.283	18.6		95	30.728	-113.310	20
	38	27.583	-109.333	5.3		96	30.908	-113.200	7
	40	27.750	-109.350	11		99	30.94	-113.040	22
22	41	27.767	-109.267	20.5					
	42	27.833	-109.350	5.1		57	28.450	-110.167	6.6
	43	27.817	-109.317	8.1		58	28.467	-110.100	10.7
	44	27.783	-109.233	24.6		59	28.533	-110.083	12.5
	45	27.867	-109.250	7.8	21	60	28.633	-110.100	10
	46	27.817	-109.167	29		61	28.617	-110.100	11.3
	50	28.333	-110.517	5.4		62	28.567	-110.917	12
	52	28.300	-110.417	15.2		67	28.483	-111.000	25
	53	28.267	-110.400	30		68	28.800	-110.017	6.4

Una vez en laboratorio, las muestras se descongelaron y se separaron los organismos por especie, utilizando para su identificación las claves para especies pesqueras (Fischer *et al.*, 1995). A cada organismo se le midió la longitud total (mm) y longitud estándar (mm) con un ictiómetro (± 1 mm), y el peso total (± 0.1 g) con una balanza electrónica portátil Scout II (Ohaus TM). Además, se determinó el sexo y grado de madurez gonádica de acuerdo a la escala morfocromática propuesta por Nikolsky (1963); los datos anteriores se anotaron en una hoja de registro. Se encontraron un total de 275 especies como componentes de la F.A.C., de las que las diez especies enlistadas en la Tabla II conforman aproximadamente el 65 % de los peces.

Tabla II. Lista de las especies de peces más comunes encontradas como F.A.C. en el Golfo de California. (Tomado de López Martínez *et al.*, en prensa).

Nombre Científico	Familia	Nombre Común	Importancia (%)	F. O. (%)
<i>Porichthys analis</i>	Batrachoididae	Chupalodo	14.81	4.56
<i>Pomadasyd panamensis</i>	Haemulidae	Roncacho	8.8	3.83
<i>Microgobius</i> spp.	Gobiidae	Gobios	7.12	2.59
<i>Diplectrum pacificum</i>	Serranidae	Salmón	6.75	5.91
<i>Orthopristis reddingi</i>	Haemulidae	Roncacho	4.68	1.66
<i>Prionotus rascarius</i>	Triglidae	Vaca	4.21	2.28
<i>Eucinostomus entomelas</i>	Gerridae	Mojarra plateada	4.11	2.28
<i>Xenistius californiensis</i>	Haemulidae	Ronco	4.11	1.14
<i>Synodus lucioceps</i>	Synodontidae	Chile	3.69	2.8
<i>Eucisnostomus currani</i>	Gerreidae	Mojarra bandera	3.98	1.45
<i>Scynodus scituliceps</i>	Synodontidae	Chile	3.06	2.18

Notación: F.O., Frecuencia de ocurrencia

Durante 2005 se efectuaron dos cruceros prospectivos en época de veda (el primer crucero se realizó del 13 al 28 de Julio y el segundo del 04 al 17 de Agosto) a bordo del “BIP XII” propiedad del INAPESCA y en comodato con el CIBNOR. De Junio a Agosto del 2007 se

realizaron muestreos adicionales durante cruceros de veda. Los muestreos se realizaron por personal del Laboratorio de Pesquerías del CIBNOR, Unidad Guaymas, siguiendo el mismo derrotero como la metodología citada para el crucero del 2004.

5.2.2. Información de avisos de arribo de la flota escamera del estado de Sonora

Para el caso del pargo lunarejo, de importancia comercial, se obtuvo información de los avisos de arribo de la pesca de escama con embarcaciones menores en el litoral de Sonora, durante las temporadas 2003, 2004 y 2005; esta información fue proporcionada por la oficina de pesca en Guaymas. Los registros contienen información mensual de las capturas, en peso vivo, en las diferentes oficinas de pesca en el estado. Con dichos registros se efectuó un análisis de las capturas de pargo lunarejo, comparándolo con el resto de las especies; así mismo, se determinó un patrón de estacionalidad.

5.2.3. Muestreos en campos pesqueros

La información de avisos de arribo de la pesca de escama en Sonora, se complementó con datos para estacionalidad, en las principales áreas donde se registran las capturas de pargo lunarejo en Sonora. Los muestreos se realizaron directamente en la playa y, cuando fue posible, se muestreó toda la captura. En el caso de capturas muy grandes, se tomó una submuestra, realizándose muestreo biológico, registrando principalmente talla y peso de los organismos. También se tomaron muestras de tejido muscular de pargo lunarejo *L. guttatus* para llevar a cabo los análisis genéticos.

Para el caso de pargo lunarejo, y ante la escasez y/o pérdida de muestras recolectadas de los barcos camaroneros, se recurrió a la obtención de muestras en las flotas de pesca ribereña que operan en Lobos, Huatabampo, Guaymas, El Sahuimaro, El Choyudo y Kino, en Sonora, así como en Cruz de Huanacaxtle y Peñita de Jaltemba en Nayarit Puerto Vallarta y Barra de Navidad en Jalisco, y Manzanillo en el estado de Colima.

(Fig. 2).

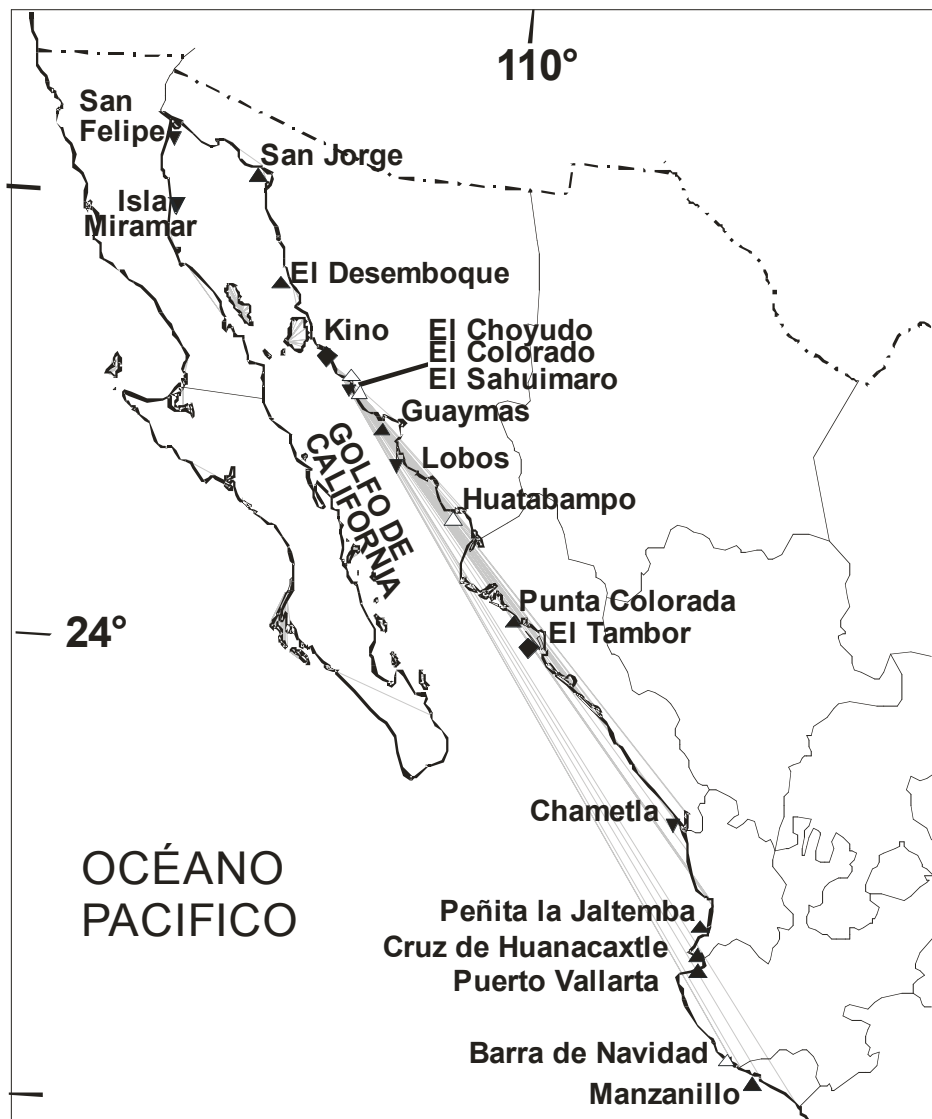


Figura 2. Ubicación de las localidades de donde se recolectaron las muestras de tejido de chupalodo y de pargo lunarejo.

5.3. Trabajo de gabinete

Para cada una de las especies se abordó el examen de los siguientes aspectos:

5.3.1. *Estimación de parámetros poblaciones*

5.3.1.1. Relaciones biométricas

Se determinó la relación existente entre la longitud total y la longitud estándar, y entre la longitud total y el peso total. La primera relación se describió por una función lineal de la forma

$$y = bx + a \quad \text{(Ecuación 1)}$$

Donde:

y = longitud estándar

x = longitud total

y en el segundo caso por una función potencial

$$y = ax^b \quad \text{(Ecuación 2)}$$

donde:

y = longitud estándar

x = peso total

La determinación de la relación se efectuó mediante un análisis de regresión, teniendo como criterio de ajuste el método de mínimos cuadrados.

Se utilizó la relación gráfica Log P vs. LE para detectar medidas erróneas y en la búsqueda de estadios de crecimiento (stanzas) en los peces de tallas muy pequeñas (Froese, 2006).

5.3.1.2. Estructura por tallas

La determinación de la mayor parte de los parámetros se efectuó a partir de la distribución de frecuencia de tallas. Los registros de talla se agruparon en intervalos de clase para cada zona del Golfo: norte, centro y sur, conforme a la regionalización descrita por Thomson *et al.* (1979) y Castro-Aguirre *et al.* (1995), para cada uno de los meses disponibles.

El número de intervalos de clase así como el tamaño del intervalo se determinaron inicialmente mediante la regla de Sturges (Guarín, 2002). Posteriormente, el tamaño de estos se modificó buscando el número que gráficamente lograra discriminar mejor las modas correspondientes a las cohortes.

5.3.1.3. Crecimiento

Para estimar el crecimiento individual promedio de las especies, con la estructura de tallas de cada una, se calcularon los parámetros de la ecuación de crecimiento de von Bertalanffy (Pauly, 1987). El modelo describe el crecimiento individual promedio de la población.

$$L_t = L_\infty (1 - e^{(-K(t-t_0))}) \quad \text{(Ecuación 3)}$$

Donde:

L_t = Longitud a la edad t

L_∞ = Longitud asintótica

K = coeficiente instantáneo de crecimiento (en base anual)

t_0 = Tiempo hipotético donde el organismo tiene una edad cero.

Para obtener los valores iniciales de los parámetros L_{∞} y K se utilizaron diversos métodos. El valor inicial de L_{∞} fue obtenido mediante el método propuesto por Powell (1979) y Wetherall *et al.* (1987), desarrollado a partir de la ecuación de mortalidad total (Z) de Beverton y Holt (1959), a partir de las estimaciones de la talla media.

$$Z = K \left(\frac{L_{\infty} - L}{L - L'} \right) \quad \text{(Ecuación 4)}$$

y la ecuación de longitud media

$$\bar{L} = \frac{\sum c \frac{L_1 \pm L_2}{2}}{n} \quad \text{(Ecuación 5)}$$

Donde:

L = talla media de L'

L' = talla en la que los organismos de esa talla y mayores están sometidos a explotación plena

La ecuación para calcular Z se transforma en un análisis de regresión, tomando como variable independiente a L'

$$\bar{L} - L' = a + bL' \quad \text{(Ecuación 6)}$$

Donde:

$$\frac{Z}{K} = -\left(\frac{1+b}{b}\right) \text{ y } L_{\infty} = -\frac{a}{b}$$

o bien,

$$b = -\frac{K}{Z + K} \text{ y } a = -bL_{\infty}$$

La estimación final de los parámetros de crecimiento se efectuó mediante el método ELEFAN I (Electronic Length Frequency Analysis) (Pauly y David, 1981; Pauly, 1987). El método ajusta la mejor curva de crecimiento a los datos, bajo los supuestos de que:

- a) Las frecuencias de tallas son representativas de toda la población, y
- b) Todos los organismos poseen los mismos parámetros de crecimiento

El parámetro t_0 fue determinado utilizando la ecuación empírica propuesta por Pauly (1980)

$$t_0 = 1 \times 10^{[-0.3922 - (0.2752 \text{Log} L_\infty) - (1.038 \text{Log} K)]} \quad (\text{Ecuación 7})$$

Los valores de los parámetros de la ecuación de crecimiento de von Bertalanffy; L_∞ , K , y t_0 , se utilizaron para estimar la edad relativa para los organismos en cada grupo de tallas; una vez efectuado el ajuste de los parámetros, se obtuvieron curvas de crecimiento para las especies.

5.3.1.4. Talla de primera madurez sexual

La talla de primera madurez sexual se estimó considerando a todas las hembras maduras (estadios III a V), conforme a la escala de madurez morfocromática propuesta por Nikolsky (1967). Las hembras maduras se agruparon en intervalos de tallas y se obtuvo la frecuencia relativa acumulada para cada intervalo. Posteriormente, se realizó el ajuste a la función logística:

$$P = \frac{1}{1 + e^{-a(LE - LE_{50})}} \quad (\text{Ecuación 8})$$

El ajuste de las frecuencias relativas acumuladas a la curva, se realizó mediante el programa FishParm (Non Linear Parameter Estimation for Fisheries) (Prager *et al.*, 1987).

5.3.1.5. Patrón de reclutamiento

Mediante el método ELEFAN II se estimó el patrón de reclutamiento. Este método proyecta las distribuciones de frecuencia de tallas presentes en las capturas hacia atrás en el tiempo, utilizando los parámetros de crecimiento estimados y genera la distribución de frecuencias de los reclutas en el pretérito; este patrón es una aproximación confiable al periodo reproductivo de la especie.

5.3.1.6. Mortalidad total, mortalidad por pesca, mortalidad natural y tasa de explotación

La estimación inicial de la mortalidad natural M , se realizó utilizando la ecuación empírica sugerida por Pauly (1980). Esta se basa en el supuesto de que la mortalidad natural guarda relación directa con la temperatura oceánica, y que a mayor longevidad las especies presentan tasas menores de mortalidad.

$$\ln M = -0.01521 - 0.279 \ln L_{\infty} + 0.6543 \ln K + 0.463 \ln T \quad (\text{Ecuación 9})$$

Donde:

L_{∞} = Longitud asintótica (cm)

K = Tasa intrínseca relativa de crecimiento (en base anual)

T = Temperatura media anual de la superficie del océano en el hábitat de la especie ($^{\circ}\text{C}$)

La mortalidad y la tasa de explotación se estimaron a partir de la curva de captura linealizada basada en las tallas. La estimación de S, F, M y E, a partir de la curva de captura, se sustenta en el supuesto de que los parámetros de crecimiento son constantes para las distintas edades, de manera que las tallas se pueden convertir a edades relativas utilizando la ecuación inversa de von Bertalanffy. El proceso inicia utilizando el modelo estructurado por edades, que después se convierte en el modelo estructurado por tallas.

$$t_l = t_0 - \frac{1}{K} \ln\left(1 - \frac{L}{L_\infty}\right) \quad (\text{Ecuación 10})$$

La curva de captura convertida a tallas, es

$$\ln \frac{CL_1L_2}{\Delta L_1L_2} = C - Zt \frac{L_1 + L_2}{2} \quad (\text{Ecuación 11})$$

que considerándola como una ecuación lineal se tiene que

$$y = \ln \frac{CL_1L_2}{\Delta L_1L_2} \quad \text{y que} \quad x = t \frac{L_1 + L_2}{2}$$

y la pendiente de la línea es igual al negativo de la mortalidad ($b=-Z$) dado un conjunto de frecuencias de tallas y los parámetros de crecimiento K y L_∞ , se puede obtener una estimación de Z.

Una vez obtenida la mortalidad total Z, y con la estimación de la mortalidad natural M, por diferencia de la ecuación

$$Z = M + F \quad (\text{Ecuación 12})$$

se obtuvo el coeficiente instantáneo de mortalidad por pesca F.

La tasa de explotación se obtuvo a partir de la ecuación propuesta por Jones (1984)

$$E = \frac{F}{Z} \quad (\text{Ecuación 13})$$

5.3.1.7. Longevidad

Se ha demostrado que el coeficiente de crecimiento de von Bertalanffy K, guarda relación inversamente proporcional a la longevidad de los peces (Beverton y Holt, 1959). Para estimar la longevidad de las especies, se utilizó la ecuación propuesta por Taylor (1958) que se basa en el supuesto anterior.

$$t_{\max} = t_0 + \frac{3}{K} \quad (\text{Ecuación 14})$$

5.3.2. Distribución espacial

Para tener una idea gráfica de la distribución espacial de las especies, se elaboraron mapas correspondientes a la serie completa de muestreos realizados puntualizando aquellos donde la especie estuvo presente. Para tal efecto, se usaron las coordenadas que correspondieron a cada lance del que se obtuvieron muestras.

5.3.2.1. Composición de especies de la captura de escama ribereña

Se obtuvo información de los avisos de arribo de la pesca de escama ribereña del estado de Sonora de los años 2003-2005. A partir de ellos, se obtuvo la composición por especies que aparecen en la captura, y se determinó en ellas la proporción correspondiente al pargo lunarejo. La composición se ordenó por año, por zona, adicionando los registros de 2003-2005 por cada año y zona. La composición por zona, se hizo considerando las oficinas de Santa Clara, Puerto Peñasco y Bahía de Kino como zona norte; Guaymas y Cd. Obregón para la zona centro y Huatabampo para la zona sur.

5.4. Análisis Genéticos

Para individuos de ambas especies, se recolectó una fracción de tejido muscular (aproximadamente 1 cm³) que se fijó con 2 volúmenes de etanol (70 %) en microtubos Eppendorf (1.6 o 2 ml). Cuando fue posible se mantuvieron en refrigeración hasta su traslado al Laboratorio de Genética Molecular del CIBNOR, Unidad La Paz, y se utilizaron para la extracción de ADN total. Ante la premura de tiempo y a sugerencia del comité revisor, se optó por efectuar la amplificación y secuenciación de pequeños segmentos del gen 16S del ADN mitocondrial que forma parte del ribosoma.

5.4.1. Aislamiento de ADN total

El aislamiento de ADN se efectuó en el laboratorio de Genética Molecular del CIBNOR, Unidad La Paz. Para la obtención de ADN se modificó el método utilizado por Leyva (2002). De cada muestra, previamente fijada en etanol, se tomó una pequeña porción de

tejido muscular (50-100 mg) y se maceró directamente sobre una lámina de acero inoxidable o de otro material recubierta de papel aluminio, dejándolos al aire hasta completa sequedad (15-20 min). El papel aluminio se renovó cada vez que se procesaba un grupo de muestras; el acero inoxidable se lavó con agua y jabón enjuagando con agua destilada y etanol (70 %) para evitar la contaminación entre muestras de distintos individuos. Entre el procesamiento de un individuo y el siguiente, los utensilios de disección se enjuagaron en agua destilada y etanol (70 %).

Una vez secos y crujientes, los tejidos se colocaron en tubos Eppendorf (1.6 ml) y se trituraron con unas tijeras de disección finas. Luego se añadieron 300 μ L de solución de lisis (Trizma-HCl 0.1M pH 8.0, EDTA 0.1M, NaCl 0.15M, β -mercaptoetanol 2%, sarcosil 4%) y 6.6 μ l de Pronasa B (stock 1.33 mg ml⁻¹). Los tubos se incubaron en baño María (45 °C, 2 h, vórtex cada 30 min). Al término de la primer hora, se adicionaron 6.6 μ l de enzima y 2 μ l de ARNasa (stock 10 mg ml⁻¹). Terminada la incubación se adicionó a cada tubo 200 μ l Acetato de Amonio (7.5 M) mezclando con vórtex, incubándose a -20 °C durante al menos 30 min. Luego se centrifugaron (14,000xg, 10 min, 4 °C), se recuperó el sobrenadante en tubos nuevos descartando el precipitado blanquecino. Se añadieron de 100 a 200 μ l de solución TE (Trizma-HCl 10 mM, EDTA 1 mM, pH 7.5) para incrementar el volumen de solución que contenía el ADN y de esta forma recuperar mayor cantidad de éste en el siguiente paso. Se virtió un volumen de cloroformo:alcohol isoamílico (C:I, 24:1) por cada volumen de sobrenadante recuperado (es decir, 500-600 μ l), agitando por inversión hasta obtener una mezcla lechosa para posteriormente centrifugarse a 14,000xg durante 10 min a 25 °C en una centrifuga BECKMAN. Ocasionalmente fue necesario

hacer un segundo lavado con C:I. De esta centrifugación se obtuvieron tres fases: una fase superior acuosa o sobrenadante que se utiliza para purificar ADN, una interfase que contiene el residuo celular y una fase orgánica en el fondo del tubo (las dos últimas fueron desechadas). El sobrenadante (500-600 μ l) se transfirió a un tubo nuevo, los tubos se incubaron abiertos en baño María (PRESICION) (45 °C, 15 min) para eliminar las trazas de C:I.

Para la precipitación del ADN total, se adicionaron a cada tubo 2 volúmenes de etanol absoluto (1 ml) pre-enfriado (-20 °C), mezclando por inversión, dejándose precipitar toda la noche (-20 °C). Posteriormente se centrifugaron (15,000xg, 20 min, 4 °C), se decantó el sobrenadante y al botón formado (ADN) se le hicieron dos lavados con etanol (70%, pre-enfriado -20 °C). Finalmente, se centrifugó (15,000xg, 10 min, 4 °C), se decantó el sobrenadante y los botones de ADN se dejaron secar al aire (15-30 min). El botón se disolvió en 100 μ l de TE.

5.4.2. Evaluación del ADN obtenido

La verificación cualitativa del ADN obtenido, se efectuó mediante electroforesis horizontal (cámara Wide Mini-Sub Cell, Bio-Rad) a temperatura ambiente (70-80 V, 20-30 min) llenada con solución TBE 1% (0.089 M Tris, 0.88 M Acido. bórico, 0.5 M EDTA pH 8.0). Se utilizaron geles de agarosa-TBE al 1% preteñidos con bromuro de etidio y se observaron con luz UV en un transiluminador. Cada pocillo del gel, se cargo mezclando 5 μ L de muestra y 1 μ L de tampón de carga (50% glicerol, 0.1 M EDTA pH 8.0, 0.25% de azul de bromofenol) (Sambrook *et al.*, 1989). Se utilizó el marcador Low DNA Mass

Ladder (Invitrogen) que permite la estimación de la longitud de las cadenas de ADN obtenidas, así como una estimación cualitativa de la concentración de la muestra; se documentó fotográficamente mediante el sistema UVIDoc (UVP, England). Ocasionalmente, la concentración y pureza del ADN se determinó, mediante un espectrofotómetro (SmartSpect 2000, Biorad y/o Nanodrop 2000, ThermoScientific) a partir de la absorbancia a longitud de onda de 260 y 280 nm (Surzycki, 2001; Sambrook y Russell, 2001). En cualquier caso, se prepararon soluciones de trabajo ajustando la concentración del ADN obtenido a un intervalo de 50-100 $\mu\text{g ml}^{-1}$, que se utilizaron para la amplificación de fragmentos específicos mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés).

5.4.3. Amplificación mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación

El ADN obtenido de acuerdo a la sección anterior, se utilizó como templado para la amplificación de los fragmentos específicos correspondientes a la región 16S ribosomal. Se diseñaron cebadores universales específicos para peces, que flanquean la región hipervariable del gen 16S ribosomal y que permitió la amplificación de un producto de 476 pb (Leyva, 2003). La mezcla de reacción contenía 100 ng de ADN, 10 nM de cada oligonucleótido: SM16F2 (5'-ACCTGTATGAATGGCA-3') y SM16R2 (5'-CTCAGATCACGTAGGA-3'), 2.5 μL de solución PCR 10X, 1 μL de dNTP's (10 mM), 1 U de Taq polimerasa (0.2 μl) y agua mili-Q esteril c.b.p. 25 μl . Las reacciones de amplificación se realizaron en un termociclador Bio-Rad (iCycler [®]) y/o Corbett (Mod.

CGI-96), con un programa que consistió en: un ciclo de desnaturalización inicial a 94 °C durante 5 min, seguido de 40 ciclos de desnaturalización a 94 °C por 30 s; alineamiento a 43 °C por 30 s; extensión a 72 °C por 30 s, y un periodo de extensión final a 72 °C por 10 min.

La verificación cualitativa del ADN amplificado se efectuó mediante electroforesis en geles de agarosa/TBE al 1% adicionados con Synergel (Bioamerica, Inc.) y preteñidos con bromuro de etidio, en una cámara horizontal (Wide Mini-Sub Cell, Bio-Rad) a 70-80 V durante 40-45 min. Los geles se observaron bajo luz UV en un transiluminador, y se documentaron fotográficamente mediante el sistema UVIDoc (UVP, England). Se utilizó el marcador 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen) que permite la estimación de la longitud de las cadenas de ADN obtenidas.

Los productos de PCR se purificaron mediante el método de silica gel (Davies *et al.*, 1986), y fueron enviados a Seúl (Corea) para su secuenciación por el método de Sanger (Sambrook y Russell, 2001), por la empresa MACROGEN (<http://www.macrogen.com>).

5.4.4. *Análisis de secuencias*

Las secuencias de nucleótidos se verificaron visualmente a partir de los electroferogramas de los archivos en formato *.abi proporcionados por el servicio de secuenciación. Se alinearon utilizando el programa Clustal W (Thompson *et al.*, 1994) y MUSCLE incluido en el programa BOSQUE (Ramírez-Flandes y Ulloa, 2008), y cuando fue necesario, se editaron utilizando el programa MEGA4 (Tamura *et al.*, 2007).

El trabajo se efectuó bajo el supuesto de estar trabajando con dos especies, el pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* y el chupalodo *Porichthys analis*. Para determinar la relación de homología molecular existente entre los haplotipos de una misma especie, se utilizaron los criterios de Vecino mas cercano (Neighbour-Joining) y Máxima Parsimonia incluidos en el programa MEGA (Tamura *et al.*, 2007), así como el de Máxima Verosimilitud incluido en el programa BOSQUE (Ramírez-Flandes y Ulloa, 2008). Como requisito previo se determinó el modelo evolutivo más apropiado y sus parámetros para el árbol de Vecino mas cercano mediante ModelTest Ver. 3.7 (Posada y Crandall, 1998). El modelo y los parametros al trabajar con Máxima Verosimilitud los determinan el programa mientras construye el árbol, y no es necesario un modelo previo al usar Máxima Parsimonia.

Como prueba para el árbol de Vecino mas cercano y Maxima Parsimonia se utilizo el análisis de ramas internas con 10,000 (Bootstrap) iteraciones; en tanto que para Máxima Parsimonia, se usaron 1000 iteraciones (un soporte razonable para la estructura elucidada es que sean aprox. 70 % y se considera muy alto cuando se acerca al 95 %). Conforme al resultado obtenido de los árboles, los haplotipos se separaron en dos grupos y éstos se compararon calculando la distancia genética mediante MEGA4 (Tamura *et al.*, 2007).

5.4.4.1. Estructura poblacional

Los estadísticos poblacionales genéticos se estimaron utilizando el programa ARLEQUIN Ver. 3.1. (Schneider *et al.*, 2000). El nivel de polimorfismo de cada localidad o población

se estimó como el número de sitios polimórficos (S), diversidad génica o haplotípica (H_e , Nei, 1987), el número medio de diferencias nucleotídicas pareadas (k, Tajima, 1983), diversidad nucleotídica (π , Nei, 1987). Las divergencias genéticas pareadas entre poblaciones se estimaron utilizando el índice de fijación (ϕ_{ST} , Excoffier *et al.*, 1992) que incluye información sobre la frecuencia haplotípica mitocondrial (Weir y Cockerham, 1984). Las distancias genéticas se determinaron mediante los modelos evolutivos determinados por el programa Modeltest Ver. 3.7 (Posada y Crandall, 1998). La relación entre haplotipos fue descrita mediante un árbol filogenético de máxima verosimilitud utilizando el programa BOSQUE (Ramírez-Flandes y Ulloa, 2008), así como un árbol de similitud de secuencias mediante el método de distancia genética: vecino mas cercano (neighbor-joining) utilizando el programa MEGA4 (Tamura *et al.*, 2007). La robustez de las ramas internas del árbol de máxima verosimilitud se probaron mediante bootstrap con 1,000 replicas (Felsestein, 1995). Se construyó también una red de mínima separación generada con el programa Network (Bandelt *et al.*, 1995). La significación estadística ($P \leq 0.05$) de las comparaciones pareadas se probó con 10,000 permutaciones y se ajustó mediante un análisis secuencial de Bonferroni para comparaciones simultáneas múltiples (Rice, 1989).

5.4.4.2. Variabilidad genética

Las fuentes de la variabilidad genética se probaron mediante un análisis de varianza molecular (AMOVA, Excoffier *et al.*, 1992) con el programa ARLEQUIN Ver. 3.1. (Schneider *et al.*, 2000).

El estadístico D de Tajima (Tajima, 1989) se utilizó para calcular neutralidad selectiva con ARLEQUIN Ver. 3.1. (Schneider *et al.*, 2000). Para marcadores neutrales, estas pruebas pueden utilizarse para detectar cambios en los tamaños poblacionales. Valores negativos y significativos pueden interpretarse como indicativos de expansión demográfica.

La prueba exacta de diferenciación (Raymond y Rousset, 1995) basada en frecuencias haplotípicas implementada en ARLEQUIN Ver. 3.1. (Longitud de la cadena de Markov: 10,000 pasos), se usó para determinar si los haplotipo detectados, se distribuyen de manera aleatoria entre las poblaciones o localidades.

6. RESULTADOS

Durante el presente estudio se realizaron 2,438 lances en total de la F.A.C. A continuación se describen los resultados de distribución espacial y parámetros poblacionales para el chupalodo y el pargo lunarejo.

6.1. Distribución espacial y parámetros poblacionales por especie

6.1.1. Distribución de Chupalodo *P. analis*

En la Fig. 3 se muestra la distribución del chupalodo *P. analis* en relación al total de lances que se muestrearon de F.A.C. En el presente estudio, solamente se consideran organismos dentro del Golfo de California, sin embargo, la distribución de la especie, comprende otras áreas del Pacífico Mexicano (Roberson y Allen, 2002). En total, se obtuvieron 1,514 muestras, 520 de la zona el norte, 100 de la zona centro y 895 de la zona sur.

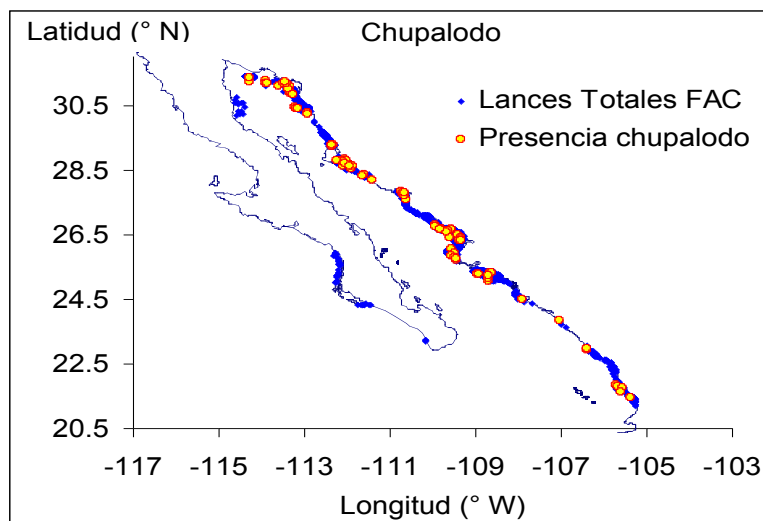


Figura 3. Distribución del chupalodo *Porichthys analis*, en el Golfo de California, durante la temporada de pesca de camarón 2004.

6.1.1.1. Estimación de parámetros poblacionales del chupalodo *P. analis*

6.1.1.1.1 Relaciones biométricas

Se analizaron 1,514 organismos de chupalodo con tallas desde los 43 hasta 352 mm de longitud estándar.

La relación existente entre la **longitud total** y la **longitud estándar** del chupalodo se muestra en la Fig. 4.

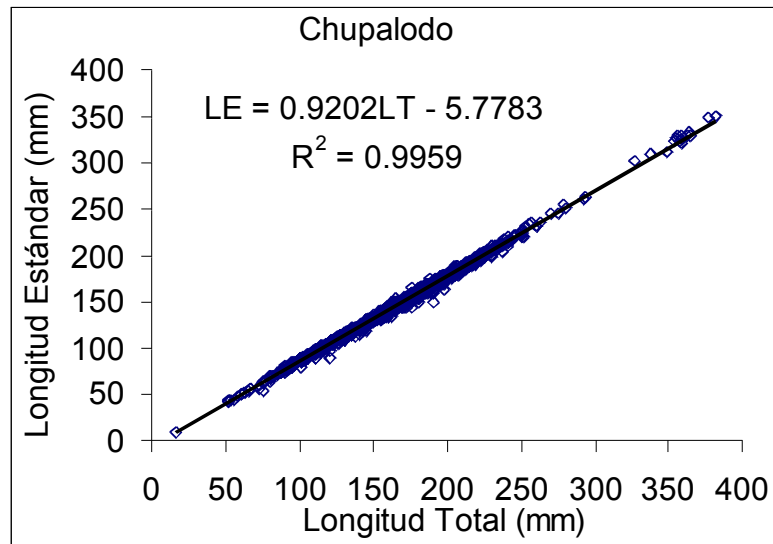


Figura 4. Relación entre longitud total y longitud estándar del chupalodo *Porichthys analis* recolectados de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.

La relación esta descrita por la ecuación de tipo lineal:

$$L_E = 0.9203L_T - 5.7783 \quad (\text{Ecuación 15})$$

donde: L_E = Longitud estándar, y L_T = Longitud total o pendiente de la línea de regresión

(b); el coeficiente de determinación, para el caso del chupalodo, es $R^2 = 0.9959$

Dada la estrecha relación que existe entre ambas longitudes en posteriores análisis se utilizó la longitud estándar como medida de la talla de los organismos.

La relación entre la **longitud estándar** y el **peso total** se muestra en la Fig. 5

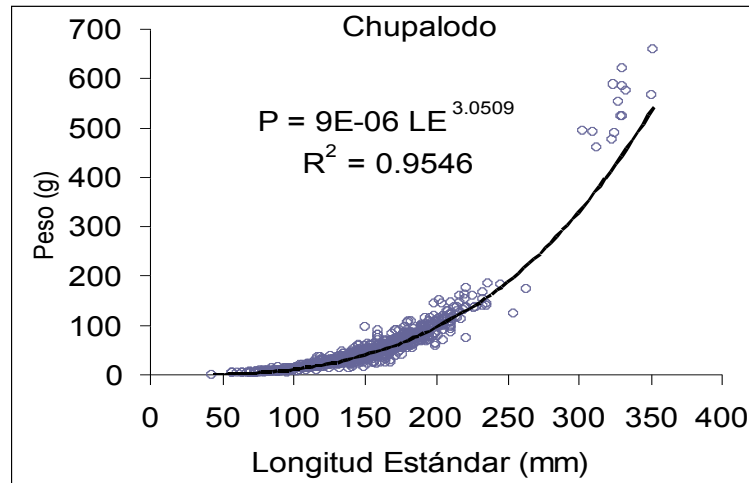


Figura 5. Relación entre longitud estándar y peso total del chupalodo, *Porichthys analis* colectados de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.

La relación esta descrita por la función potencial.

$$P_T = 0.000092L_E^{3.0509} \quad (\text{Ecuación 16})$$

donde: P_T = Peso total, y L_E = Longitud estándar; el coeficiente de correlación es $R^2 = 0.9546$. Los parámetros de las relaciones morfométricas se muestran en la tabla III

Tabla III. Relaciones morfométricas del chupalodo *Porichthys analis*.

n	Relación morfométrica	Función	a	b	R^2
1514	LT-LE	Lineal	-4.86	0.91	0.9941
	LE-P	Potencial	9×10^{-6}	3.05	0.9546

Notación: LT, longitud total; LE, longitud estándar; P, peso total; R^2 , coeficiente de regresión

6.1.1.1.2 Estructura de tallas

Con los registros de longitud estándar se elaboró la distribución de frecuencia de tallas. Inicialmente se construyeron variando el número de clases, procurando hacer visibles las modas en la distribución, que se supone corresponden a distintas cohortes. Una vez que se decidió el número de clases que evidenciaba mejor las modas, se obtuvieron distribuciones por zona y por mes. La decisión de utilizar tres distribuciones, una por cada zona, se basó en el hecho de que estas son al parecer distintas. Para probarlo, se aplicó un estadístico de heterogeneidad mediante la razón de verosimilitud (G) (Sokal y Rohlf, 2003) que tiene aproximadamente una distribución χ^2 . Si las distribuciones por zona resultaban heterogéneas, se utilizaba nuevamente el estadístico G realizando una comparación pareada para discriminar cuales diferían entre si.

La prueba de heterogeneidad para las distribuciones por zonas, da un valor calculado $G = 75,898.53$. Este valor es mayor que el de tablas $\chi^2_{0.05[2](28)} = 44.461$, por lo tanto, significativo, comprobando que al menos una de las distribuciones es heterogénea. Posteriormente se compararon las zonas entre si. Los valores de G fueron en todos los casos significativos comprobando que las tres distribuciones son diferentes (Tabla IV). La distribución de tallas se muestra en la Fig. 6. Estas diferencias pueden deberse a variaciones particulares en los rasgos o caracteres de historia de vida como crecimiento, mortalidad, entre otras. Por tal motivo se analizan mas adelante.

Tabla IV. Resultado de la prueba para la comparación pareada entre las distribuciones de frecuencia de tallas por zona para el chupalodo *Porichthys analis*.

Contrastación entre zonas	Valor de G (calculado)	$\chi^2_{0.05[2](28)}$
N vs S	15.604	15.308
C vs S	50.141	45.722
C vs N	2,012.502	45.722

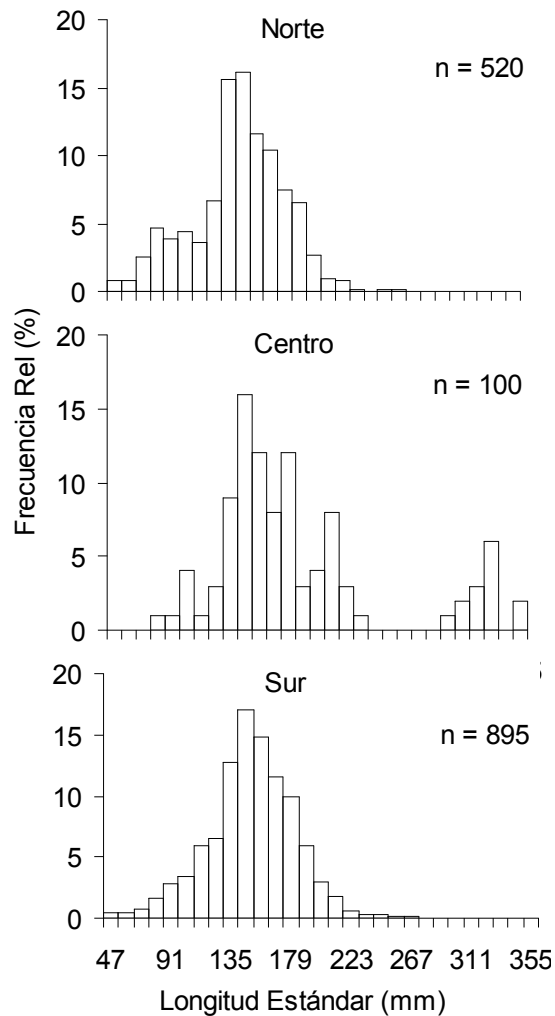


Figura 6. Distribución de frecuencias de tallas del chupalodo *Porichthys analis* para cada zona del Golfo de California (Norte, Centro y Sur), obtenidas de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.

6.1.1.1.3 Crecimiento

Una vez que se determinó que las distribuciones de frecuencia eran distintas se procedió a estimar los parámetros de crecimiento de la ecuación de von Bertalanffy por zonas, siguiendo la metodología descrita en el apartado respectivo. Los resultados se muestran en la Tabla V. Con los valores de los parámetros de crecimiento, se trazaron las curvas correspondientes para cada zona.

Tabla V. Parámetros de la ecuación de crecimiento de von Bertalanffy del chupalodo *Porichthys analis*.

Zona	L_{∞} (mm)	K (a^{-1})	t_0
Norte	365	0.23	-0.37
Centro	367	0.21	-0.40
Sur	365	0.27	-0.31

Notación: L_{∞} , Longitud infinita; K , tasa intrínseca de crecimiento instantáneo; t_0 , edad teórica a la que el organismo presenta una longitud de cero

También se utilizó el valor de t_{max} que es la longevidad o edad a la que los organismos alcanzan el 95 % de su talla máxima (L_{∞}); las curvas de crecimiento se muestran en la Fig.

7.

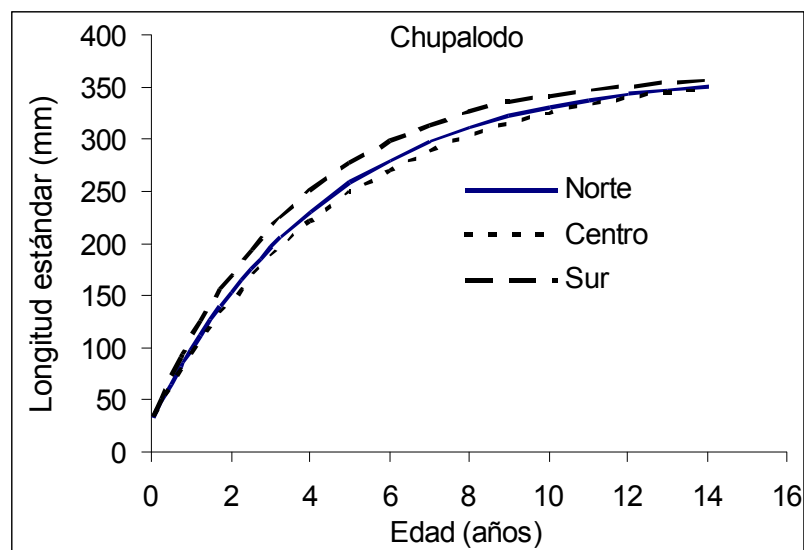


Figura 7. Curva de crecimiento, por zonas, para el chupalodo *Porichthys analis*, aplicando el modelo de von Bertalanffy.

Para discernir si las curvas de crecimiento difieren entre sí, se utilizaron las tallas que los organismos alcanzan a la edad, de acuerdo al modelo de crecimiento de von Bertalanffy. Se utilizaron las tallas desde 1 hasta 18 años y se compararon mediante una $\chi^2_{(0.05, 13)}$. Las curvas correspondientes a las zonas norte, centro y sur no difieren estadísticamente entre sí, basado en sus tallas.

6.1.1.1.4 Talla de primera madurez

Derivado de la determinación de sexos en los organismos, se observó que el número de machos excede al de hembras con una proporción M:F de 1.65:1 ($\chi^2_{(2, 0.025, 7)} = 24.322$; $P < 0.0000$). Los organismos maduros sexualmente (estadios III-V) aparecen de agosto a marzo, y su frecuencia parece ser más alta de octubre a enero. Utilizando los registros de longitud de hembras maduras se construyeron distribuciones de frecuencia para cada zona.

La talla media de primera madurez fue de 148 mm para el norte y para el sur, 183 mm para el centro. Estas curvas se compararon mediante una prueba de Kolmogorov-Smirnov_(D, 0.05), (Sokal y Rohlf, 1981), presentando la región Centro una talla de primera madurez sexual estadísticamente mayor que la zona Norte y la Sur. Si se consideran en conjunto la talla de primera madurez es de 157 mm, quedando la ecuación que describe la curva de ajuste como:

$$P_m = \frac{1}{1 + e^{-0.051(L_E - 157)}} \quad \text{Ecuación 17}$$

donde:

P_m = Proporción de hembras maduras

L_E = Longitud estándar observada (mm)

L_{E50} = Talla media de primera madurez (L_E , mm).

$a = -0.051$

y en la Fig. 8 se presenta la curva de ajuste de esta relación.

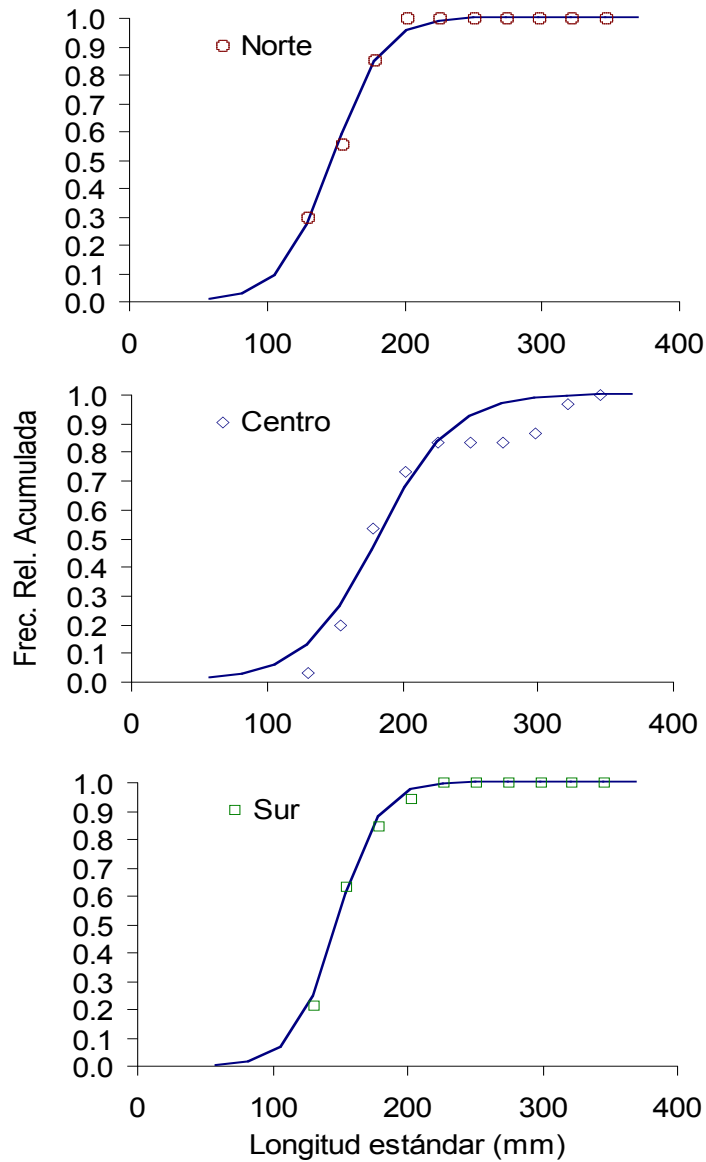


Figura 8. Curva de ajuste para el cálculo de la talla media de primera madurez sexual del chupalodo *Porichthys analis*, obtenido de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.

6.1.1.1.5 Patrón de reclutamiento

El patrón de reclutamiento se obtuvo por zona del Golfo de California. En la Fig. 9 se observa que en el chupalodo, el reclutamiento ocurre a lo largo del año con un máximo en

la zona norte durante los meses de Abril a Julio. En la región centro, el patrón de reclutamiento es claramente diferente, con dos periodos de reclutamiento de similar magnitud de Febrero-Marzo y Junio-Agosto. En la región sur, el reclutamientos es igualmente diferente, con reclutamiento mas o menos uniforme a lo largo del año y solamente un ligero máximo en Julio.

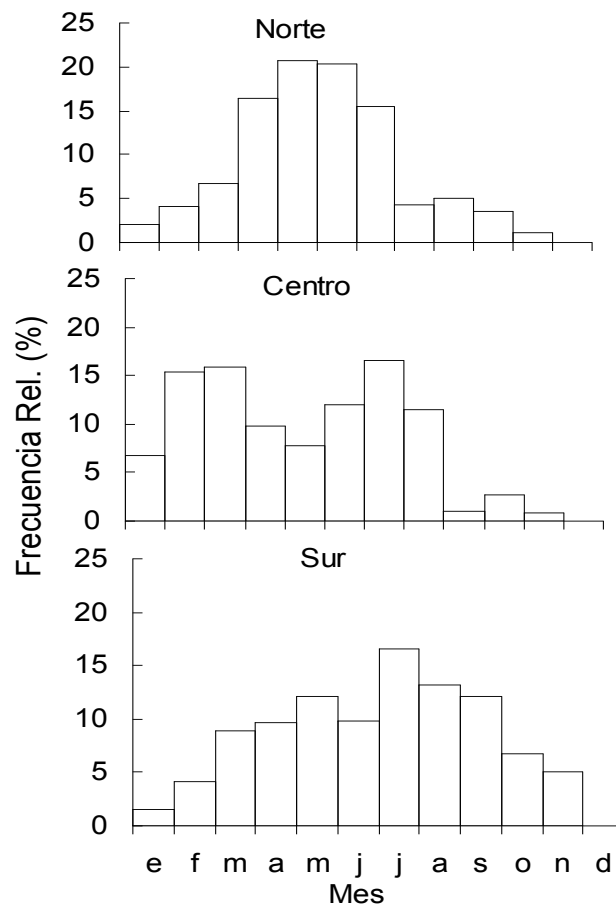


Figura 9. Patrón de reclutamiento del chupalodo *Porichthys analis*, obtenido de arrastres de camarón en el Golfo de California durante la temporada de pesca 2004.

6.1.1.1.6 Mortalidad total, mortalidad por pesca, mortalidad natural, tasa de explotación y longevidad

La estimación de mortalidad natural, a partir de la ecuación empírica de Pauly (1980), involucra la temperatura media superficial del océano. Se consideró que para la región del Golfo de California es 24 °C, de manera que las tasas de mortalidad son las mostradas en la Tabla VI. Mediante la curva de captura se estimaron también, la mortalidad por pesca (F) y la tasa de explotación (E). La longevidad de la especie se sitúa alrededor de los 11 a 14 años. Considerados en conjunto, la mortalidad total (Z) fue de 4.67, la debida a la pesca (F) de 3.7 y la mortalidad natural (M) de 0.97, presentando una longevidad de 6.31 años.

Tabla VI. Tasas de mortalidad y longevidad del chupalodo *Porichthys analis* por zonas.

Zona	Z	M	F	E	Longevidad (años)
Norte	2.08	0.32	1.76	0.85	13
Centro	2.09	0.33	1.90	0.86	14
Sur	2.92	0.35	2.57	0.88	11

Notación: Z, mortalidad total; M, mortalidad natural; F, mortalidad por pesca, E, tasa de explotación.

6.1.2. Distribución del pargo lunarejo *L. guttatus*

En la Fig. 10 se muestra la distribución pargo lunarejo *L. guttatus* en relación al total de lances que se muestrearon de F.A.C. En este estudio se consideró la distribución de la especie dentro del Golfo de California hasta el estado de Nayarit.

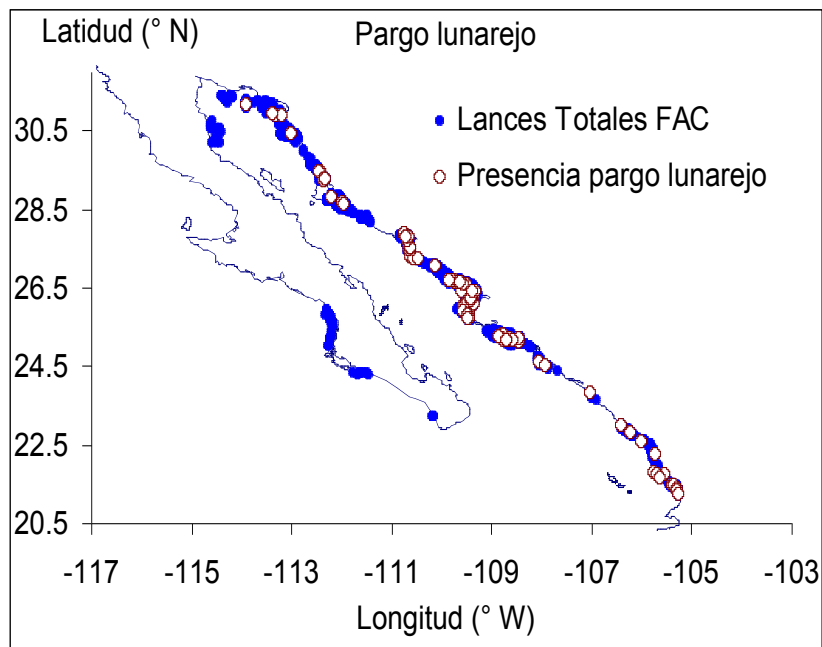


Figura 10. Distribución del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* en el Golfo de California, a partir de los muestreos de arrastres de camarón.

6.1.2.1. Estimación de los parámetros poblacionales del pargo lunarejo

6.1.2.1.1 Relaciones biométricas

Se analizaron 493 organismos de pargo lunarejo *L. guttatus* con tallas desde los 37 hasta 295 mm de longitud estándar. La relación existente entre la **longitud total y la longitud estándar** del pargo lunarejo se muestra en la Fig. 11.

La relación es descrita por una la ecuación de tipo lineal

$$L_E = 0.7887L_T - 0.3802 \quad (\text{Ecuación 18})$$

donde: L_E = Longitud estándar; L_T = Longitud total o pendiente de la línea de regresión (b); el coeficiente de determinación $R^2 = 0.9851$. Dada la estrecha relación que existe entre ambas longitudes, en análisis posteriores en ambas especies se utilizó la longitud estándar

como medida de la talla de los organismos. La relación entre la **longitud estándar** y el **peso total** para el pargo lunarejo se muestra en la Fig. 12.

La relación es descrita por la función potencial:

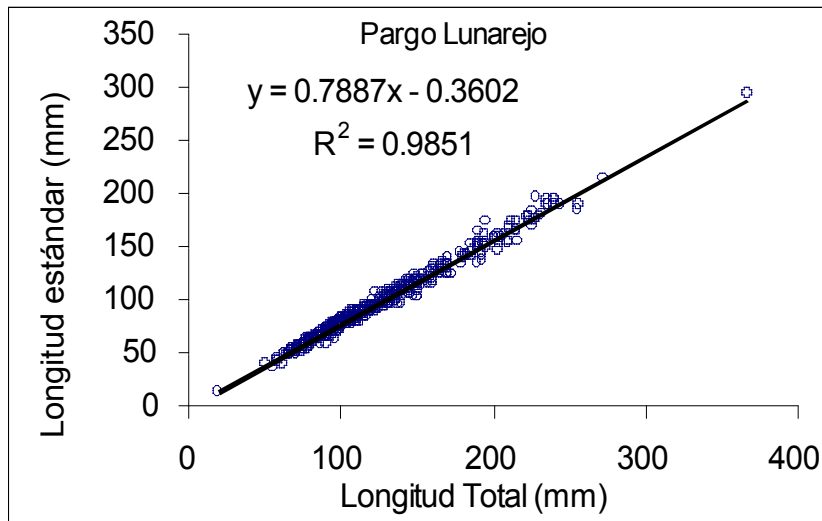


Figura 11. Relación entre longitud total y longitud estándar del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* en el Golfo de California a partir de arrastres camareros.

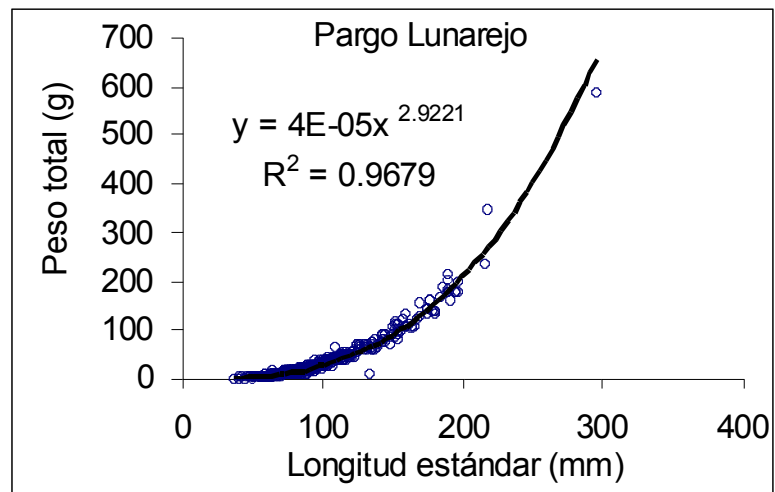


Figura 12. Relación entre la longitud estándar y el peso total del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* en el Golfo de California a partir de arrastres camareros.

$$P_T = 0.00004L_E^{2.9221} \quad (\text{Ecuación 19})$$

donde: P_T = Peso total y L_E = Longitud estándar. El coeficiente de correlación $R^2 = 0.9679$. Los valores de las relaciones morfométricas para el pargo lunarejo se encuentran en la tabla VII.

Dentro del intervalo de tallas analizado, haciendo uso de la relación gráfica propuesta por Froese (2006) (LogP-LogLE), no se detectaron estadios de crecimiento de organismos jóvenes. Estos serían denotados por puntos de inflexión en la línea trazada.

Tabla VII. Relaciones morfométricas del pargo *lutjanus guttatus*.

n	Relación biométrica	Función	a	b	R ²
493	LT-LE	Lineal	-0.30	0.79	0.9851
	LE-P	Potencial	4×10^{-5}	2.92	0.9679

Notación: LT, longitud total; LE, longitud estándar; P, peso total; R², Coeficiente de determinación.

6.1.2.1.2 Estructura de tallas

Se construyeron las distribuciones de frecuencia de tallas para cada una de las zonas del Golfo de California (Fig. 13). La decisión de utilizar tres distribuciones, una por zona, se basó en el hecho de que estas son al parecer distintas. Para probarlo, se aplicó una prueba de heterogeneidad mediante la razón de verosimilitud (G) (Sokal y Rohlf, 2003) que tiene aproximadamente una distribución χ^2 . Si las distribuciones por zona resultaban

heterogéneas, se utilizaba nuevamente este estadístico en la comparación pareada para discriminar cuales diferían entre si.

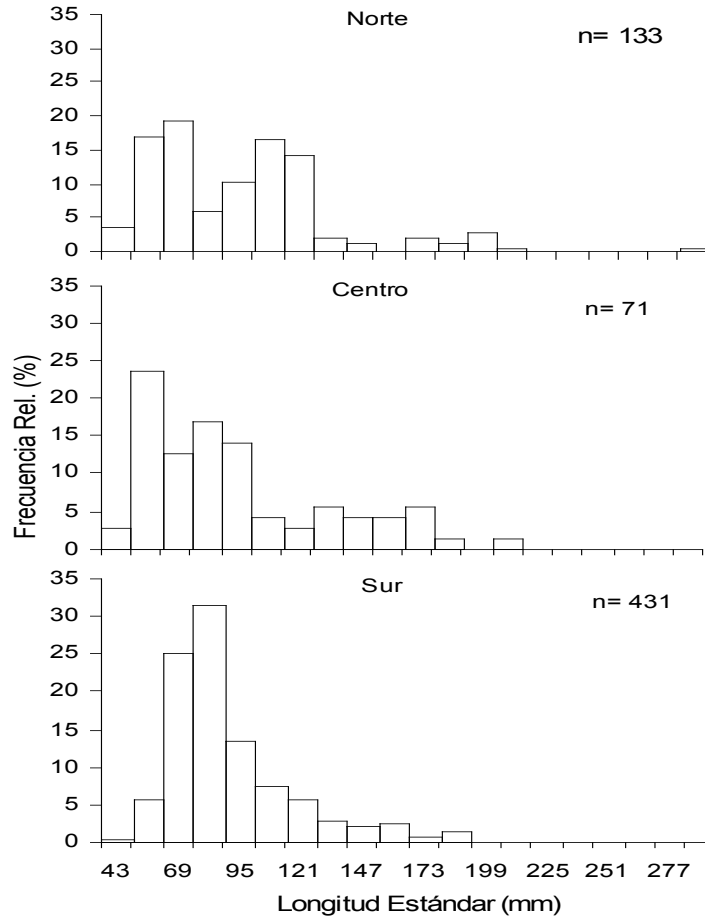


Figura 13. Distribución de frecuencia de tallas para el pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* por zona del Golfo de California obtenidas a partir de arrastres camaroneros.

En el caso pargo lunarejo la prueba de heterogeneidad para las distribuciones por zonas, da un valor calculado $G = 75,898.53$. Este es mayor que el valor de tablas $G_{0.05[2]}$ y, por lo tanto, significativo, comprobando que al menos una de las distribuciones es heterogénea. La prueba de heterogeneidad resultó ser significativa ($25,204.086$, $\chi^2_{0.05[2](19)} = 31.852$), de manera que se procedió a encontrar las distribuciones que generaban las diferencias. De

manera similar se encontró que en las comparaciones entre zonas resultaron ser distintas todas entre sí (Tabla VIII).

Tabla VIII. Resultado de la prueba para la comparación pareada entre las distribuciones de frecuencia de tallas por zona para el pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* obtenido de arrastres camaroneros en el golfo de California.

Contrastación entre zonas	Valor de G (calculado)	$\chi^2_{0.05 2 (19)}$
N vs S	50.141	32.852
C vs S	38.407	32.852
C vs N	262.025	32.852

6.1.2.1.3 Crecimiento

Una vez que se determinó que las distribuciones de frecuencia eran distintas entre si se procedió a estimar los parámetros de crecimiento de la ecuación de von Bertalanffy por zonas. El resultado de las estimaciones de los parámetros de crecimiento se muestra en la Tabla IX; se incluyen los valores de t_0 .

Tabla IX. Valores de los parámetros de la ecuación de crecimiento de von Bertalanffy para el pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* obtenidos a partir de arrastres camaroneros en el Golfo de California.

Zona	L_{∞} (mm)	K (a^{-1})	t_0
Norte	780	0.16	-0.43
Centro	790	0.18	-0.38
Sur	790	0.18	-0.38

Notación: L_{∞} , Longitud infinita; K, tasa intrínseca de crecimiento instantáneo; t_0 , edad teórica a la que el organismo presenta una longitud de cero.

Con los valores de los parámetros de crecimiento, se trazaron las curvas correspondientes para cada zona. Se utilizó también el valor de t_{max} la longevidad o edad a la que los organismos alcanzan el 95 % de su L_{∞} ; las curvas de crecimiento se muestran en la Fig. 14.

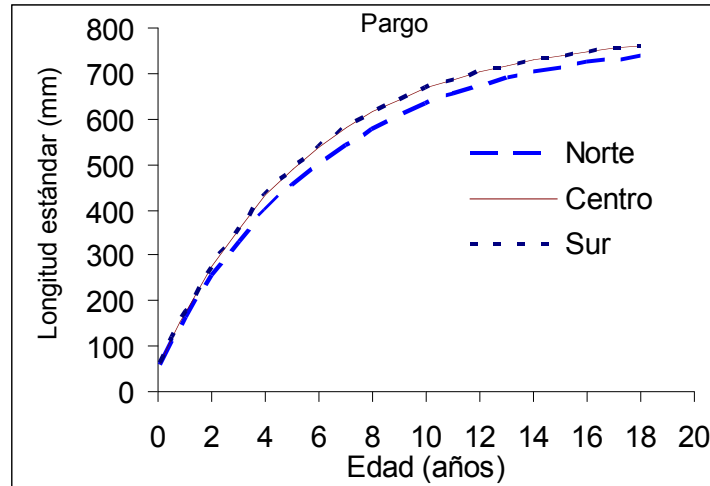


Figura 14. Curvas de crecimientos del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* derivadas de la aplicación del modelo de von Bertalanffy, por zonas.

Para discernir si las curvas de crecimiento difieren entre sí, se utilizaron las tallas que los organismos alcanzan a la edad, de acuerdo al modelo de crecimiento de von Bertalanffy. Se utilizaron las talla desde 1 hasta 18 años y se compararon mediante una $\chi^2_{(0.05, 17)}$. Las curvas correspondientes a las zonas norte, centro y sur, no difieren estadísticamente entre si, basado en sus tallas. De este modo, los parámetros de crecimiento para el pargo lunarejo son $L_{\infty} = 515$ mm LE, (65.3 cm LT), $K = 0.3$ a⁻¹.

6.1.2.1.4 Talla de primera madurez sexual

Los organismos recolectados provienen de arrastres de barcos camaroneros, de este modo solamente se obtuvieron nueve hembras maduras de los estadios (estadio, LE mm) III: 114, 225, 195; IV: 198 y V: 120, 108, 110, 130, 110. Estos ejemplares se capturaron durante los meses de Agosto y Noviembre, por lo cual, no fue posible determinar su talla de primera madurez sexual.

6.1.2.1.5 Patrón de reclutamiento

El patrón de reclutamiento mostrado en la Fig. 15 se obtuvo por zona, en el Golfo de California. Se observa que en las tres zonas el reclutamiento de pargo lunarejo *L. guttatus* se presenta a lo largo del año. En el norte, se pueden apreciar dos temporadas de reclutamiento, en Marzo-Abril y Agosto-October. En las zonas centro y sur, se presenta solo un máximo en fechas diferentes para cada zona, siendo Abril-Junio en el centro y Junio-Septiembre para el sur.

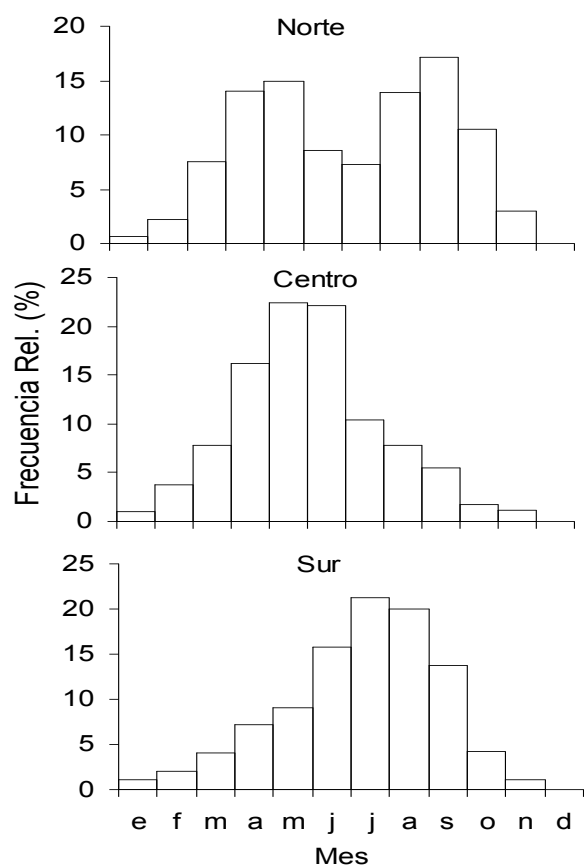


Figura 15. Patrón de reclutamiento del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* en el Golfo de California.

6.1.2.1.6 Mortalidad total, mortalidad por pesca, mortalidad natural, tasa de explotación y longevidad

La estimación de mortalidad natural a partir de la ecuación empírica de Pauly (1980) involucra la temperatura media superficial del océano. Se consideró que para la región del Golfo de California es 24 °C de manera que las tasas de mortalidad son las mostradas en la Tabla X. Se determinó también a partir de la curva de captura linealizada, la mortalidad por pesca (F), la mortalidad total (Z) y la tasa de explotación (E). La longevidad de la especie se calculó entre los 17 y 19 años. Considerados en conjunto, los estimados de mortalidad

total (Z) fue 1.0 ± 0.56 , la mortalidad natural (M) de 0.4 y la pesquera (F) de 0.6, alcanzando los organismos una longevidad de 23 años.

Tabla X. Tasas de mortalidad y longevidad del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus*.

Zona	Z	M	F	E	Longevidad (años)
Norte	2.08	0.23	2	0.92	19
Centro	2.62	0.22	3	0.93	17
Sur	4.40	0.22	4	0.95	17

Notación: Z, mortalidad total; M, mortalidad natural; F, mortalidad por pesca, E, tasa de explotación.

6.2. Análisis Genéticos

6.2.1. *Extracción de ADN total y amplificación mediante PCR de un fragmento del gen 16S ribosoma.*

Entre las muestras se observaron estados de deterioro notable, inferido por una o varias características: coloración amarillenta, consistencia blanda y olor fétido. Por esta razón, la extracción de ADN fue difícil, obteniendo en muchos casos nulos o bajos rendimientos; o bien, ADN de calidad deficiente indicado por barridos al evaluarlo a través de la electroforesis en geles de agarosa (Fig. 16). Por tal motivo, el método original de extracción (Leyva, 2003) fue adecuándose en la búsqueda de mejores resultados, e incluso se probó otro protocolo basado en extracción con NaCl (Sambrook y Russell, 2001).

Las muestras dejaron de procesarse en fresco, prefiriendo secarlas al aire libre hasta obtener consistencia crujiente. Luego se trituraron en seco con tijeras de puntas finas en el interior de un tubo eppendorff (1.6 ml) y antes de añadir la solución de lisis. Así mismo se logró mayor pureza al añadir una solución de Acetato de Amonio para precipitar contaminantes resultado de la digestión y antes de realizar el lavado o extracción con C:I. La sustitución de C:I (24:1) por Fenol:Clorofomo:Isoamil alcohol (F:C:I, 25:24:1) no mejoró los resultados de modo notable. Ocasionalmente la extracción se facilitó incrementando la proporción de isoamil alcohol (de C:I, 24:1 a 22:2) al generarse una interfase mas amplia donde se asentaban impurezas (principalmente proteínas y lípidos). En general la extracción de ADN a partir de muestras de chupalodo *Porichthys* fue mas difícil que de pargo lunarejo *Lutjanus*.

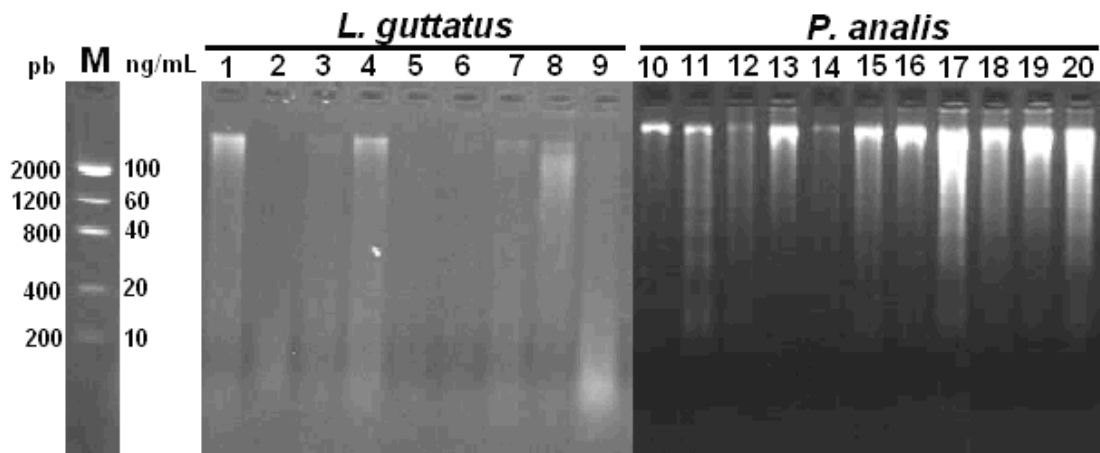


Figura 16. Ejemplo del ADN total obtenido a partir de muestras de tejido muscular de pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* y chupalodo *Porichthys analis*. Notación: M, marcador molecular Low DNA Mass Lader (Invitrogen, ®). A la izquierda el marcador indica la longitud de las cadenas de ADN (pb) y su concentración aproximada ($\text{ng } \mu\text{l}^{-1}$); líneas 1-8, pargo lunarejo Lugu443-Lugu451; líneas 10-20, chupalodo Poan36-Poan41.

El proceso de amplificación requirió la realización de PCR en gradiente de temperatura y de concentraciones de MgCl_2 determinando las descritas en el apartado de materiales y métodos como satisfactoria. También aquí las muestras no siempre fueron amplificadas de manera exitosa y muchas se descartaron luego de dos o tres intentos. Al ser puestas en geles de agarosa, en los productos de la amplificación de algunas muestras de chupalodo se observó la presencia de más de una banda. Esto indicó la generación de cadenas de ADN de distinta longitud. No obstante, la mayoría de las muestras que pudieron amplificarse generaron productos de la longitud aproximadamente esperada (~ 500 pb) (Fig. 17).

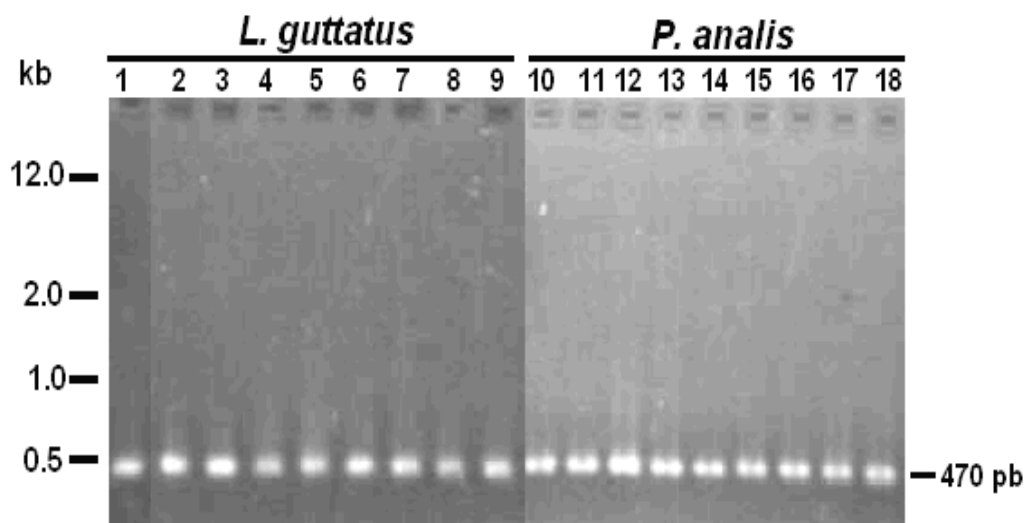


Figura 17. Ejemplo de algunos productos de la amplificación del gen 16S a partir de ADN total obtenido de tejido muscular de pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* y chupalodo *Porichthys analis*, recolectados de la FAC y de pesca artesanal. Notación: líneas 1-9, pargo lunarejo Lugu443-Lugu451; líneas 10-18 chupalodo Poan31-Poan44. A la derecha se indica el tamaño aproximado del amplificado obtenido conforme a lo estimado con un marcador (izquierda, 1Kb Plus, Invitrogen ®).

6.2.2. Análisis de alineamiento y variabilidad genética

Se amplificaron un total de 220 fragmentos de la región 16S del pargo lunarejo *L. guttatus* obteniéndose amplicones de alrededor de 470 pares de bases. Las secuencias de nucleótidos obtenidas, se editaron eliminando bases ambiguas y productos de amplificación inespecífica, obteniéndose finalmente 193 secuencias de 388 bases, considerando como referencia la longitud de la secuencia de menor tamaño (Tabla XI).

Tabla XI. Ejemplo de la secuencia (dirección 5'-3') de un fragmento del gen 16S ribosomal de pargo lunarejo *Lutjanus guttatus*.

Secuencia de nucleótidos del individuo Lugu323, haplotipo H1 (Manzanillo)						
1	GCGGGGATAT	TTACATAAGA	CGAGAAGACC	CTATGGAGCT	TTAGACACCA	AGACAGACCA
61	TGTTAAACAC	CCCAAAACAA	AGGGCCAAAC	CAAATGGCCC	CTGCCCTAAT	GTCTTTGGTT
121	GGGGCGACCG	CGGGGAAACA	CAAAACCCCC	ATGTGGAACG	AGAGCACCTC	CTCTCACAAAC
181	CAAGAGCTCC	CGCTCTAGTA	AACAGAAATT	CTGACCAATC	AGATCCGGCA	AAGCCGATCA
241	ACGGACCGAG	TTACCCTAGG	GATAACAGCG	CAATCCCCTT	TTAGAGGCCA	TATCGACAAG
301	GGGGTTTACG	ACCTCGATGT	TGGATCAGGA	CATCCTAATG	GTGCAGCCGC	TATTAAGGGT
361	TCGTTTGTTT	AACGATTAAA	GTCCTACG			

El modelo evolutivo determinado fue el de Tamura-Nei, con corrección gamma. La composición de nucleótidos, en promedio, fue: T = 19.2 %, C = 27.2 %, A = 30.4 % y G = 23.2 %. A partir del análisis de las secuencias se detectaron 334 sitios conservados, 54 sitios variables, 15 sitios parsimoniosamente informativos y 39 sustituciones simples o singletons (Tabla XII), conformando un total de 33 haplotipos únicos distribuidos en las distintas localidades. Las secuencias obtenidas corresponden a las localidades de: San Jorge (n = 11), El Desemboque (n = 6), Kino (n = 17) y Guaymas (n = 5) en Sonora; Punta Colorada (n = 14), El Tambor (n = 31) en Sinaloa; San Blas (n = 6), Cruz de Huanacastle (n = 9) en Nayarit; Puerto Vallarta (n = 35) Jalisco y Manzanillo (n = 47) en Colima (Tabla XIII).

Para el chupalodo se procedió de igual manera que para el pargo lunarejo, en este caso se obtuvieron un total de n = 165 secuencias de 370 bases, considerando como referencia la secuencia de menor tamaño (Tabla XIV)

Tabla XII. Lista de los haplotipos encontrados en un fragmento de la secuencia del gen 16S ribosomal del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus*. Los puntos indican identidad con el haplotipo 1.

Haplotipo	Identificación y posición de la ocurrencia de los sitios variables						
	111	1133344445	5567778990	1	1111111112	2222222223	3333
	1235789013	5713834681	3450684389	0124249990	3909048476	8848	
H1	GCGGATATTA	AACAGAGCCA	ACACACGACA	TCGGTTTATA	CTCCAGGGGG	GACG	
H2T.....	
H3C..	
H4A..	
H5G..	
H6C..	
H7AG..	.T...G....	...A.....	.T..	
H8T.....	
H9C.TT.A...	...C...G	.CT.....	
H10C..T.A...	...C...G	.CT.....	
H11C..TG.A...	...C...G	.CT.....	
H12C..	...T.....	...T.A...	...C...G	.CT.A....	
H13C..	..T...TT	TTCT.A...	...C...G	.CT.....	
H14C..T.A.T.	...C...G	.CT.....	
H15C..TG.A...	...C...G	.CT.....	...A	
H16	T.....C..	.C.....	...T.A...	...C...G	.CT.....	
H17C..	G.....	...T.A...	...C...G	.CT.....	
H18	...A...CC.T.A...	...C...G	.CT.....	
H19	C.....C..TG.A...	...C...G	.CT.....	
H20	CG.....C..T.A...	...C...G	.CT.....	
H21C..	G.....	...TG.A...	...C...G	.CT.....	
H22	
H23	.AC.....	
H24C..	
H25C.	
H26	...TAT...	...CGT...A.....A	..G.	
H27	C.....	
H28A..	
H29	..A.....	
H30	...T.....T	...A...T	
H31A...	G..A.....	A...T..A..	A...	
H32A.	
H33	...G.....	

Tabla XIII. Distribución de los haplotipos por localidad, del gen 16S de pargo lunarejo *Lutjanus guttatus*.

Haplotipo	SJ	DB	KN	GY	PC	TB	SB	CX	VT	JT	MZ	Total
Total	11	6	17	5	14	31	6	9	35	12	47	193
H1	7	1	4					1	27	12	27	79
H2	1											1
H3	1											1
H4	2	1						1	3		13	20
H5		1										1
H6		1									1	2
H7		1										1
H8		1										1
H9			2									2
H10			13	1	12	19	5	5				55
H11			2		2	1	1					6
H12						1						1
H13						1						1
H14						1						1
H15						2						2
H16						1						1
H17						1						1
H18						1						1
H19						1						1
H20						1						1
H21						1						1
H22								1				1
H23								1				1
H24									1			1
H25									1			1
H26									1			1
H27									1			1
H28									1			1
H29											1	1
H30											1	1
H31											1	1
H32											1	1
H33											2	2

Notación: SJ, San Jorge; DB, Desemboque; KN, Kino; GY, Guaymas; PC, Punta Colorada; TB, Tambor; SB, San Blas; CX Cruz de Huanacaxtle; VT, Vallarta; JT, Jaltemba; MZ, Manzanillo.

Tabla XIV. Ejemplo de la secuencia (dirección 5'-3') de un fragmento del gen 16S ribosomal del chupalodo *Porichthys analis*.

Secuencia del individuo Poan228, haplotipo H1						
1	GCAGAAACGA	AGATACTTCT	ATAAGACGAG	AAGACCCTGT	GGAGCTTCAA	GTAAACTAAG
61	AGTGCCTCAA	AATACACCAG	CTTATGCTTA	CTTTTGGTTG	GGGCGACCAT	GAAGAATAAA
121	ATAACCTTCA	TAAGGAATAG	AAAATCCTTA	AATACGAACG	ACAGTTCTAA	TTATCAGAAT
181	ATCTGACCTC	TAAGACCCAG	CATGCCTGAC	TAATGAACCG	AGTTACCCCA	GGGATAACAG
241	CGCAATTTTC	TTCAAGAGTC	CCTATCGACA	AGAAAGTTTA	CGACCTCGAT	GTTGGATCAG
301	GACATCCCAA	TGGTGCAACC	GTCATTAATG	GTTTCGTTTGT	TCAACGATTA	AAGTCCTACG
361	TGATCTGAGA					

La composición de nucleótidos promedio fue: T = 24.82 %, C = 21.8 %, A = 33.7 % y G = 19.7 %. A partir del análisis de las secuencias se detectaron 291 sitios conservados, 79 sitios variables, 34 sitios parsimoniosamente informativos y 45 sustituciones simples o singletons, conformando un total de 39 haplotipos únicos distribuidos en las diversas localidades (Tabla XV). Los haplotipos obtenidas se distribuyen en las localidades de Isla Miramar (n = 5), San Felipe (n = 40) en Baja California; Kino (n = 30), El Colorado (n = 9), Lobos (n = 12) en Sonora y Topolobampo (n = 38) y Chametla (n = 31) en Sinaloa (Tabla XVI).

Tabla XV. Lista de los haplotipos encontrados en un fragmento de la secuencia del gen 16S ribosomal del chupalodo *Porichthys analis*. Los puntos indican identidad con el haplotipo 1.

Haplotipo	Identificación y posición de la ocurrencia de los sitios variables								
	111	1111222333	4455666667	7778889011	111 1111111111	1111112222	2222222222	222223333	
	1234679123	5679158026	0903035780	2390575947	2444556667	7899990000	0123344445	556682367	
H1	GCAGAAGAGA	ACTCAGGGAC	TAAAGTCTCA	ATAGTCTAGT	TAATTTCGCAT	GTCTAGGCAT	CCGGAGGAAA	ATCGGTTGA	
H2T.....	
H3T	
H4A.	
H5	...C...T.	
H6T..A.	
H7T.A	...C.....	
H8T.	...A....	.C.....A	AT.....T..GAAGT	G..TATC.AG	...A...AG	A..C.....	
H9	..A.....C...CTG	A.CC.....	.G.C.....C...	
H10A....	
H11G...G.G...G..A.	
H12C..A.	
H13T.....C	
H14A.....G...	GC.AC...C	C.T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H15	GCTA.G..AT	...AT.....G...	GC.AC...C	C.T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H16	...T.....	...A..C..TG...	GC.AC...C	C.T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H17A.....G...	GC.AC...C	..T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H18G...	...A.....G...	GC.AC...C	C.T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H19	...T.G...	AC.A.G...G...	GC.AC...C	C.T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H20	ATGA.G...	...A.....G...	GC.AC...C	C.T.C.....	.C.CT....	TTA.....	..T.....	
H21C	
H22	...T.....	A.....	
H23C.....C.....	
H24	..C...G...	...C...CA.CG	
H25	..CT.....C.	
H26T.....T	
H27G.T..A..C.	

Haplotipo	Identificación y posición de la ocurrencia de los sitios variables							
	111	1111222333	4455666667	7778889011	2444556667	7899990000	0123344445	556682367
	1234679123	5679158026	0903035780	2390575947	2235390231	7901240123	5001902454	592782220
H1	GCAGAAGAGA	ACTCAGGGAC	TAAAGTCTCA	ATAGTCTAGT	TAATTCGCAT	GTCTAGGCAT	CCGGAGGAAA	ATCGGTTGA
H28	C.....
H29	..ACGATA..G....	.CC.C.....A.A.
H30A.....
H31	..TC..C...
H32	CGCG..C...	CG.....	.C..C.....	?..C...G.	A.....G.	T....A...
H33G.....G....G....
H34C.....CGG.	G....G..
H35T....C.	T.....TTT.CC.C-T....
H36C.....
H37*
H38C...C
H39	..TGC.....A.....CA....

*Delección en el sitio 361

Tabla XVI. Distribución de los haplotipos, por localidad, del gen 16S del chupalodo *Porichthys analis*.

Haplotipo	IM	SF	KN	CL	LB	TB	CH	Total
Total	5	40	30	9	12	38	31	165
H1	3	26		5	8	26	16	84
H2	1	1				1		3
H3	1							1
H4		4						4
H5		1						1
H6		1						1
H7		1						1
H8		1						1
H9		1						1
H10		1						1
H11		1						1
H12		1						1
H13		1		1	1			3
H14			21					21
H15			1					1
H16			1					1
H17			3					3
H18			2					2
H19			1					1
H20			1					1
H21				1		3	8	12
H22				1				1
H23				1				1
H24					1			1
H25					1			1
H26					1			1
H27						1		1
H28						1	1	2
H29						1		1
H30						2		2
H31						1		1
H32						1		1
H33						1		1
H34							1	1
H35							1	1
H36							1	1
H37							1	1
H38							1	1
H39							1	1

Notación: IM, Isla Miramar; SF, San Felipe; KN, Kino; CL, El Colorado; LB, Lobos; TB, El Tambor; CH, Chametla

6.2.3. Análisis de comparación de secuencias y homología molecular

Las relaciones de homología molecular entre los haplotipos para el pargo lunarejo se evaluaron mediante árboles bajo los criterios de Vecino mas cercano (Fig. 18), Máxima Parsimonia (Fig. 19) y Máxima Verosimilitud (Fig. 20). Se utilizó como grupo externo la secuencia del pargo rabirrubia *Lutjanus inermis* y en todos ellos se genera una clara formación de dos grupos, ramas o clados principales. La superior ocurre en el 88, 87 y 88.3 % de las iteraciones, respectivamente, y la inferior en el 94, 92 y 35.5 de las iteraciones respectivamente.

Con base en este resultado se formaron dos grupos de haplotipos, y con el programa MEGA4 se calculó la distancia genética entre ellos, $D = 2.85$ (D, Nei):

- Clado superior.- haplotipos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33
- Clado inferior.- haplotipos 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21

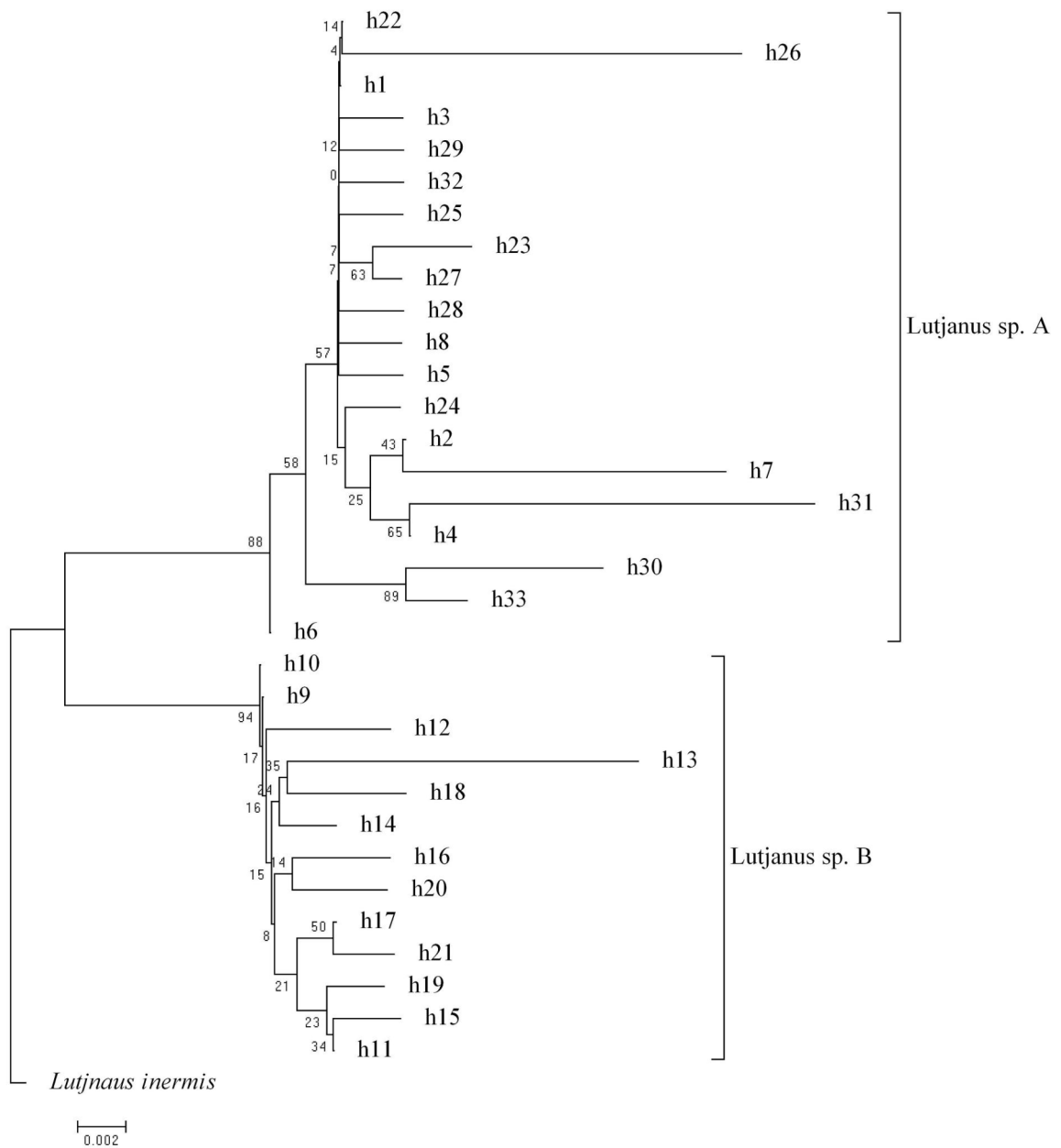


Figura 18. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en pargo lunarejo construido mediante el método de Vecino más cercano (Neighbour-Joining).

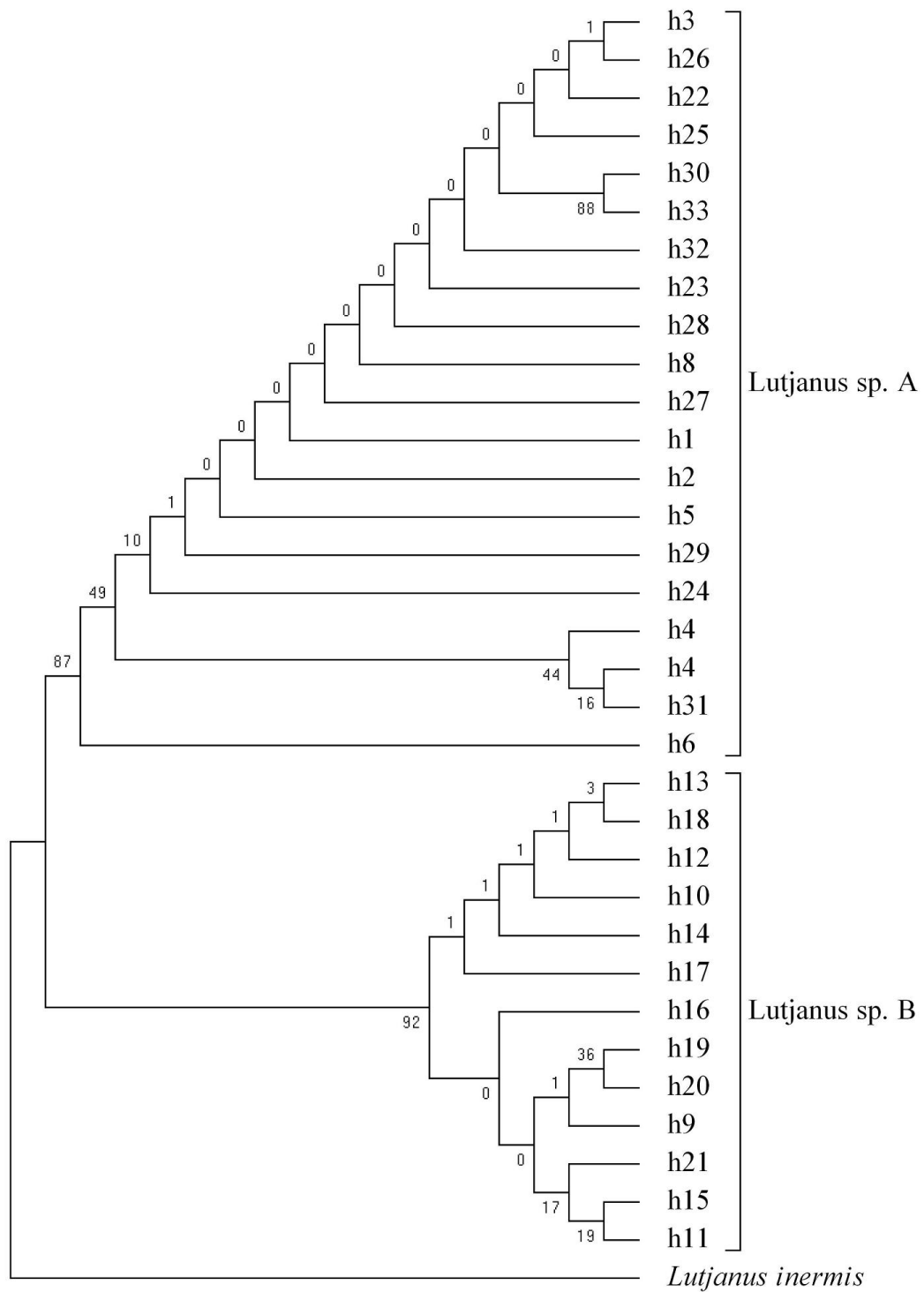


Figura 19. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en pargo lunarejo construido mediante el método de Máxima Parsimonia.

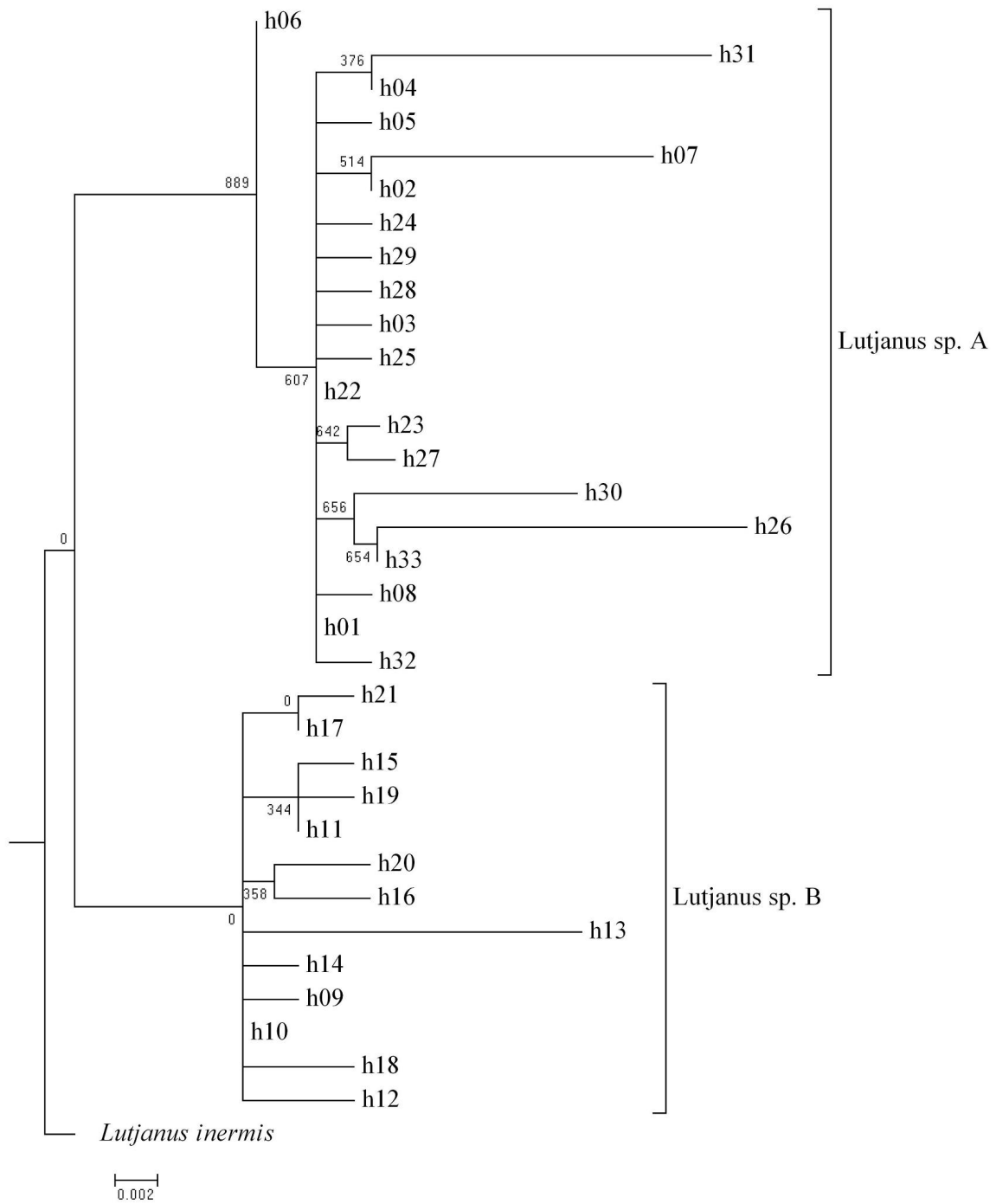


Figura 20. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el pargo lunarejo construido mediante el método de Máxima Verosimilitud.

De igual manera, las relaciones de homología molecular para el chupalodo se evaluaron mediante un árbol de distancia genética Vecino más cercano (Neighbour-Joining) (Fig. 21), de Máxima Parsimonia (Fig. 22) y de Máxima Verosimilitud (Fig. 23). En este caso, se utilizó la secuencia del chupalodo de aleta pinta *Porichthys myriaster* (Gene Bank, No. Acceso: AP006739.1) como grupo externo. Al igual que con el pargo lunarejo, para el chupalodo también ocurre una separación marcada en dos clados donde la rama superior se repite en el 98, 99 y 98 % de las iteraciones respectivamente, en tanto que la rama inferior es consistente en el 99 % de las ocasiones para Vecino mas cercano y Máxima parsimonia en tanto que carece se sustento en Máxima Verosimilitud.

Con base en este resultado se formaron dos grupos de haplotipos, y se estimó la distancia genética entre ellos, $D = 6.0$ (D, Nei):

- Clado superior.- haplotipos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40.
- Clado inferior.- haplotipos 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20

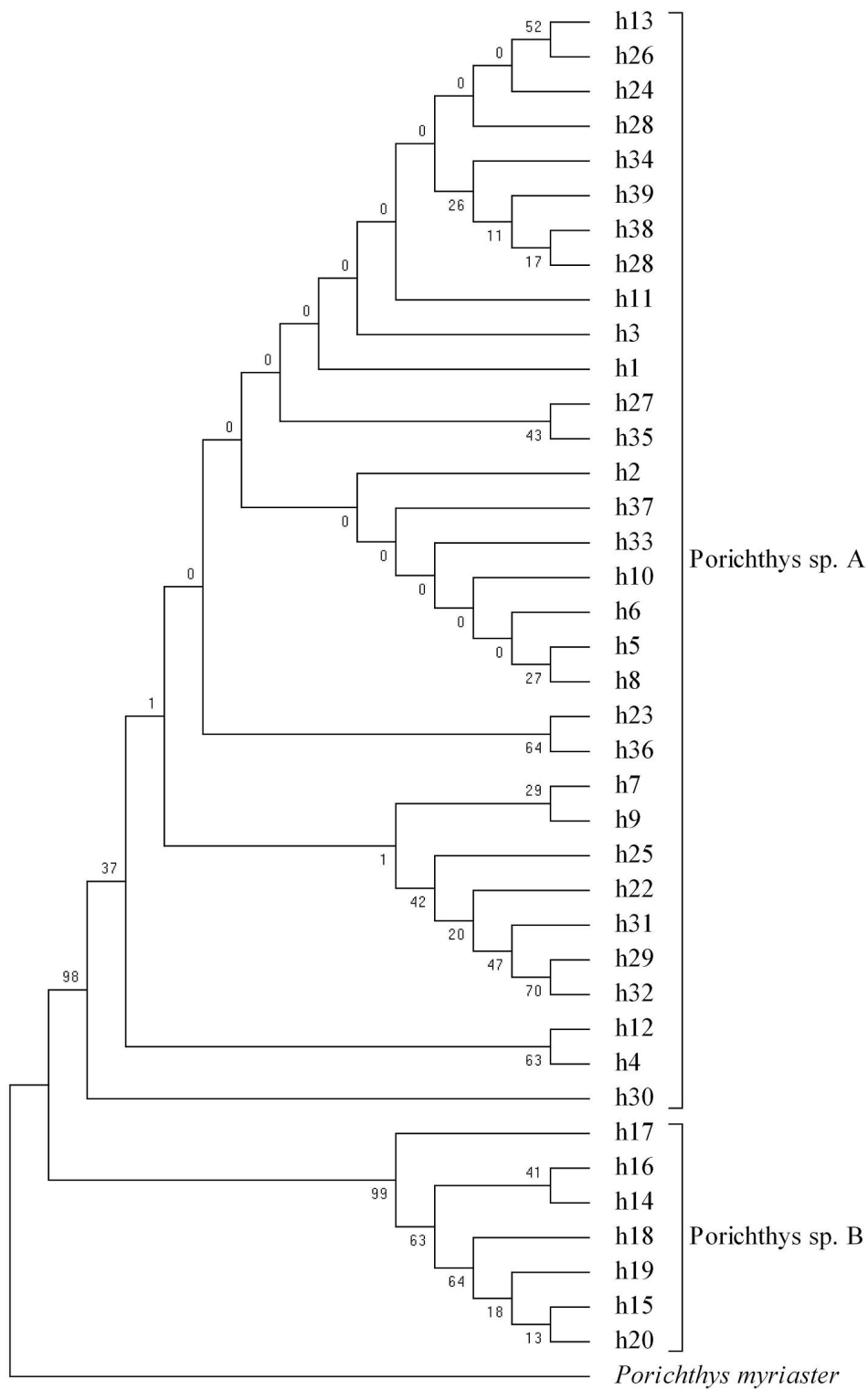


Figura 22. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el chupalodo construido mediante el método de Máxima Parsimonia

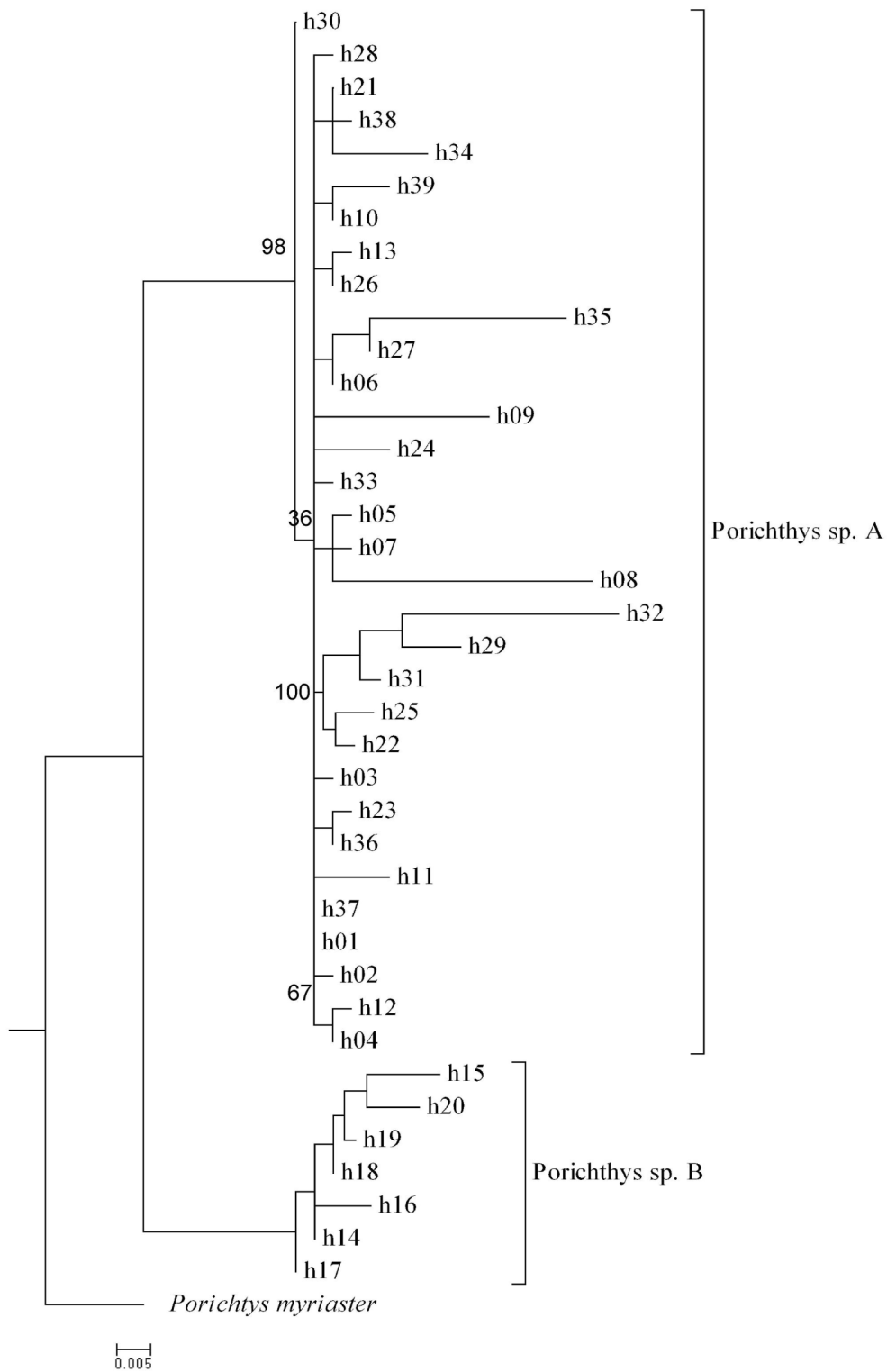


Figura 23. Árbol de homología molecular entre los haplotipos encontrados en el chupalodo construido mediante el método de Máxima Verosimilitud.

Dado que estos valores de separación de clados y distancia genética son muy altos, se hizo una prueba más. Los dos grupos de haplotipos de cada especie, se consideraron estos como si fueran grupos de poblaciones distintas y se efectuó un análisis de varianza molecular (AMOVA) entre ellos mediante el programa ARLEQUIN Ver. 3.1. (Schneider *et al.*, 2000). Se utilizó el modelo evolutivo determinado con Modeltest Ver. 3.7. (Posada y Crandall, 1998). En el caso del pargo lunarejo, el índice de diferenciación es $F_{CT} = 0.8850$ resultando altamente significativo ($P = 0.0007$) y para el chupalodo es $F_{CT} = 0.9180$ aunque su resultado no es significativo ($P = 0.1461$) (tabla XVII)

Tabla XVII. Análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) considerando el índice de fijación (F_{ST}) para los agrupamientos generados a partir de los análisis filogenéticos del pargo lunarejo *Lutjanus* sp. del chupalodo *Porichthys* sp.

Pargo lunarejo <i>Lutjanus</i> sp.						
Agrupamientos	Fuente de varianza	Varianza	Proporción (%)		F_S	P
2 (<i>Lutjanus</i> sp. A)	Entre grupos	3.6480	88.50	F_{CT}	0.8850	0.00079
(<i>Lutjanus</i> sp. B)	Entre poblaciones	-0.0023	-0.06	F_{SC}	-0.0049	0.52030
	Dentro de poblaciones	0.4762	11.55	F_{ST}	0.8844	0.00000
Chupalodo <i>Porichthys</i> sp.						
2 (<i>Porichthys</i> sp. A)	Entre grupos	10.5280	91.81	F_{CT}	0.9180	0.1461
(<i>Porichthys</i> sp. B)	Entre poblaciones	0.0261	0.23	F_{SC}	0.0278	0.0428
	Dentro de poblaciones	0.9135	7.97	F_{ST}	0.9203	0.0000

Con el resultado de éstos análisis se decidió entonces considerar la existencia de dos especies de pargo (*Lutjanus*) y dos especies de chupalodo (*Porichthys*). Por este motivo los posteriores análisis se efectuaron designando dos grupos para cada especies: pargo lunarejo *Lutjanus* sp. A y *Lutjanus* sp. B y chupalodo como *Porichthys* sp A y *Porichthys* sp B,

siendo los grupos con un mayor número de haplotipos (clado superior), los designados como A, y los designados como B a los del grupo con menor número de haplotipos (clado inferior).

6.2.4. Redistribución de haplotipos

Considerando lo expuesto anteriormente (los resultados de los análisis de relaciones y filogenia entre secuencias y entre haplotipos) se efectuó la redistribución de los haplotipos en dos especies para el pargo lunarejo y dos especies para el chupalodo. En la tabla XVIII se muestra la lista de los 19 haplotipos encontrados en pargo lunarejo sp. A (*Lutjanus sp. A*). La composición de nucleótidos en promedio fue: T = 19.3 %, C = 27.1 %, A = 30.5 % y G = 23.1 %. A partir del análisis de las secuencias se detectaron 354 sitios conservados, 34 sitios variables, 4 sitios parsimoniosamente informativos y 30 sustituciones simples o singletons.

Cerca del 66 % de los organismos comparten el haplotipo h1, el 16 % el haplotipo h4 (el segundo más frecuente) y, el resto, presentan frecuencias cercanas al 1 %. (Tabla XIX). Los haplotipos se distribuyen en las localidades de San Jorge (n = 11), El Desemboque (n = 6) y Guaymas (n = 4) en Sonora; Cruz de Huanacastle (4) y Jaltemba (12) en Nayarit; Vallarta (n = 35) en Jalisco y Manzanillo (n = 47) en Colima.

Tabla XVIII. Lista de los haplotipos encontrados después de la reagrupación, en la secuencia del gen 16S ribosomal del pargo lunarejo *Lutjanus sp. A*. Los puntos indican identidad con el haplotipo 1. *Delección en el sitio 29.

Haplotipo	Identificación y posición de los sitios variables						
	111	1133344445	5567778990	1	1111111112	2222222223	3333
	1235789013	5713834681	3450684389	0124249990	3909048476	8848	
h1	GCGGATATTA	AACAGAGCCA	ACACACGACA	TCGGTTTATA	CTCCAGGGGG	GACG	
h2T.....
h3C...
h4A...
h5G..
h6C..
h7AG..	.T..G...	..A.....	.T..
h8T.....
h22*
h23	.AC.....
h24C...
h25C.
h26	...TAT...	...CGT...A.....A	..G.
h27	C.....
h28A...
h29	..A.....
h30	...T.....T	...A...T
h31A...	G..A.....	A...T..A..	A...
h32A.
h33	...G.....

En la tabla XX se muestra la lista de haplotipos del pargo lunarejo sp. B (*Lutjanus sp. B*). La composición de nucleótidos de las secuencias analizadas en promedio fue: T = 19.2 %, C = 27.3 %, A = 30.2 % y G = 23.2 %. A partir del análisis de las secuencias se detectaron 370 sitios conservados, 18 sitios variables, 3 sitios parsimoniosamente informativos y 15 sustituciones simples o singletons. Se detectaron 13 haplotipos, de los que el mas común es el h10 y es compartido por el 74 % de los organismos, el segundo mas frecuente fue el h11

y solo es compartido por el 8 % de los individuos, y el resto comprende frecuencias cercanas al 1 %. Las secuencias obtenidas corresponden a las localidades de: Kino (n = 17), Guaymas (n = 1) y Punta Colorada (n = 14) en Sonora; El tambor (n= 31) en Sinaloa; San Blas (n = 6) y Cruz de Huanacastle (n = 5) en Nayarit (Tabla XXI).

Tabla XIX. Distribución de los haplotipos de ANDmt del gen 16S de pargo lunarejo *Lutjanus* sp. A encontrados por localidad.

Haplotipo	Localidad															
	SJ		DB		GY		CX		VT		JL		MZ		Total	
	n	F %	n	F %	n	F %	n	F %	n	F %	n	F %	n	F %	n	F %
	11	100.00	6	100.00	4	100.00	4	100.00	35	100.00	12	100.00	47	100.00	119	100.00
h1	7	63.64	1	16.67	4	100.00	1	25.00	27	77.14	12	100.00	27	57.45	79	66.39
h2	1	9.09													1	0.84
h3	1	9.09													1	0.84
h4	2	18.18	1	16.67			1	25.00	3	8.57			13	27.66	20	16.81
h5			1	16.67											1	0.84
h6			1	16.67									1	2.13	2	1.68
h7			1	16.67											1	0.84
h8			1	16.67											1	0.84
h22							1	25.00							1	0.84
h23							1	25.00							1	0.84
h24									1	2.86					1	0.84
h25									1	2.86					1	0.84
h26									1	2.86					1	0.84
h27									1	2.86					1	0.84
h28									1	2.86					1	0.84
h29													1	2.13	1	0.84
h30													1	2.13	1	0.84
h31													1	2.13	1	0.84
h32													1	2.13	1	0.84
h33													2	4.26	2	1.68

Notación: SJ, San Jorge; DB, El Desemboque; GY, Guaymas; CX, Cruz de Huanacastle; VT, Vallarta; JL, Jaltemba; MZ, Manzanillo.

Tabla XX. Lista de los haplotipos encontrados después de la reagrupación, en la secuencia del gen 16S y los sitios variables en el pargo lunarejo *Lutjanus* sp. B. Los puntos indican identidad con el haplotipo 9 (h9).

Haplotipo	Identificación y posición de los sitios variables
	23 1111334 45567948 1251357136 83456848
h9	GCGTTAACAC CACAACGG
h10A.....
h11A.....G...
h12A...T.A.
h13A..T.T TTTC....
h14A.....T..
h15A.....G..A
h16	T...A.C...
h17AG.....
h18	..ACA.....
h19	C...A.....G...
h20	CG..A.....
h21AG.....G...

Tabla XXI. Distribución de los haplotipos por localidad de ANDmt del gen 16S de pargo lunarejo *Lutjanus* sp. B.

Haplotipo	Localidad							Total						
	KN	GY	PC	TB	SB	CX	F %							
	17	100.00	1	100.00	14	100.00	31	100.00	6	100.00	5	100.00	74	100.00
h9	2	11.76											2	2.70
h10	13	76.47	1	100.00	12	85.71	19	61.29	5	83.33	5	100.00	55	74.32
h11	2	11.76			2	14.29	1	3.23	1	16.67			6	8.11
h12							1	3.23					1	1.35
h13							1	3.23					1	1.35
h14							1	3.23					1	1.35
h15							2	6.45					2	2.70
h16							1	3.23					1	1.35
h17							1	3.23					1	1.35
h18							1	3.23					1	1.35
h19							1	3.23					1	1.35
h20							1	3.23					1	1.35
h21							1	3.23					1	1.35

Notación: KN, Kino; GY, Guaymas; PC, Punta Colorada; TB, El Tambor; SB, San Blas; CX, Cruz de Huanacastle.

En la tabla XXII se muestra la lista de haplotipos encontrados *Porichthys* sp. A, en la que se indica la posición de los sitios variables. Se detectaron 306 sitios conservados, 64 sitios variables, 19 sitios parsimoniosamente informativos y 45 sustituciones simples o singletons. La composición de nucleótidos de las secuencias analizadas en promedio fue: T = 24.9 %, C = 21.7 %, A = 33.7 % y G = 19.7 %. Conforman en total 29 haplotipos, del que el más común (h1) es compartido por el 62 % de los organismos, el segundo en importancia (h21) lo comparten el 8.9 % de los organismos y el resto se comparten con bajas frecuencias. Los haplotipos obtenidos se distribuyen en las localidades de Isla Miramar (n = 5) y San Felipe (n = 40) en Baja California; El Colorado (n = 9) y Lobos (n = 12) en Sonora; y finalmente Topolobampo (n = 38) y Chametla (n = 31) en Sinaloa (Tabla XXIII).

En *Porichthys* sp. B se encontraron un total de siete haplotipos (Tabla XXIV), el más común (h14) es compartido por el 70 % de los organismos, el segundo en importancia (h17) por el 10 % y, el resto en frecuencias cercanas al 3 %. Todos los haplotipos corresponden a la localidad de Kino (30) en Sonora (Tabla XXIV). La composición de nucleótidos de las secuencias analizadas en promedio fue: T = 24.4 %, C = 22.1 %, A = 33.7 % y G = 19.7 %. A partir del análisis de las secuencias se detectaron 358 sitios conservados, 12 sitios variables, 3 sitios parsimoniosamente informativos y 9 sustituciones simples o singletons.

Tabla XXII. Lista de los haplotipos después de la preagrupación, en la secuencia del gen 16S ribosomal de *Porichthys* sp. A. Los puntos indican identidad con el haplotipo 1 (h1).

Haplotipo	Identificación y posición de los sitios variables									
	111 1111111111 1111112222 2222222222 222223333									
	111 1111222333 4455666667 7778889011 2444556667 7899990000 0123344445 556682367									
	1234679123 5679158026 0903035780 2390575947 2235390231 7901240123 5001902454 592782220									
h1	GCAGAAGAGA	ACTCAGGGAC	TAAAGTCTCA	ATAGTCTAGT	TAATTCGCAT	GTCTAGGCAT	CCGGAGGAAA	ATCGGTTGA		
h2T.....		
h3T		
h4		A.
h5	..C...T.		
h6T.A.		
h7T.A	..C.....		
h8T.A.	..C.....A	AT.....T.GAAGT	G..TATC.AG	..A...AG	A..C.....		
h9	..A.....C...CTG	A.CC.....	..G.C.....C...		
h10		A.
h11G.G.G.G.A.		
h12C.		A.
h13T.....C		
h21C		
h22	..T.....	A.....		
h23C.....C.....		
h24	..C..G...	..C...CAC		G
h25	..CT.....C.		
h26T.....T		
h27G.T.A.C.		
h28	C.....		
h29	..ACGATA..G.	..CC.C.A.A.		
h30A.....		
h31	..TC..C.		
h32	CGCG..C...	CG.....	..C..C.	?..C...G.	A.....G.	T...A...		

Tabla XXIII. Distribución de los haplotipos de ANDmt del gen 16S por localidad en *Porichthys* sp. A.

Haplotipo	Localidad													
	I M	(%)	S F	(%)	C L	(%)	L B	(%)	T P	(%)	CH	(%)	Total	(%)
	5	100.00	40	100.00	9	100.00	12	100.00	38	100.00	31	100.00	135	100.00
h1	3	60.00	26	65.00	5	55.56	8	66.67	26	68.42	16	51.61	84	62.22
h2	1	20.00	1	2.50					1	2.63			3	2.22
h3	1	20.00											1	0.74
h4			4	10.00									4	2.96
h5			1	2.50									1	0.74
h6			1	2.50									1	0.74
h7			1	2.50									1	0.74
h8			1	2.50									1	0.74
h9			1	2.50									1	0.74
h10			1	2.50									1	0.74
h11			1	2.50									1	0.74
h12			1	2.50									1	0.74
h13			1	2.50	1	11.11	1	8.33					3	2.22
h21					1	11.11			3	7.89	8	25.81	12	8.89
h22					1	11.11							1	0.74
h23					1	11.11							1	0.74
h24							1	8.33					1	0.74
h25							1	8.33					1	0.74
h26							1	8.33					1	0.74
h27									1	2.63			1	0.74
h28									1	2.63	1	3.23	2	1.48
h29									1	2.63			1	0.74
h30									2	5.26			2	1.48

Haplotipo	Localidad											
	IM (%)	SF (%)	CL (%)	LB (%)	TP (%)	CH (%)	Total (%)					
	5	40	9	12	38	31	135	100.00				
h31					1		1	0.74				
h32					1		1	0.74				
h33					1		1	0.74				
h34						1	1	0.74	3.23			
h35							1	0.74	3.23			
h36							1	0.74	3.23			
h37							1	0.74	3.23			
h38							1	0.74	3.23			
h39							1	0.74	3.23			

Notación: IM, Isla Miramar; SF, San Felipe; CL, El Colorado; LB, Lobos; TP, Topolobampo; CH, Chametla.

Tabla XXIV. Lista de los haplotipos y de ADNmt de la sección del gen 16S y su distribución (Kino), encontrados en *Porichthys* sp. B. Los puntos indican identidad con el haplotipo 14 (h14).

Haplotipo	Identificación y posición de sitios variables	Localidad	
		n	F %
	1 1122 32 1234672318 62	Kino	
		30	100.00
h14	GCAGAAGAAG CC	21	70.00
h15	GCTA.GATT. ..	1	3.33
h16T....C T.	1	3.33
h17T	3	10.00
h18G..... ..	2	6.67
h19	...T.G..... ..	1	3.33
h20	ATGA.G..... ..	1	3.33

6.2.5. Diversidad genética y neutralidad

Los parámetros descriptivos de diversidad genética para ambas especies de pargo lunarejo *Lutjanus* se muestran en la tabla XXV. Para *Lutjanus* sp. A, el mayor número de haplotipos se presenta en El Desemboque (6), Vallarta (7) y Manzanillo (8), siendo mas alto El Desemboque (en relación con el número de secuencias analizadas). La diversidad haplotípica en general, con excepción de El Desemboque (1.0000), no es muy elevada, siendo en promedio de 0.5253. El valor promedio de las diferencias entre todos los pares de haplotipos (promedio de diferencias apareadas) fue de 1.0876 (± 0.7278), correspondiendo el valor mas alto a la Cruz de Huanacastle (3.3254 ± 1.9820). Valores de cero (0.0000) se presentan en Guaymas y Jaltemba, debido a la escasez de secuencias y, por tanto, de haplotipos. La diversidad nucleotídica (π) presenta un valor total de 0.0028 (± 0.0022), siendo El Desemboque la localidad en la que se observó el valor mas alto (0.0059) y las

localidades Guaymas y Jaltemba con valor de cero (0.0000), fueron las que presentaron los valores mas bajos.

Tabla XXV. Parámetros descriptivos de la variabilidad genética de pargo lunarejo *Lutjanus* sp. para las distintas localidades.

<i>Lutjanus</i> sp. A									
Localidad	n	nh	S	H	± std.	k	± std.	π	± std.
San Jorge	11	4	3	0.6000	0.1539	0.7061	0.5734	0.0018	0.0017
Desemboque	6	6	9	1.0000	0.0962	3.3254	1.9820	0.0086	0.0059
Guaymas	4	1	0	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Cruz de Huanacastle	4	4	4	1.0000	0.1768	1.5293	1.1377	0.0039	0.0035
Vallarta	35	7	14	0.4050	0.1030	0.9503	0.6661	0.0024	0.0019
Jaltemba	12	1	0	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Manzanillo	47	8	14	0.6022	0.0612	1.1025	0.7350	0.0028	0.0021
Total	119	31	44	0.5153	0.0844	1.0876	0.7278	0.0028	0.0022

<i>Lutjanus</i> sp. B									
	n	nh	S	H	± std.	k	± std.	π	± std.
	17	3	2	0.4118	0.1355	0.4858	0.4393	0.0013	0.0013
Guaymas	1	1	0	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Punta Colorada	14	2	1	0.2637	0.1360	0.3005	0.3322	0.0008	0.0010
El Tambor	31	12	18	0.6301	0.1015	2.1759	1.2388	0.0056	0.0036
San Blas	6	2	1	0.3333	0.2152	0.3798	0.4111	0.0010	0.0012
Cruz de Huanacastle	5	1	0	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Total	17	21	22	0.4398	0.0980	0.5570	0.4036	0.0014	0.0012

Notación: n, número de especímenes o secuencias; nh, número de haplotipos; S, número de sitios polimórficos; H, diversidad génica o haplotípica; k, diferencias pareadas promedio; π , diversidad nucleotídica.

Para *Lutjanus* sp. B, el mayor número de haplotipos se presentó en El Tambor (12), así como la mayor cantidad de sitios polimórficos (18). Descartando Guaymas, de la que solo se obtuvo una secuencia, la diversidad haplotípica también es regular (0.4398), presentándose en Kino el valor más alto (0.4118). Las diferencias pareadas presentan un valor promedio de 0.5570 (\pm 0.4036) entre todos los pares de haplotipos; mientras que los sitios con escaso o nulo polimorfismo, poseen valores de cero (0.0000). La diversidad

nucleotídica (π) es casi la mitad (0.0014 ± 0.0012) que la presentada para *Lutjanus* sp. A y, nuevamente, el mayor valor corresponde a la localidad de El Tambor (0.036).

Los estimadores de variabilidad genética para las especies de chupalodo *Porichthys* se muestran en la tabla XXVI. Para *Porichthys* sp. A, las localidades con mayor número de haplotipos fueron San Felipe (12) y Topolobampo (10). La diversidad haplotípica, en general, presenta valores de medianos a elevados siendo en promedio de 0.6312, siendo Chametla la localidad en la que se observó el valor más alto (0.6817). El promedio de las diferencias entre todos los pares de haplotipos (promedio de diferencias pareadas) fue de 1.7054 (± 0.7278), correspondiendo el valor más alto a la localidad Cruz de Huanacastle (3.3254 ± 1.9820) y los valores más bajos (0.0000) se presentaron en las localidades Guaymas y Jaltemba, por la escasez de haplotipos. La diversidad nucleotídica (π) total fue de 0.0046 (± 0.0032), presentándose el valor más alto en San Felipe 0.0062 (± 0.0038) y el más bajo en la Isla Miramar 0.0022 (± 0.0022).

Porichthys sp. B está representado únicamente en la localidad de Kino. A pesar del tamaño de muestra, en esta localidad se presenta un número moderado de haplotipos (7), y la diversidad haplotípica es menor que la mostrada por *Porichthys* sp. A (0.5080). La cantidad de sitios polimórficos es regular, y su diversidad nucleotídica es relativamente alta (0.0046).

Tabla XXVI. Parámetros descriptivos de la variabilidad genética del chupalodo *Porichthys* sp. para las distintas localidades.

<i>Porichthys</i> sp. A									
Localidad	n	nh	H	± Std.	S	k	± Std.	π	± Std.
Isla Miramar	5	3	0.7000	0.2184	2	0.8169	0.6913	0.0022	0.0022
San Felipe	40	12	0.5756	0.0918	35	2.2881	1.2817	0.0062	0.0038
El Colorado	9	5	0.7222	0.1592	7	1.6138	1.0504	0.0044	0.0032
Lobos	12	5	0.5758	0.1634	8	1.6759	1.0554	0.0045	0.0032
Topolobampo	38	10	0.5320	0.0972	23	1.8728	1.0953	0.0051	0.0033
Chametla	31	9	0.6817	0.0732	21	1.9648	1.1428	0.0053	0.0034
Total	135	44	0.6312	0.1339	96	1.7054	1.0528	0.0046	0.0032

<i>Porichthys</i> sp. B									
Kino	n	nh	H	± Std.	S	k	± Std.	π	± Std.
Kino	30	7	0.5080	0.1076	12	1.7089	1.0265	0.0046	0.0031

Notación: n, número de especímenes o secuencias; nh, número de haplotipos; S, número de sitios polimórficos; H, diversidad génica o haplotípica; k, diferencias pareadas promedio; π , diversidad nucleotídica.

La prueba de neutralidad, D de Tajima (tabla XXVII), resulta en valores negativos en prácticamente todas las localidades para *Lutjanus* sp. A; lo mismo puede decirse para *Lutjanus* sp. B. El análisis del total, muestra también un valor negativo, no obstante, el valor de probabilidad de la prueba es de 0.3723 para el *Lutjanus* sp. A y de 0.4593 para el *Lutjanus* sp. B. por lo que no es significativa ($P > 0.05$).

Para el caso de *Porichthys* sp. A, la prueba de neutralidad (D de Tajima) (Tabla XXVII) presentan un valor negativo en todas las localidades; los valores resultan significativos ($P < 0.05$) para todas las localidades excepto para Isla Miramar y Lobos. No obstante, la prueba global, aunque posee un valor negativo, carece de significancia estadística ($P = 0.0709$). *Porichthys* sp. B esta representado únicamente en Kino, calculándose un valor de neutralidad (D de Tajima) negativo (-1.8316), pero estadísticamente significativo ($P < 0.05$).

Tabla XXVII. Valores de la prueba de neutralidad D de Tajima para las especies de *Lutjanus* y *Porichthys*.

<i>Lutjanus</i> sp. A			<i>Porichthys</i> sp. A		
Localidad	D Tajima	P	Localidad	D Tajima	P
San Jorge	-1.1139	0.1970	Isla Miramar	-0.9726	0.1983
El Desemboque	-1.1206	0.1715	San Felipe	-2.6096	0.0000
Guaymas	0.0000	1.0000	El Colorado	-1.7666	0.0150
Cruz de Huanacastle	-0.7545	0.2325	Lobos	-1.5723	0.0543
Vallarta	-2.3753	0.0006	Topolobampo	-2.3310	0.0012
Jaltemba	0.0000	1.0000	Chametla	-2.1246	0.0035
Manzanillo	-2.0392	0.0044	Total	-1.8961	0.0454
Total	-1.0576	0.3723			

<i>Lutjanus</i> sp. B			<i>Porichthys</i> sp. B		
Localidad	D Tajima	P	Localidad	D Tajima	P
Kino	-0.6348	0.2707	Kino	-1.83164	0.0141
Guaymas	0.0000	1.0000			
Punta Colorada	-0.3414	0.2293			
El Tambor	-2.1590	0.0031			
San Blas	-0.9330	0.2610			
Cruz de Huanacastle	0.0000	1.0000			
Total	-0.6781	0.4593			

6.2.6. Estructura genética

La prueba exacta de diferenciación entre poblaciones, análoga a la prueba exacta de Fisher (Raymond y Rousset, 1995) no dio resultados significativos para ninguna de las dos especies de pargo lunarejo, por lo que los haplotipos se distribuyen al azar entre las poblaciones o localidades. En lo que respecta a los valores de F_{ST} únicamente resulta significativo en una de las comparaciones pareadas, -El Desemboque vs. Jaltemba ($F_{ST} = 0.0187$, $P = 0.0009$) en *Lutjanus* sp. A (Tabla XXVIII). El resto si bien presenta valores de hasta 0.2907, no son estadísticamente significativos.

Tabla XXVIII. Valores pareados de F_{ST} (bajo la diagonal) y valores de significancia estadística (sobre la diagonal) para la comparación entre poblaciones de pargo lunarejo *Lutjanus sp. A*.

<i>Lutjanus sp. A</i>							
	SJ	DB	GY	CX	VT	JL	MZ
SJ		0.3050	0.7475	0.5376	0.5537	0.0367	0.5610
DB	0.0187		0.7289	0.8420	0.1377	0.0009 *	0.1458
GY	-0.0846	-0.0490		0.9999	0.9999	0.9999	0.4981
CX	-0.0047	-0.0758	-0.0030		0.1966	0.0501	0.3734
VT	-0.0173	0.1237	-0.1352	0.0282		0.9095	0.0206
JL	0.0586	0.1655	0.0000	0.2907	-0.0324		0.0921
MZ	-0.0187	0.0744	-0.0422	-0.0170	0.0366	0.0551	

<i>Lutjanus sp. B</i>						
	KN	GY	PC	TB	SB	CX
KN		0.9999	0.6415	0.8908	0.8165	0.9999
GY	-0.8834		0.9999	0.9999	0.9999	0.9999
PC	-0.0273	-0.8462		0.9954	0.9999	0.6007
TB	-0.0220	-0.9915	-0.0459		0.9999	0.9745
SB	-0.0802	-1.0000	-0.1326	-0.1023		0.9999
CX	-0.0571	0.0000	-0.0358	-0.1055	-0.0345	

Notación: * Valores significativos luego del análisis secuencial de Bonferroni (Rice, 1989). CX, Cruz de Huanacastle; DB, El Desemboque; GY, Guaymas; JL, Jaltemba; KN, Kino; MZ, Manzanillo; PC, Punta Colorada; SB, San Blas; SJ, San Jorge; VT, Vallarta.

En el caso de *Porichthys sp. A*, la prueba exacta de diferenciación resulta ser no significativa, por lo que los haplotipos se distribuyen a azar entre las poblaciones o localidades. El resultado de las comparaciones pareadas indicadas por los valores de F_{ST} , son significativas únicamente en dos casos: entre San Felipe vs. Chametla ($F_{ST} = 0.0644$, $P = 0.0000$) y Topolobampo vs. Chametla ($F_{ST} = 0.0395$, $P = 0.0017$) (Tabla XXIX).

Tabla XXIX. Valores pareados de F_{ST} (bajo la diagonal) y valores de significancia estadística (sobre la diagonal) para la comparación entre poblaciones de chupalodo *Porichthys sp.*

<i>Porichthys sp. A</i>						
	IM	SF	CL	LB	TP	CH

IM	0.5664	0.8301	0.5066	0.5191	0.3125
SF	-0.0615		0.4462	0.3638	0.0084 0.0000 *
CL	-0.0283	-0.0100		0.7747	0.4396 0.3077
LB	-0.0136	0.0095	-0.0272		0.2465 0.0101
TP	-0.0518	0.0116	-0.0104	0.0120	
CH	0.0163	0.0644	0.0155	0.0761	0.0395

Notación: *, Valores significativos luego del análisis secuencial de Bonferroni (Rice, 1989). CH, Chametla; CL, El Colorado; IM, Isla Miramar; LB, Lobos; SF, San Felipe; TP, Topolobampo.

Posteriormente, los arreglos iniciales para el análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) se hicieron intentando agrupar localidades con base en la división del Golfo de California en Norte, Centro y Sur. No obstante, se obtuvieron resultados no significativos y valores de diferenciación entre grupos (F_{CT}) cercanos a cero. Se hicieron arreglos posteriores considerando cercanía geográfica y la distribución de los haplotipos entre las localidades, tratando de maximizar empíricamente el valor de F_{CT} de acuerdo a Dupanloup *et al.* (2002). Los resultados de la prueba de varianza molecular (AMOVA) para las dos especies de *Lutjanus* (A y B) se muestran en la tabla XXX.

En el caso del pargo lunarejo sp A el valor del índice de fijación es $F_{ST} = 0.0260$ y para el pargo lunarejo sp. B es $F_{ST} = -0.0542$ y el valor de probabilidad no resulta significativo ($P = 0.15$, $P = 0.71$, respectivamente); en todo caso existe mayor variación dentro de las poblaciones que la que se presenta entre ellas.

Tabla XXX. Análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) considerando el índice de fijación de Wright (F_{ST}) para los agrupamientos mostrados entre localidades de distribución de pargo lunarejo *Lutjanus* sp.

<i>Lutjanus</i> sp. A					
Agrupamientos	Fuente de varianza	Varianza	Proporción (%)	Fs	P

6 (SJ, GY)	Entre grupos	0.07289	14.29	F _{SC}	-0.1363	0.4538
(DB) (CX)	Entre poblaciones	-0.05959	-11.68	F _{ST}	0.0260	0.1584
(JL) (VT)	Dentro de poblaciones	0.49687	97.39	F _{CT}	0.1428	0.1426
(MZ)						

Lutjanus sp. B

2 (GY, PC, DB,	Entre grupos	0.0378	6.88	F _{SC}	-0.1321	0.7122
CX, KN)	Entre poblaciones	-0.0676	-12.3	F _{ST}	-0.0542	0.9999
(TB)	Dentro de poblaciones	0.5799	105.42	F _{CT}	0.0688	0.1625

Notación: SJ, San Jorge; DB, El Desemboque; KN, Kino; GY, Guaymas; PC, Punta Colorada; SB, San Blas; JL, Jaltemba; CX, Cruz de Huanacaxtle; VT, Vallarta; MZ, Manzanillo.

En el segundo caso, se considera solamente *Porichthys sp. A*, ya que la segunda especie (*Porichthys sp. B*) únicamente se ubicó en una localidad. De manera similar, el arreglo inicial considerando la posibilidad de división en Norte, Centro y Sur, no aplica, pues se obtienen valores de F_{ST} muy bajos y no significativos. Posteriormente, el arreglo basado en distancia geográfica y distribución de los haplotipos en las localidades dio los resultados mostrados en la tabla XXXI.

Tabla XXXI. Análisis de varianza molecular jerárquico (AMOVA) considerando el índice de fijación (F_{ST}) para los agrupamientos entre localidades de distribución de *Porichthys sp. A*.

Porichthys sp. A

Agrupamientos	Fuente de varianza	Varianza	Proporción (%)		F _s	P
3 (IM, SF)	Entre grupos	0.04787	4.74	F _{SC}	-0.0166	0.2277
(CL, LB, TP)	Entre poblaciones	-0.01597	-1.58	F _{ST}	0.0316	0.0454*
(CH)	Dentro de poblaciones	0.97708	96.84	F _{CT}	0.0474	0.0190*

Notación: * Valores significativos (P < 0.05). IM, Isla Miramar; SF, San Felipe (Baja California); CL, El Colorado; LB, Lobos (Sonora); TP, Topolobampo; CH, Chametla (Sinaloa).

El valor de F_{ST} es de 0.031 y significativo estadísticamente (P = 0.045), por lo que se obtiene un arreglo en tres grupos: uno mas al norte formado por la Isla Miramar y San

Felipe (Baja California), otro central constituido por El Colorado, Lobos (Sonora) y Topolobampo (Sinaloa) y, finalmente, uno mas al sur formado por Chametla, Sinaloa.

7. DISCUSIÓN

7.1. Distribución de chupalodo y pargo lunarejo

La presencia del chupalodo se reporta desde Bahía Magdalena, en la costa del Pacífico de Baja California Sur, hasta la costa sur de Jalisco (Provincia de Cortéz y Brecha de Sinaloa) (Robertson y Allen, 2002; Ruíz-Ramírez *et al.*, 1997) considerándose endémico del Pacífico Oriental Tropical. En el caso del pargo lunarejo, su distribución abarca prácticamente toda la costa del Pacífico tropical de América, es endémico de la región del Pacífico Oriental Tropical en la zona de la Provincia de Cortéz y Brecha de Sinaloa. De esta manera, la disponibilidad de ambas especies, estuvo limitada a áreas relativamente pequeñas dentro de lo que sería el intervalo de su distribución debido a las características de la red, los métodos de pesca de arrastre y que las muestras de FAC provienen únicamente de las áreas más intensamente pescadas. La pesca de camarón se efectúa hasta unos 70 m de profundidad y la distribución batimétrica de chupalodo podría ir fácilmente hasta los 300 m de profundidad. Y aun cuando los jóvenes de pargo lunarejo no dependen estrictamente de lagunas costeras, pueden habitar en ellas (Martínez-Andrade, 2003) y su dieta basada en crustáceos y peces (Rojas-Herrera, 2004; Saucedo-Lozano y Chiappa-Carrara, 2000), podría también extender su hábitat hacia zonas de fondos rocosos. En ambos ambientes la pesca industrial de camarón (en México) no se lleva a cabo, por estar prohibida en el primer caso, y por el daño que se ocasionaría a las redes en el segundo.

7.2. Parámetros poblacionales del chupalodo

7.2.1. Relaciones biométricas del chupalodo

Respecto a la relación entre longitud y peso, se considera que los organismos presentan un crecimiento alométrico si el coeficiente potencial es diferente de 3, e isométrico si es igual a 3. En el chupalodo *P. analis* éste coeficiente es prácticamente igual a 3 por lo que podemos afirmar que presenta un crecimiento isométrico. En otras especies como el sapo luminoso *P. margaritatus* (Batrachoididae) que alcanza tallas similares a las del chupalodo, los coeficientes de dicha relación son $a = 0.0069$ y $b = 3.19$ (Ruiz-Ramírez *et al.* 1997); y algo similar sucede con el chupalodo del Atlántico *P. porossisimus*, con valores de $a = 0.0049$, $b = 3.12$ (Vianna *et al.*, 2000). Si bien, para una buena representatividad de esta relación son suficientes unos pocos individuos, necesitan estar distribuidos en todo el intervalo de tallas y durante todas las temporadas de año (Froese, 2006). En nuestro caso, a pesar de que esta especie es de tamaño relativamente pequeño, tallas muy cercanas a los 40 cm se han obtenido a profundidades más altas (~ 300 m), en cruceros que evalúan el camarón de profundidad (Acevedo-Cervantes, 2009).

7.2.2. Estructura de tallas del chupalodo

Las estructuras de tallas se elaboraron para cada región y se compararon entre sí resultando distintas entre ellas. La región central del Golfo de California presenta los organismos de mayores tallas, lo que puede deberse a variaciones particulares en los rasgos o caracteres de historia de vida de la especie, como pueden ser, crecimiento o mortalidad diferencial, entre otras. Así por ejemplo, la proporción de organismos sexualmente maduros es mayor de octubre a febrero. Cabe señalar que aparecen algunos organismos maduros en agosto, que son los que presentaron las mayores tallas y podrían ser los que generan las diferencias

observadas. En contraparte, no se tienen representados los meses de abril a julio (periodo de veda del camarón), lo que no permite un panorama realmente completo. Otra posibilidad que permitiría explicar las diferencias observadas, es que se deban a efectos aleatorios con lo que la posibilidad de discriminar grupos poblacionales requeriría de la estimación de otros parámetros como sería, por ejemplo, el crecimiento.

7.2.3. Crecimiento, longevidad y mortalidad del chupalodo

En lo referente al crecimiento del chupalodo, la comparación entre las curvas de cada región, no mostró diferencias. Por lo tanto, los parámetros obtenidos reflejan el crecimiento para las tres zonas en conjunto, estimando una tasa mas lenta de lo esperado inicialmente ($K = 0.5$), alcanzando también una talla mayor de lo supuesto ($L_{\infty} = 352$ mm LE). Dadas las características de la red de pesca de camarón, se capturan organismos de tamaño muy pequeño independientemente de la talla máxima de la especie. No obstante la muestra biológica contiene individuos de tallas considerables de modo tal que la talla del organismo más grande capturado es mayor que la reportada previamente para la especie (Collete *et al.*, 1995; Robertson y Allen, 2002). En otras especies de esta familia, se han reportado tallas máximas observadas de 30 cm para el sapo aleta lucía *P. notatus* y 32 cm en el chupalodo del Atlántico *P. porosisimus* (Froese y Pauly, 2006). En tanto que se han calculado parámetros de crecimiento en el bagre sapo *O. tau* $L_{\infty} = 37.9$ cm, $K = 0.16$ y sapo boquiblanca *O. beta* $L_{\infty} = 30$ cm, $K = 0.22$. (Serafy *et al.*, 1997); así como una longevidad estimada en siete años para del sapo aleta lucía *P. notatus* (Garrison y Miller, 1982). De esta manera, las estimaciones del crecimiento del chupalodo, son parecidas a las especies de mayor talla dentro de la familia Batrachoididae.

Los valores obtenidos de mortalidad por pesca son altos. La flota pesquera de camarón opera principalmente en las costas de Sonora, Sinaloa, en una pequeña porción de Baja California y Nayarit, y está limitada a sustratos arenosos y profundidades de hasta 70 m. En tanto que la distribución latitudinal (Roberston y Allen, 2002; Ruíz-Ramírez *et al.*, 1997) y batimétrica del chupalodo (Lopez-Martínez, Com. Pers. CIBNOR, Unidad Guaymas) incluye zonas no sujetas a la acción de pesca de arrastre, y se desconoce la proporción de la población que no es afectada. Así mismo, el método utilizado (curva de captura linealizada basada en tallas), considera que la muerte de los organismos de la población a través del tiempo, se deben al efecto de la pesca. Este problema se presenta en la evaluación de poblaciones donde no se tiene acceso a la mayoría de las mismas, así como en especies altamente migratorias. Respecto a la estimación de la mortalidad natural M los valores aquí obtenidos se encuentran dentro del intervalo observado para algunas otras especies de la familia Batrachoididae (0.15-0.41), calculados a partir de otros estudios (Palazón-Fernández *et al.*, 2010).

7.2.4. *Madurez sexual y reclutamiento del chupalodo*

La proporción de organismos maduros, fu más elevada de octubre a enero, no obstante, se carece de muestras de los meses de abril a julio, cuando ocurre la veda del camarón. El hecho de que la talla de la primera madurez sexual sea mayor para los organismos de la zona centro, podría significar que se trate de un grupo poblacional distinto. Si bien, las condiciones ambientales influyen la duración e intensidad de la temporada reproductiva, ajustes donde los organismos maduren a tallas distintas, pueden implicar una adaptación a

ambientes locales, como sucede por ejemplo en pargos (Lutjanidae) que habitan en islas comparados con aquellos que habitan zonas continentales (Polovina y Ralston, 1987). En especies de Batrachoididae, el sapo aleta lucía *P. notatus*, alcanza la madurez sexual a las 3.5 años, y su temporada reproductiva va del día 121 a 200 del año (Moser, 1996), es decir, durante los meses de verano. No obstante, esta especie habita aguas templadas desde Alaska hasta Bahía Magdalena, B.C.S. (Froese y Pauly, 2010); mientras que el chupalodo *P. analis*, limita su distribución desde Bahía Magdalena hacia el sur, hasta Jalisco y Colima (Ruíz-Ramírez *et al.*, 1997), una zona de transición templado-tropical y tropical, con lo que su temporada reproductiva podría ser mas extendida.

Por otro lado, para el conjunto de organismos, la talla media de captura (135 mm LE) se encuentra por debajo de la talla media de primera madurez sexual (157 mm LE) para el conjunto de los organismos, lo que puede causar efectos nocivos en la población por sobrepesca de reclutamiento. No obstante, la talla de primera madurez podría ser mayor, debido a que los organismos adultos de mayores tallas están poco representados en los muestreos.

La posibilidad de que la temporada reproductiva del chupalodo sea más amplia se refuerza con la estimación de la temporada de reclutamiento, a partir de varias cohortes. Para las tres zonas definidas del Golfo de California, el reclutamiento de chupalodo *P. analis*, se extiende durante casi todo el año; sin embargo, se presenta una mayor frecuencia durante primavera-verano. Esta característica es compartida por otras especies que viven en zonas tropicales, donde no existen cambios tan marcados de temperatura, por ejemplo en los Lutjanidae (Polovina y Ralston, 1987). La forma bimodal, aunque ligera, aparece también en la región norte durante los meses cálidos, y aun cuando se considera a *P. analis* como

una especie residente, los datos sugieren que podría existir un patrón local de migración reproductiva hacia aguas más someras.

7.3. Parámetros poblacionales del pargo lunarejo

7.3.1. Relaciones biométricas del pargo lunarejo

De igual manera que con el chupalodo, la disponibilidad de organismos de pargo lunarejo estuvo limitada a las características de la pesca de arrastre. En la F.A.C. los organismos que principalmente predominan son menores a 20 cm LT (Andrade-Rodríguez, 2003; Amezcua *et al.*, 2005). Esto puede deberse a diversos factores como son: las características de la red, la velocidad de arrastre y las condiciones del fondo donde habitan los peces, así como sus preferencias alimenticias. Por ejemplo, cuando se encuentran sobre sustratos suaves (arena-lodo) los organismos de *L. guttatus* menores a 20 cm LT se alimentan principalmente de camarón y, en menor proporción, de peces (Rojas, 1996; 1997a; Saucedo-Lozano y Chiappa-Carrara, 2000).

Para la relación entre longitud y peso, se considera que si el coeficiente potencial es diferente de 3, los organismos presentan un crecimiento alométrico, e isométrico si es igual a 3. Comparando las estimaciones reportadas por otros autores de las relación biométrica Longitud estándar-Peso de *L. guttatus* (tabla XXXI), los valores son similares, aunque no necesariamente idénticos lo que puede deberse en parte a los métodos utilizados en el ajuste de la curva. En cualquier caso, la especie muestra un valor menor a 3, lo que indica crecimiento alométrico negativo.

Tabla XXXII. Relaciones biométricas de *L. guttatus* reportadas por diversos autores.

Relación Biométrica	Zona	Función	Medida utilizada	a	b	R ²	Fuente
Longitud-Peso	Guatemala	Potencial	LT-P	0.0197	2.897	0.9623	Andrade Rodríguez (2003)
	Guerrero		LF-P	0.0223	2.889	0.977	Rojas Herrera (2001)
	Golfo de California		LE-P	0.00004	2.93	0.9684	Este trabajo
Longitud-Longitud	Guerrero	Lineal	LT-LE	0.525	1.253	0.976	Rojas Herrera (2001)
	Golfo de California		LT-LE	-0.03	0.79	0.985	Este trabajo

Notación: LT-P, Longitud Total-Peso; LE-P, Longitud Estándar-Peso; LF-P, Longitud Furcal-Peso; LT-LE, Longitud Total-Longitud Estándar.

Por otro lado, las relaciones entre longitud y peso no pueden considerarse como típicas de una especie, si bien siguen una forma definida pudiendo hacer generalizaciones. La razón de ello es que dependen de características regionales particulares a las que los organismos están expuestos, las cuales determinan la abundancia y disponibilidad de alimento, así como la temporada e intensidad de la reproducción. Estos factores influyen en la relación longitud-peso, por lo que la condición de la especie puede variar temporal y espacialmente es decir, entre años y localidades (Froese, 2006).

No se detectaron estadios de crecimiento en las tallas mas pequeñas analizadas mediante la relación LogP-LogLE (Froese, 2006). La existencia de estos estadios puede quedar restringida a una etapa mas temprana del desarrollo de los lutjánidos (Leis, 1986), Por otro lado, la relación fue útil en la discriminación de valores biométricos anómalos, que fueron corregidos, cuando fue posible, a partir de las relaciones biométricas.

7.3.2. Estructura de tallas del pargo lunarejo

Respecto a la estructura de tallas del pargo lunarejo, las zonas norte y centro del golfo presentaron organismos con tallas mayores que la zona sur. El hecho que resultaran distintas entre si, puede ser indicativo de variaciones particulares en las características de su historia de vida, como pueden ser el crecimiento o la mortalidad, entre otras. Cabe señalar también que es durante los meses de julio a octubre, y en el mes de abril, cuando se capturaron los organismos de mayores tallas, es decir durante primavera-verano, aunque se tiene escasa o nula representación en los meses de abril a junio. Para determinar si estas diferencias podrían implicar una subdivisión poblacional debería estimarse el crecimiento para cada una de las zonas de manera independiente.

7.3.3. Crecimiento, longevidad y mortalidad del pargo lunarejo

Si bien la distribución de tallas fue diferente entre las zonas norte, centro y sur del Golfo de California, los parámetros de la ecuación del crecimiento resultaron similares entre si. Finalmente, la comparación entre las tres curvas denota que son iguales: existe un solo patrón de crecimiento para el pargo lunarejo entre las zonas analizadas y, basándonos en esta característica, no se considera que exista una diferenciación poblacional bajo los criterios utilizados.

La comparación del crecimiento entre los sexos de pargo lunarejo *L. guttatus*, no se efectuó, debido a la escasez de organismos sexualmente maduros. En los peces lutjánidos es posible un crecimiento diferencial entre machos y hembras (Newman *et al.*, 1996). No obstante, lo mas probable es que el pargo lunarejo no presente estas diferencias en el crecimiento, pues Andrade-Rodríguez (2003) y Amezcua *et al.* (2005) compararon diversos

parámetros biométricos y de crecimiento considerando grupos de machos y hembras de *L. guttatus*, observando que ambos sexos presentan patrones similares.

De este modo, a partir del análisis de distribución de tallas del pargo lunarejo se detectaron dos cohortes, cuyo procesamiento dio la estimación de $L_{\infty} = 51.5$ cm LE, esto es 65.3 cm de LT a partir de la relación LT-LE. Utilizando métodos directos como la lectura de otolitos en la evaluación del crecimiento (tabla XXXIII) Andrade-Rodríguez (2003) considera muy pocos organismos de tallas grandes (49 cm como talla máxima observada), a diferencia de Amezcua *et al.* (2005) que incluyen un amplio intervalo de tallas (desde 5.2 hasta 51.2 cm de LT); sin embargo, sus estimaciones de L_{∞} son similares (66.4 y 66.1 respectivamente). En contraste, Rojas-Herrera (2001), mediante la lectura de vértebras y una talla máxima observada de 82 cm LT, obtiene una estimación mayor ($L_{\infty} = 70.6$ cm LF). Los primeros dos trabajos incluyen pargos pequeños provenientes de la FAC y de medianos a grandes de la pesca ribereña, en tanto que el trabajo de Rojas-Herrera (2001) integra solamente organismos provenientes de pesca ribereña.

En el presente estudio, la escasez de tallas mayores podría limitar los resultados obtenidos del ajuste respecto a la L_{∞} , contando solamente con jóvenes, por lo que se utilizó una L_{∞} de 80 cm, la mayor talla reportada para la especie (Robertson y Allen, 2002). De tal modo que aparte de diferencias en los métodos de determinación de la edad, y ajuste de las curvas, conforme mayor proporción de organismos adultos se incluyen en el análisis, mayores valores de L_{∞} se obtienen al estimar el crecimiento. Si bien los métodos de estimación del crecimiento, basados en frecuencia de tallas como ELEFAN, se han criticado por subestimar L_{∞} (Martínez-Andrade, 2003; Amezcua *et al.*, 2006), se sugiere no obstante, que

los resultados son determinados por la estructura de tallas por sí misma, así como el valor inicial de L_{∞} utilizado en la estimación (García y Duarte, 2006).

Tabla XXXIII. Parámetros de crecimiento del pargo lunarejo, *L. guttatus*, obtenidos por diversos autores.

Zona	Medida utilizada	L_{∞}	K	t_0	Ajuste	Método	Fuente
Guerrero	LF	70.6	0.129	-1.791	Laven-Marquardt	Otolitos	Rojas-Herrera (2001)
Guatemala la	LT	66.4	0.130	0.030	Mínimos cuadrados	Vértebras	Andrade-Rodríguez (2003)
Sinaloa	LT	66.19	0.130	-0.230	Máxima verosimilitud	Otolitos	Amezcuca <i>et al.</i> (2005).

Aun cuando los métodos directos de determinación de edad usualmente rinden mayores y mas precisas tasas de crecimiento y longevidad, la presente estimación de longevidad (23 años) es similar a la obtenida en otros estudios, y está por encima del valor considerado como limite inferior (< 20 años) para lutjánidos (Martínez- Andrade, 2003).

Las estimaciones de mortalidad en el pargo lunarejo resultaron ser distintas entre las zonas. Estas diferencias derivan de las diferentes estructuras de tallas, así como las diferencias en los parámetros del crecimiento, pues se estimaron a partir de ellos. No obstante, sería poco adecuado considerar que existen poblaciones distintas basándonos únicamente en estos valores. En el pargo carmesí *Lutjanus erythropterus* y el pargo de Malabar *L. malabaricus* se han demostrado diferencias substanciales en el crecimiento, la mortalidad y la longevidad, por lo que en estos trabajos se sugiere manejo diferencial para las localidades del Norte y del Este de Indonesia de ambas especies (Fry y Milton, 2009).

Las estimaciones de F son parcialmente dependientes de la estimación de Z , la que a su vez depende de la distribución de frecuencia de tallas o edades utilizada en el método de curva de captura. Por ejemplo, Rojas-Herrera (2001) incluye organismos grandes provenientes de pesca artesanal, en tanto que Amezcua *et al.* (2006) consideran la mortalidad combinada de muestras de pesca artesanal y arrastres camaroneros. El valor de mortalidad estimado en este trabajo, que parece alto en comparación con otros reportes, representaría la mortalidad principalmente de organismos jóvenes capturados en la pesca de arrastre. El método de curva de captura considera que la disminución de la presencia de organismos en la captura es debido a pérdidas por mortalidad por pesca. Por otro lado, el valor de M en la estimación de Z se considera como un parámetro constante a pesar de que los organismos incrementan su edad y tamaño. De esta manera, la ausencia de organismos de mayores tallas se debería esencialmente a la selectividad y procesos de evasión del arte de pesca. En la estimación de la mortalidad natural (M), Ralston (1987) sugiere que la ecuación empírica de Pauly (1980) genera una sobreestimación en peces de crecimiento lento. Si bien las estimaciones confiables y realistas de M son difíciles de hacer, la ecuación fue derivada de 175 stocks de peces, que comprenden 84 especies de ambientes marinos y dulceacuícolas y por esta razón, se argumenta que los resultados de ambos métodos darían un valor más preciso de M para esta especie. Este valor (0.39) es ligeramente mayor que el valor reportado (0.20-0.29) por Amezcua *et al.* (2006) y por Andrade-Rodríguez (2003) (0.28), aunque similar a la media estimada para la subfamilia Lutjaninae (0.38) (Martínez-Andrade, 2003). Finalmente, la tasa de explotación está por encima del valor considerado como óptimo (Gulland, 1983), lo que indica sobreexplotación en el caso de que F no estuviera sobreestimada.

7.3.4. *Madurez sexual y reclutamiento del pargo lunarejo*

De acuerdo con Andrade-Rodríguez (2003), las hembras de *L. guttatus* inician la maduración a los 3 años, y a los 7 años prácticamente todas están maduras (la edad promedio de madurez sexual es 4.5 años). Según Rojo-Vázquez *et al.* (1999), la talla de primera madurez del pargo lunarejo es en promedio de 29-34 cm. Estos autores utilizan datos de *L.* y aplican la ecuación de Grimes (1987). En nuestro caso, solamente unos pocos organismos estaban sexualmente maduros al momento de la captura, esto se debe a que en los arrastres de camarón los organismos de tallas pequeñas (jóvenes) son el blanco principal en las capturas. En este trabajo solamente se obtuvieron unas cuantas hembras maduras de pargo lunarejo; las tallas de dichos organismos fluctuaron entre los 10 y 22 cm LE. Según Rojo-Vázquez *et al.* (1999), la talla primera madurez del pargo lunarejo es de 29-34 cm en promedio, en su estudio utilizan redes enmalle que tienden a capturar organismos de mayor tamaño que los capturados en redes camaroneras.

El patrón de reclutamiento del pargo lunarejo se extendió durante casi todo el año. En la zona norte muestran dos picos, en tanto que se aprecia solamente uno en las zonas centro y sur del Golfo de California. También en la región centro-sur del Pacífico mexicano, se ha observado que el reclutamiento abarca todo el año, con dos picos: uno en mayo y otro de noviembre a enero (Chiapa-Carrara *et al.*, 2004). Lo anterior indica que la temporada reproductiva también es extendida y se explica por que la especie presenta una maduración gonádica asincrónica, por lo que es catalogada como desovador parcial (Arellano-Martínez *et al.*, 2001). De esta manera, la intensidad y duración de la temporada reproductiva en lutjánidos, y por ende el reclutamiento, varía con las condiciones del ambiente. Si el alimento es abundante, la reproducción será más puntual, en tanto que si es escaso la

reproducción se continúa en pequeños lotes, como parte de la estrategia reproductiva de la especie (Grimes, 1987).

7.3.5. Madurez sexual y reclutamiento del pargo lunarejo

De acuerdo con Andrade-Rodríguez (2003), las hembras de *L. guttatus* inician la maduración a los 3 años y, a los 7 años, prácticamente todas están maduras. Según Rojo-Vázquez *et al.* (1999), la talla de primera madurez del pargo lunarejo es de 29-34 cm, en promedio. Estos autores utilizan datos de L_{∞} , y aplican la ecuación de Grimes (1987). En nuestro caso, solamente unos pocos organismos estaban sexualmente maduros al momento de la captura, esto se debe a que en los arrastres de camarón los organismos (jóvenes) de tallas pequeñas son el blanco principal en las capturas.

En este trabajo solamente se obtuvieron unas cuantas hembras maduras de pargo lunarejo. Las tallas de dichos organismos fluctuaron entre los 10 y 22 cm LE. Como se mencionó anteriormente, en los arrastres camaroneros predominantemente se capturan organismos de tallas pequeñas. Por otro lado, los organismos alcanzan la madurez sexual en promedio a los 4.5 años y casi la totalidad de ellos han alcanzado la madurez a los 7 años (Andrade-Rodríguez, 2003). Según Rojo-Vázquez *et al.* (1999), la talla de primera madurez del pargo lunarejo, es de 29-34 cm en promedio; en su estudio utilizan redes de enmalle que tienden a capturar organismos de mayor tamaño que los capturados en las redes camaroneras.

El patrón de reclutamiento del pargo lunarejo se extendió durante casi todo el año. En la zona norte se observan dos picos, en tanto que en las zonas centro y sur del Golfo de

California se aprecia solamente uno. También en la región centro-sur del Pacífico mexicano, se ha observado que el reclutamiento abarca todo el año, con dos picos: en mayo y de noviembre a enero (Chiapa-Carrara *et al.*, 2004). Lo anterior indica que la temporada reproductiva es también extendida y se explica por que la especie presenta una maduración gonádica asincrónica, por lo que es catalogada como desovador parcial (Arellano-Martínez *et al.* 2001). De esta manera, la intensidad y duración de la temporada reproductiva, en lutjánidos, y por ende el reclutamiento, varía con las condiciones del ambiente. Si el alimento es abundante, la reproducción será más puntual, en tanto que si es escaso la reproducción se continúa en pequeños lotes, como parte de la estrategia reproductiva de la especie (Grimes, 1987).

7.4. Análisis genéticos

7.4.1. Obtención y amplificación de ADN

Para cualquier análisis bioquímico, y en particular del tipo genético, la correcta preservación de las muestras es un requisito casi indispensable para su posterior utilización, así como para la validación de los resultados obtenidos a partir de ellas. El procesamiento de las muestras de F.A.C. (aprox. 20 kg por muestra) incluyó el descongelado, separación de organismos, identificación de todas las especies posibles (peces, crustáceos y moluscos), realización de biometrías y su registro y finalmente, la preservación de muestras de tejido muscular (etanol 70 %). En la mayoría de los casos los especímenes permanecían durante varias horas a temperatura ambiente (~ 20-26 °C) antes de que se tomara la muestra de

tejido. Aunque la congelación (-20 °C) o el etanol (95 %) son métodos satisfactorios para la preservación de tejidos (1-5 años) y la posterior obtención de ADN en peces (Chakraborty *et al.*, 2006), las diferencias en el proceso de congelación puede tener efectos en la calidad del ADN y su posterior amplificación (Quintero *et al.*, 1998). En muchos casos la calidad del ADN es fundamental, por ejemplo, la amplificación de microsatélites de camarón *Litopenaues vanamei* resulta casi imposible cuando se efectúa a partir de organismos congelados obtenidos en el mercado local de La Paz, B.C.S. (Valles-Jiménez, Com. Pers. CIBNOR, Unidad La Paz). De esta manera, la consistencia y olor de muchas de las muestras, hacen suponer que el procedimiento mismo de congelación, aunado a la posterior exposición prolongada a temperatura ambiente, disminuyó la calidad de las mismas, originando las dificultades descritas para la obtención del ADN, independientemente del proceso de preservación posterior (etanol 70 %). Ello derivó en la inutilidad de un gran número de muestras (hacia los inicios de este trabajo, en el 2005-2006) y del replanteamiento de la necesidad de nuevos muestreos para hacernos de un número estadísticamente representativo de localidades y muestras para los análisis.

Como se mencionó en la sección de resultados, varias modificaciones y consideraciones se hicieron a los protocolos utilizados para el manejo y la adecuada obtención de ADN total a partir de las muestras, considerando desde las diferencias en cuanto a rendimiento y calidad del ADN obtenido a partir de las dos especies de peces estudiadas. Estas diferencias, se basan básicamente en la diferente composición bioquímica de los tejidos de las especies, observando en los tejidos de chupalodo *P. analis* una textura mucho mas suave, aparentemente, con alto contenido de grasa y con una rápida tendencia a

la oxidación, lo que explica que, en general, la extracción de ADN a partir de muestras de chupalodo *Porichthys* fue siempre mas difícil que la de pargo lunarejo *Lutjanus*.

Respecto a los análisis genéticos, el ADN mitocondrial (ADNmt) es una molécula circular que se encuentra en las mitocondrias y en la gran mayoría de los casos es heredada de la madre durante la de formación del cigoto, al contribuir esta con el citoplasma. Las mitocondrias carecen de enzimas para la reparación del ADN, por lo que su tasa de mutación es mas elevada que la del ADN nuclear (ADNn) (Brown, 1979). Este tipo de ADN codifica proteínas involucradas en procesos propios de la mitocondria, por ejemplo las que conforman las subunidades 12S y 16S de los ribosomas, así como una pequeña región no codificante conocida como control, que es la iniciadora de la replicación. La porción que codifica 16S es bastante conservada, por lo que se utiliza para comparaciones a nivel género y especie (Ptacek *et al.*, 2001), en tanto que la región control es hipervariable por su mayor tasa mutación; por esta razón, es útil para analizar historias evolutivas relativamente recientes. Estas dos características herencia materna y tasa mutación, fundamentan la ventaja del uso del ADNmt en estudios poblacionales y taxonómicos. Este es el primer estudio que evalúa la estructura poblacional del pargo lunarejo y del chupalodo, y es de los escasos trabajos que abordan la genética poblacional de peces marinos en el Golfo de California.

En este trabajo se utilizó un amplificado que corresponde a un fragmento del gen 16S ARNr del ADNmt (Leyva, 2003). Cuenta con aproximadamente 1,571-1640 pb reconociéndose tres regiones variables entre las bases 400-575, 600-900 y 1200-1400. Secuencias del ARNr se han utilizado para análisis filogenéticos de taxones diversos como

peces (Sarver *et al.*, 1996; Craig y Hastings, 2007) o insectos (Yogesh y Milind, 2000). Al tiempo que este se obtenía, se pensó en la posibilidad de escasa o nula obtención de variabilidad con éste marcador para poder evaluar la diferenciación genética entre las localidades o sitios de muestreo. Haciendo una revisión de trabajos con especies de invertebrados, la región del gen 16S es útil preferentemente en la discriminación de relaciones a nivel de familia, género y especie. Debido a esto se pensó en la utilización de marcadores tanto del ADN nuclear como del mitocondrial. Entre ellos, los Espaciadores Intergénicos y los Espaciadores Intertranscritos (IGS e ITS, respectivamente por su siglas en inglés) que poseen tasas evolutivas tales que los hacen más útiles en la detección de diferencias desde el nivel de género y especie, hasta poblaciones (Hwang UW y Kim W. 1999). De hecho se efectuaron unas pocas amplificaciones prospectivas del ITS ribosomal. No obstante, cuando se recibieron las primeras secuencias del gen 16S, tanto de pargo lunarejo *Lutjanus* como de chupalodo *Porichthys* de diversas localidades, una inspección visual de los alineamientos reveló suficiente variación para poder discriminar estructura o diferencias entre grupos. Si con el nivel de resolución del 16S se observaron diferencias, el uso de marcadores con mayor resolución podría conducir a lo opuesto: revelar un alto grado de variación genética entre los individuos, que imposibilitaría su agrupamiento con base en similitud genética. Al comparar con otras secuencias ribosomales incluidas en los bancos de datos para otras especie, en los amplificados del gen 16S fue posible reconocer tres regiones especie específicas que tienen algo potencial como herramienta de identificación. De esta manera, se procedió a trabajar únicamente con las secuencias amplificadas del gen 16S ribosomal.

7.4.2. *Filogenia y discriminación entre especies*

El estado filogenético de algunas especies de peces marinos ha sido cuestionado, principalmente si son mas o menos residentes y con amplia distribución (Orrell *et al.*, 2002; Ball *et al.*, 2007). Entre las especies de lutjánidos reportadas para el Océano Pacífico Oriental, el pargo lunarejo habita desde las costas de México hasta Ecuador, y es una especie residente. El chupalodo (Fam. Batrachoididae) restringe su distribución a la región del Golfo de California, formando parte de las especies no comerciales y poco conocidas (Fischer *et al.*, 1995; Robertson y Allen, 2002).

La información filogenética contenida en el genoma mitocondrial ha sido importante en la evaluación de la diferenciación evolutiva e historia demográfica dentro de una población, así como entre poblaciones de la misma especie (Avise, 1992). Por ejemplo, Avise *et al.* (1987) encuentran diferencias en los patrones de restricción del ADNmt entre individuos de varias especies de Batrachoididae y, en general, la región del gen 16S entre otros marcadores mitocondriales, se ha utilizado para distinguir especies de las familias Lutjanidae (Sarver *et al.*, 1996) y Serranidae (Craig y Hastings, 2007).

En el análisis de las relaciones homología entre secuencias, los métodos de distancia, como Vecino mas Cercano (Neighbor-Joining) son simples y rápidos. No obstante, no permiten evaluar cuales caracteres contribuyen a los agrupamientos y pueden depender o variar conforme el orden en que el programa inicia el análisis (Harrison y Langdale, 2006). Por tal motivo, se complementan con árboles de filogenia, ya sea utilizando Máxima Verosimilitud y/o Máxima Parsimonia, capturando completamente lo que los datos dicen bajo el modelo elegido. Su desventaja es que pueden ser prohibitivos dependiendo de la cantidad de

haplotipos, número de iteraciones y el modelo evolutivo elegido (Holder y Lewis, 2003). Así, el árbol de filogenia construido posee valores de separación entre los clados de 99 % para el pargo lunarejo y del 100 % para el chupalodo. En la evaluación de la filogenia de serránidos, utilizando Citocromo b, se logran valores de separación arriba del 70 % (Zhu *et al.*, 2008) y en lutjanidos del sur de china, valores superiores al 82 % (Zhang y Xin, 2006).

Entre los criterios que no establecen la relación entre haplotipos mediante árboles, se sugiere que la especiación completa se correlaciona con valores de distancia genética (D, Nei) $0.15 \leq D \leq 0.16$ (≈ 1.5 %) (Sites y Marshall, 2004). Por ejemplo, basado en una inserción y la delección de una pequeña secuencia de bases, y en la distancia genética (0.1122) (Tamura-Nei) se sugiere la existencia de dos subespecies de rodaballos *Lepidorhombus* sp al utilizar secuencias del gen 16S ribosomal (Danancher y García-Vázquez, 2006). En nuestro caso el valor estimado de distancia genética entre los grupos o clados formados de pargo lunarejo es de 2.85 %, y de 6.0 % para los grupos de chupalodo; mas aún, en los grupos formados no hay traslape o haplotipos compartidos.

La prueba adicional en la que se agrupó a los haplotipos como si las probables especies de pargo lunarejo constituyeran dos grupos de poblaciones (*Lutjanus* sp. A y sp. B) y lo mismo con las de chupalodo (*Porichthys* sp. A y sp. B) generó valores muy altos de diferenciación en el pargo lunarejo ($F_{CT} = 0.88$, $P = 0.0007$) y en chupalodo ($F_{CT} = 0.9180$, $P = 0.14$) (Tabla XV). El hecho que en el caso del chupalodo, no sean significativos puede deberse a que el primer grupo comprende varias localidades con variado número de muestra (Isla Miramar, 5; San Felipe, 40; El Colorado, 9; Lobos, 12; Topolobampo, 38;

Chametla, 31) en tanto que el segundo grupo, si bien cuenta con 30 organismos, todos ellos corresponden a la localidad o población única: Kino (Tablas XXI y XXII).

Esta situación de una aparente mezcla de especies, puede haberse originado por: 1) la identificación errónea de las especies, o 2) la existencia de dos especies ubicadas en la categoría específica de pargo lunarejo *L. guttatus*, y al menos dos en la de chupalodo *P. analis*, y que las claves hasta ahora diseñadas no discriminen entre ellas. La primera explicación parece mucho más probable en el caso del chupalodo que en el caso pargo lunarejo, reportándose en la bibliografía hasta cinco especies como similares (Robertson y Allen, 2002).

El chualodo *P. analis* traslapa su intervalo de distribución con otras especies del género en el Golfo de California, parte la costa del Pacífico de Baja California y parte del Pacífico mexicano. Con base en la similitud de forma y coloración café obscura con tonos grises y amarillentos, *P. analis*, *P. mimeticus* y *P. myriaster* son tal vez las especies que más fácilmente podrían confundirse (Collete *et al.*, 1995; Robertson y Allen, 2002). De manera adicional, las tallas de primera madurez resultaron diferentes entre la región centro respecto a las otras dos regiones consideradas en los análisis.

Respecto los lutjánidos ciertas características de historia de vida permiten hacer agrupamientos o asociaciones entre las especies (Martínez-Andrade, 2003). De este modo, por ejemplo el pargo lunarejo *L. guttatus* presenta tallas máximas, tasas de crecimiento, longevidad, distribución y preferencias alimenticias similares a las del huachinango *L. peru* (Rojas-Herrera *et al.*, 2004); sin embargo, las temporadas de reclutamiento están ligeramente desfasadas, lo que podría reducir la competencia entre estas especies (Chiapa-

Carrara *et al.*, 2004). Aunque se afirma que los peces parecen ser más susceptibles a variaciones morfológicas inducidas por cambios ambientales que otros vertebrados (Allendorf *et al.*, 1987), la coloración observada del pargo lunarejo es muy variable y va desde mas rojiza e intensa, hasta un tenue rojo pálido, con o sin tonalidades amarillentas en las aletas pectorales, pélvicas y anal, así como la parte ventral, reconociéndose en literatura no científica dos morfotipos: claro y uno oscuro (MexFish, 2010). El lunar o gota oscura ubicada en la parte dorsal posterior, por debajo de la aleta dorsal, varía en intensidad desde negra hasta gris claro, apenas aparente, por lo que podría estar ocurriendo un fino proceso análogo de diferenciación.

La utilización de otras regiones del ADNmt como *Cit b* (Zhu *et al.*, 2008) y CO I (Hebert *et al.*, 2009) puede ayudar a determinar la interrelación entre los grupos encontrados, y si se trata de diferentes especies o subespecies. En cualquier caso, las discriminaciones basadas en caracteres genéticos, se sugiere que deben corroborarse con datos morfológicos y/o de distribución geográfica antes de efectuar inferencias fuertes acerca de fronteras específicas (Sites y Marshall, 2004). De esta manera, cada vez mas frecuentemente la taxonomía incluye fundamentos esenciales para la conservación y el manejo de recursos (Cracraft, 2002). La inadecuada identificación de especies tiene efectos sobre las interpretaciones basadas en ellas, sean investigaciones taxonómicas en sí, o trabajos que involucran procesamiento de muestras con el propósito de que los taxones identificados sirvan a un espectro mas amplio de procesos y objetivos (Stribbling, 2003). Entre ellos se incluyen estudios de Biogeografía, Ecología y Evolución, en donde son la base para las estimaciones de biodiversidad (Sites y Marshall, 2004) así como para el manejo efectivo de las

pesquerías, puesto que se utilizan datos de captura por especie para estimar tanto biomasa como producción (Ward, 2000).

Desafortunadamente, en nuestro caso no existen ejemplares completos preservados procedentes de los muestreos, por lo que una corroboración fenotípica *a posteriori* de las especies de pargo y chupalodo no puede realizarse. En un estado similar de conservación y relativa incertidumbre taxonómica se encuentran también las restantes especies que conforman la F.A.C. (peces, crustáceos y moluscos) para las cuales se efectuó el ordenamiento, catalogación, reetiquetado y registro electrónico individual de las muestras, mientras se procesaban el pargo y el chupalodo. La recolecta y preservación de cantidades ingentes de organismos completos tampoco hubiera sido una opción viable, menos aun, cuando es reconocida la importancia de las colecciones biológicas para propósitos de evaluación, conservación y planeación de manejo (*e.g.* Ponder *et al.*, 2001; Suárez y Tsutsui, 2004). En este sentido, las muestras de la F.A.C. se pueden cotejar con los especímenes de colecciones ictiológicas operando de manera inversa: generar u obtener marcadores genéticos para las especies a partir de la identificación de especímenes hechas por o avaladas por personal capacitado, y luego proceder a cotejar con los marcadores que ya se han empezado a obtener de las especies que componen la F.A.C. Mientras tanto, a partir de los resultados hasta aquí discutidos, fue que se decidió separar o considerar la presencia de dos especies distintas de pargo lunarejo y chupalodo en las muestras.

7.4.3. *Diversidad genética y neutralidad*

La proporción de los nucleótidos GC en los haplotipos del pargo lunarejo sp A y B fue de 50.2 %, en tanto que muestra valores de 41.4 % para el chupalodo sp A y 41.8 % para chupalodo sp B. Esta proporción es cercana a la que se reporta, en general, para el genoma mitocondrial completo de los peces (38.4-43.2 %) que es mas alta que en el resto de los vertebrados (Ward *et al.*, 2005).

La diversidad haplotípica en ambas especies de pargo lunarejo fue entre regular (0.5153) para el pargo lunarejo sp A y relativamente baja (0.4398) en el pargo lunarejo sp. B. En contraste, fueron encontrados valores ligeramente mas elevados para el chupalodo sp A (0.6312) y para la única localidad de chupalodo sp B (0.508). La diversidad nucleotídica también resultó ser relativamente baja en el pargo lunarejo sp A (0.0028) y lunarejo sp B (0.0014), y ligeramente más elevada en el chupalodo sp A y chupalodo sp B (0.0046). Esto se debe en parte al hecho de que el gen 16S ribosomal es una sección del genoma mitocondrial menos variable, por ejemplo, que la región control. Valores mas elevados de diversidad haplotípica (H , 0.650-0.972) y nucleotídica (π , 0.00393-0.02071) de la región control se han observado en el sabalote *Chanos chanos* del Indo-Pacífico o en el huachinango del Golfo de México *L. canmpechanus* (H , 0.940-0.962; π , 0.018-0.0250) (Ravago-Gotanco y Juinio-Meñez, 2004). En otros trabajos se ha observado que el pargo de bandas azules *L. kasmira* si bien presenta una diversidad haplotípica alta ($H = 0.74$, 0.00-0.88), posee una diversidad nucleotídica escasa ($\pi = 0.004$, 0.000-0.005) (Gaither *et al.*, 2004).

La ocurrencia de numerosos haplotipos es denotada por la diversidad haplotípica y nucleotídica observada (Tabla XXV y XXVI). La presencia de mayor frecuencia de haplotipos raros es un patrón consistente con una selección purificadora, que elimina reduciendo la frecuencia de alelos deletéreos aparecidos por mutación, o también puede ser indicativo de crecimiento poblacional o expansión, situación en la que se espera posea un exceso de polimorfismos de baja frecuencia comparada con una población estable (Hartl y Clark, 2007).

Los valores de la prueba de neutralidad, D de Tajima, resultan ser negativos para el pargo lunarejo sp A y lunarejo sp B, aunque en conjunto la prueba no es significativa. Algo similar ocurre para el chupalodo, por lo que no puede rechazarse el supuesto de neutralidad. No obstante, conviene considerar que algunas localidades presentan valores de probabilidad significativos ($P < 0.05$). La ausencia de significancia podría deberse al bajo número de muestras disponibles para muchas de las localidades. De ser negativas, su valor indica un exceso de haplotipos poco frecuentes, como ocurre en los pargos *L. kasmira* y el pargo colanegra *L. fulvus* en el Pacífico Asiático (Gaither *et al.*, 2009), y como de hecho sucede en este trabajo: haplotipos poco comunes con baja representación. Esto podría deberse a deriva genética o la selección. A este respecto es importante notar que si la prueba de neutralidad rechaza el equilibrio en ambas especies, se sugeriría un proceso de expansión o contracción en el pasado. Cabe señalar que los modelos de expansión parecen no ser capaces de captar variaciones recientes en tamaños poblacionales de una especie. En el caso de poblaciones sujetas a explotación, directa o indirecta, los cambios recientes parecen ser

mas importantes para la permanencia de las especies que aquellos en escalas históricas de tiempo.

7.4.4. Estructura genética

Comúnmente las diferencias fenotípicas detectadas entre grupos poblacionales se utilizan, en buena medida, para inferir tasas diferenciales del rendimiento o explotación que puede hacerse de estos, y recientemente se han aplicado técnicas moleculares para diferenciar estos grupos, argumentando que existen posibles variantes genéticas que conviene sean preservadas (Cadrin *et al.*, 2005; Danancher y Garcia-Vazquez, 2009)

La prueba exacta de diferenciación poblacional, para el caso de las especies de pargo lunarejo, indica que los organismos se distribuyen al azar entre las poblaciones o localidades representadas. En las comparaciones pareadas los índices de diferenciación fueron muy bajos y no significativos, excepto para el pargo lunarejo, en El Desemboque (Sonora) vs. Jaltemba (Nayarit) ($F_{ST} = 0.0586$, $P = 0.0009$). En el caso del chupalodo la situación es similar: los individuos se distribuyen al azar entre las poblaciones. En las comparaciones pareadas resaltan significativos San Felipe vs Chametla ($F_{ST} = 0.0644$, $P = 0.0000$) y Topolobampo vs. Chametla (Sinaloa) ($F_{ST} = 0.0395$, $P = 0.0017$).

Los análisis posteriores, en específico un análisis de varianza molecular (AMOVA), al intentar agrupar a los organismos conforme a una distribución predefinida (Norte, Centro y Sur del Golfo de California) dieron valores de cero (F_{CT}) indicando la ausencia de diferenciación genética entre estas regiones. Entonces, se probaron agrupaciones basadas en

la cercanía geográfica de las localidades, la distribución geográfica de los haplotipos y tratando de maximizar el valor de F_{CT} . Esta última estrategia, de acuerdo con Dupanloup *et al.* (2002), es útil para definir poblaciones geográficamente homogéneas y máximamente diferenciadas. Para el caso del pargo lunarejo sp A y sp B se obtuvieron valores muy bajos y no significativos de estructuración ($F_{ST} = 0.0269$, $P = 0.1584$; $F_{ST} = 0.0542$, $P = 0.722$, respectivamente). Este análisis pudo efectuarse solamente para el chupalodo *Porichthys* sp. A obteniendo también, aunque significativo, un índice muy pequeño ($F_{ST} = 0.031$, $P = 0.04$), pues de acuerdo con Hartl y Clark (2007) se considera que valores de F_{ST} inferiores a 0.05 denotan baja estructura genética.

En algunas especies analizadas de la familia Batrachoididae, en la costa suroeste de Estados Unidos, se ha detectado una ligera estructura genética en el sapo ostión *O. tau*, logrando discriminar entre una población más norteña, separada por la península de Florida de una mas al sur (Avice *et al.*, 1987).

Muchas especies de peces marinos, en virtud de sus grandes abundancias, de que poseen huevos, larvas y jóvenes pelágicos, con alta capacidad de dispersión, se anticipa que podrían mostrar altos niveles de flujo génico y escasa diferenciación (Nesbø *et al.*, 2000). No obstante, en lutjánidos de la región del Indo-Pacífico, el pargo cola negra *L. fulvus* posee una marcada diferenciación entre sus poblaciones (Gaither *et al.*, 2009). Se considera que la presencia de trincheras o fosas oceánicas profundas parecen constituir barreras al flujo génico en especies merodeadoras de fondo como el pargo carmesí *L. erythropterus* y el de Malabar *L. malabaricus* (Salini *et al.*, 2006) o especies demersales como el pargo de banda dorada *Pristipomoides multidens*, en Indonesia y Australia, y especies con una

delimitación clara en la frontera Indico-Pacífico (Ovenden *et al.*, 2002). Se ha sugerido que la fidelidad a sitios reproductivos o la retención larvaria ocasionada por corrientes y giros, podría actuar en la determinación de la estructura (Jones *et al.*, 1999; Knudsen *et al.*, 2003). En virtud de esto, Salini *et al.* (2006) han sugerido que la capacidad de dispersión de algunas especies de lutjanidos puede ser limitada. En diversas partes del mundo ocurren situaciones similares, por ejemplo en el Atlántico, al comparar poblaciones de bagres (Ariidae) y de chupalodos (Batrachoididae) entre Golfo de México y el Atlántico, parcialmente separadas por la península de Florida (Awise *et al.*, 1987); en la región del Indo-Pacífico, en los atunes *Thunus* (Ward *et al.*, 2000); entre el Atlántico y el Mediterráneo, con las poblaciones de la familia Sparidae, disjuntas por el estrecho de Gibraltar (Bargelloni *et al.*, 2003); entre el Golfo de California y el Pacífico, donde poblaciones conespecíficas se encuentran divididas por la Península de Baja California (Bernardi *et al.*, 2003; Riginos, 2005; Sandoval-Castillo *et al.*, 2004). No obstante, en todos estos estudios se presentan también el patrón contrario: especies con alto flujo génico y nula diferenciación poblacional.

De modo similar, entre los pargos, sorprendentemente en la misma extensa región del Indo-Pacífico apenas se aprecia una moderada diferenciación poblacional en el pargo de mangle *L. argentimaculatus* determinada por microsatélites y ADNmt (Ovenden y Street, 2003). Y si bien, el pargo de bandas azules *L. kasmira*, presenta algo de variación en los valores de F_{ST} entre pares de localidades (0.001-0.559), carece de estructura genética alguna a lo largo de un área de cerca de 12,000 km (Gaither *et al.*, 2009). En el huachinango del Golfo de México *L. campechanus* (que se distribuye ampliamente por el Océano Atlántico), dada su

importancia económica y su *status* de protección, diversos estudios a través del tiempo (basados en RFLP de ADNmt, microsatélites y secuenciación de región control) no han logrado detectar estructura alguna, considerándosele finalmente como una población única, panmíctica (Garber *et al.*, 2004; Gold *et al.*, 2001; Pruet *et al.*, 2005).

Todos estos estudios consideran poblaciones y/o especies con rasgos ecológicos o de historia de vida similares, algunas bastante migratorias. Muy interesante es el hecho que las mismas condiciones oceanográficas, que limitan el flujo genético para unas especies no lo restringen para otras a pesar de su cercanía filogenética.

En el huachinango del Golfo *L. campechanus*, se ha detectado estructura poblacional basada en patrones de crecimiento y datos morfométricos (Fischer *et al.*, 2004). También en el sabalote *Chanos chanos*, se han observado diferencias morfológicas entre zonas geográficas, llegando a sugerir la existencia de poblaciones bien diferenciadas que, sin embargo, no concuerdan con las discriminadas mediante el análisis del genoma mitocondrial (Rávago-Gotanco y Juinio-Meñez, 2004). Algunos taxa en los que se reconoce aislamiento reproductivo, exhiben escasos niveles de diferenciación genética, atribuyéndose esto a tamaños poblacionales grandes, bajas tasas de evolución molecular y origen relativamente reciente, lo que dificulta encontrar un marcador que pueda asociarse a barreras al flujo génico (Knowlton, 2000).

De esta manera, algunas especies podrían tener una estructura poblacional ampliamente distribuida, difícil de discriminar con marcadores selectivamente neutros tan comúnmente utilizados, por lo que Pruet *et al.* (2005) sugieren el uso de marcadores sujetos a selección. No obstante, en los trabajos mencionados, se ha utilizado *Cit b* del ADNmt o intrones que

codifican para la hormona del crecimiento (*L. kasmira*) (Gaither *et al.*, 2009). En nuestro caso, como en el caso de otros peces (Hwang y Kim, 1999), se utilizó una región del gen 16S del ADNmt, que podría ser más adecuado para discriminar a nivel de especie que a nivel de poblaciones. En tanto que el intento de diferenciación mediante estimaciones de crecimiento, mortalidad o temporada de reclutamiento del pargo lunarejo *L. guttatus* o del chupalodo *P. analis* no se evidencian diferencias geográficas, por lo que *a priori* fueron consideradas como especie únicas, no crípticas.

En cualquier caso, el poder detectar la diferenciación poblacional dependería de los rasgos particulares de la especie, su historia evolutiva, los métodos y/o marcadores utilizados, así como el tamaño de muestra para el análisis (Ward *et al.*, 2000). La identificación de especies, podría ser inequívoca, en algunos casos, mediante el uso de técnicas moleculares, en tanto que elucidar la estructura genética puede ser más complicado.

Debido a la escasez de recursos económicos muchas especies de importancia comercial permanecen sin evaluar, ya no se diga de aquellas que carecen de valor económico. En todo caso, no es conveniente suponer la estructura poblacional de una especie como derivado del conocimiento de otras filogenéticamente cercanas. Tampoco la existencia de un solo grupo o stock, pues podría conducir a la sobreexplotación de variedades únicas o poblaiones que son fuente de variación para la especie (Graves, 1998; Laikre *et al.*, 2009).

Además de la degradación del hábitat, se ha sugerido a la sobreexplotación como una de las dos causas responsables de la extinción reciente en especies marinas (Dulvy *et al.*, 2003). Por desgracia, son pocos los estudios que han logrado establecer una correlación entre bajos niveles de diversidad genética con la sobreexplotación, por ejemplo, el pargo de

Nueva Zelanda *Pagrus auratus* (Hauser *et al.*, 2002) y el bacalao del Mar del Norte *Gadus morhua* (Gómez-Uchida y Banks, 2006). Sin embargo, las correlaciones no implican causalidad. Si bien, los procesos de explotación se adicionan a los de selección natural (Darimont *et al.*, 2009), el asociar marcadores genéticos de diferenciación a rasgos de historia de vida como crecimiento o abundancia, ha resultado complicado y poco práctico cuando se efectúa en poblaciones silvestres de peces (Imsland y Jónsdóttir, 2003); nuevamente, los modelos genéticos de demografía histórica parecen reflejar lo sucedido en escalas de tiempo mas largas.

Los escasos y poco detallados registros pesqueros indican que los pargos son capturados principalmente sobre grandes áreas de Baja California, Jalisco, y el resto de la costa central y sureña del Pacífico Mexicano, donde muy escasamente se captura camarón (CONAPESCA, 2003). Por lo tanto, es importante determinar hasta que grado los arrastres de camarón afectan a la población o poblaciones de estas especies.

8. CONCLUSIONES

1. Finalmente a manera de conclusiones en este trabajo, se estimaron algunos parámetros poblacionales clave del pargo lunarejo y el chupalodo. Con base en las relaciones morfométricas y el crecimiento éste es de tipo alométrico negativo en el pargo, e isométrico en el chupalodo. Se ubica al primero como una especie de talla mediana-grande y relativamente longeva entre los lutjánidos, en tanto que el chupalodo presenta un ciclo de vida mucho mas corto. Para ambas especies, el reclutamiento y temporada reproductiva son mas intensos durante primavera-verano y sus tallas de captura se ubican muy por debajo de la talla de primera madurez sexual; en ambos casos la mortalidad por pesca presenta valores elevados sugiriendo evaluar sus efectos sobre la abundancia de las especies.
2. Basado en los rasgos de historia de vida, los posibles efectos de la pesca serían evidentes a mas largo plazo en el pargo lunarejo que en el chupalodo. Por otro lado, la temporada de veda del camarón (verano), coincide con los meses más intensos de reproducción y reclutamiento de ambas especies, lo que constituye un alivio a la presión a la que están sometidos durante el resto del año.
3. En lo referente a variabilidad y diferenciación genética poblacional, no fue posible elucidar estructura alguna mediante la comparación de sus parámetros poblacionales para ninguna de las dos especies estudiadas. Esto podria indicar que existe suficiente flujo génico para mantener una población panmíctica, advirtiendo valores

entre regulares y bajos de variabilidad. No obstante, el marcador utilizado (16S ADNmt) es bastante conservado y convendría usar otro más adecuado.

4. Un aporte que se considera valioso del trabajo es la inferencia a partir de la herramienta molecular, de inconsistencias en la identificación de las especies, considerando la posibilidad de la presencia de especies crípticas en el chupalodo y más probablemente en el pargo lunarejo.

9. LITERATURA CITADA

- Aguilar D, y Grande-Vidal M. 1996. Evaluación tecnológica de dispositivos excluidores de tortugas marinas, tipo rígido en Océano Pacífico Mexicano, durante el periodo febrero de 1992 a agosto de 1994. Programa Tecnología de Capturas. Informe Técnico del Instituto Nacional de la Pesca (inédito).
- Cadrin S, Friendland KD y Waldman JR, (Eds). 2005. Stock identification methods: Applications in fisheries science. Elsevier Academic Press. Burlington, Massachusetts, EUA.
- Acevedo-Cervantes A, López-Martínez J, Herrera-Valdivia E. y Rodríguez-Romero J. 2009. Análisis de la abundancia, dominancia y diversidad de la comunidad de peces demersales de profundidad de 90 a 540 metros en el Golfo de California, México. *Interciencia*. 34(9):660-665.
- Allen GR. 1995. Lutjanidae. Pargos. En: Fischer W, Krupp F, Schneider W, Sommer C, Carpenter KE, y Niem VH. (Ed). Guía FAO para la identificación de las especies para los fines de la pesca. Pacífico centro oriental. Vol I plantas e invertebrados. Vol II parte 1. Vertebrados Vol III parte 2 Vertebrados. Roma, FAO.
- Allendorf FW, Ryman N, y Utter FM. 1987. Genetics and fishery management. En: Ryman N, Utter F (Eds) Population genetics and fisheries management. University of Washington, Seattle.
- Alverson DL, Freeberg MH, Pope JG y Murawski SA. 1994. A global assessment of fisheries bycatch and discards. FAO Fisheries Technical Paper. No. 339. Rome, FAO. 233p.
- Amezcuca, FC, Soto-Avila y Green-Ruiz Y. 2006. Age, growth, and mortality of the spotted rose snapper *Lutjanus guttatus* from the southeastern Gulf of California. *Fish. Res.* 77:293–300.
- Andrade-Rodríguez HA. 2003. Age determination in the snapper *Lutjanus guttatus* (Pisces, Lutjanidae) and investigation of fishery management strategies in the Pacific Coast of Guatemala. M. Sci. Thesis. Norwegian College of Fisheries Science University, Tromsø, Norway. 45 pp.
- Andrew J, Fischer AJ, Baker MS, y Wilson CA. 2004. *Red snapper (Lutjanus campechanus)* demographic structure in the northern Gulf of Mexico based on spatial patterns in growth rates and morphometrics. *Fish. Bull.* 102(4):593-603.
- Andrew NL y Pepperell JG. 1992. The by-catch of shrimp trawl fisheries. Barnes M. (Ed.). *Oceanography and marine biology: an annual review.* 30:527-565.
- Arellano-Martínez M, Rojas-Herrera A, García-Domínguez F, Ceballos-Vázquez BP, y Villalejo-Fuerte M. 2001. Ciclo reproductivo del pargo lunarejo *Lutjanus guttatus* (Steindachner, 1869) en las costas de Guerrero, México. *Re. Biol. Mar. Oceanog.* 36(1):1-8.

- Arvizu-Martínez J. 1987. Fisheries in the Gulf of California., Mexico. CalCOFI Rep., Vol. XXVIII 32-36
- Avise JC, 1992. Molecular Population Structure and the Biogeographic History of a Regional Fauna: A Case History with lessons for Conservation Biology. *Oikos*, 63(1): 62-76.
- Avise JC, Arnold J, Ball RM, Bermingham E, Lamb T, Neigel JE, Reeh C A, y Saunders NC. 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Ann. Rev. Ecol. Sys.* 18: 489-522.
- Avise JC, Reeb CA, y Saunders NC. 1987. Geographic population structure and species differences in mitochondrial DNA of mouthbrooding marine catfishes (Ariidae) and demersal spawning toadfishes (Batrachoididae) *Evolution* 41: 991-1002.
- Bahri-Sfar L, Lemaire C, Ben-Hassine OK, y Bonhomme F. 2000. Fragmentation of the sea bass population as revealed by microsatellite polymorphism. *Proced. Royal Soc. B* 267: 929-935.
- Ball AO, Beal MG, Chapman RW, y Sedberry GR. 2007. Population structure of red porgy, *Pagrus pagrus*, in the Atlantic Ocean. *Mar. Biol.* 150: 1321–1332.
- Bargelloni L, Alarcon JA, y Alvarez MC. 2003. Discord in the family Sparidae (Teleostei) divergent phylogeographical patterns across the Atlantic-Mediterranean divide. *J. Evol. Biol.* 16: 1149-1156
- Barino JF y Walsh V. 2005. The effects of acute and chronic ammonia exposure during early life stages of the gulf toadfish *Opsanus beta*. *Aquat. Tox.* 75:225–237
- Bernardi G, Findley L, Rocha-Olivares A. 2003. Vicariance and dispersal across Baja California in disjunct marine fish populations. *Evolution.* 57: 1599-1609.
- Beverton RJH y Holt SJ. 1956. A review of methods for estimating mortality rates in exploited fish populations, with special reference to sources of bias in catch sampling. *Rapp. P.-V. Réun. CIEM*, 140:67-83
- Wetherall, J.A., 1986. A new method for estimating growth and mortality parameters from length-frequency data. *ICLARM Fishbyte*, 4(1): 12-14.
- Bowen BW. 1999. Preserving genes, species, or ecosystems? Healing the fractured foundations of conservation policy. *Mol. Ecol. (Suppl.)* 8: 5-10
- Brown WM, George M, y Wilson A. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *P.N.A.S.* 76(4)1967-1971
- Brown WM, George M, y Wilson A. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *PNAS*, 76(4)1967-1971
- Brusca RC. 1980. Common intertidal invertebrates of The Gulf of California. 2nd Ed. University of Arizona Press. Tucson. 513 pp
- CAG, CI, INE, SEMARNAT, CONANP, CONAPESCA. 2004. Coalición por el Alto Golfo, Conservation International, Instituto Nacional de Ecología, Secretaría de

- Medio Ambiente y Recursos Naturales, Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas, Comisión Nacional de Pesca y Acuicultura. Pesca sustentable de camarón en el Golfo de California. Propuesta de reestructuración de la flota camaronera de altamar. Noroeste Sustentable. O.S. www.conservacion.org.mx/pdf/propuesta%20reestructuración.pdf 16 pp
- Cadrin SX. y Secor DH. 2009. Accounting for Spatial Population Structure in Stock Assessment: Past, Present, and Future. En: Rothschild BJ. y Beamish RJ (Eds). *The Future of Fisheries Science in North America*. Fish & Fisheries Series. Springer Netherlands.
- CBDMS. 1995. Committee on Biological Diversity in Marine Systems. *Understanding Marine Biodiversity. A research agenda for the nation*. National Academy Press, Washington. i-xiv + 128 pp.
- Chapa H. 1976. La fauna acompañante del camarón como un índice de monopesca. Mem. Simposio sobre biología y dinámica poblacional del camarón. Guaymas, Sonora 8-13 de agosto de 1976: 174-186.
- Chiappa-Carrara, X., A. Rojas-Herrera y M. Mascaró, 2004. Coexistencia de *Lutjanus peru* y *Lutjanus guttatus* (Pisces: Lutjanidae) en la costa de Guerrero, México: relación con la variación temporal en el reclutamiento. *Revista de Biología Tropical*, 52(1): 177-185.
- CNANP. 2006. Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas <http://www.conanp.gob.mx/anp/anp.php>. Activa noviembre 2006.
- Collete BB. 1995. Batrachoididae. Peje-sapos, sapos. En: Fischer W, Krupp F, Schneider W, Sommer C, Carpenter KE, y Niem VH. (Ed). *Guía FAO para la identificación de las especies para los fines de la pesca. Pacífico centro oriental. Vol I plantas e invertebrados. Vol II parte 1. Vertebrados Vol III parte 2 Vetrebrados*. Roma, FAO.
- CONABIO. 2006. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. <http://www.conabio.gob.mx/>. Activa octubre 2006.
- CONAPESCA 2002b. Anuario Estadístico de Pesca. CONAPESCA. SAGARPA. Mexico. <http://www.sagarpa.gob.mx/conapesca/planeacion/planeacionindx.htm>. Activa junio 2005
- CONAPESCA. 2003. Anuario Estadístico de Pesca. CONAPESCA. SAGARPA. Mexico. <http://www.sagarpa.gob.mx/conapesca/planeacion/anuario/anuario2003.pdf> Activa junio 2005
- Craig MT y Hastings PA. 2007. A molecular phylogeny of the groupers of the subfamily Epinephelinae (Serranidae) with a revised classification of the *Epinephelini*. *Ichthyol. Res.* 54: 1-17.
- Danancher D y Garcia-Vazquez E. 2009. Population differentiation in megrim (*Lepidorhombus whiffagonis*, and four-spotted megrim (*Lepidorhombus boscii*) across Atlantic and Mediterranean waters and implications for wild stock management. *Mar. Biol.* 156: 1869-1880

- Darimonta CT, Carlsons SM, Kinnison MT, Paquete PC, Reimchena TE, y Wilmers CC. 2009. Human predators outpace other agents of trait change in the wild. *P.N.A.S.* 106: 952–954.
- Das J. 2006. The role of mitochondrial respiration in physiological and evolutionary adaptation. *BioEssays* 28: 890-901.
- Davies M y Cook BA. 2001. Status of the genetic and biochemical analysis of marine organisms in South Africa. En línea: <http://www.nrf.ac.za/publications/marinerep/genetic.htm>
- Dulvy NK, Sadovy Y, y Reynolds JD. 2003. Extinction vulnerability in marine populations. *Fish and Fisheries*, 4:25-64.
- Dupanloup I, Schneider S, Langaney A, y Excoffier L. 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Mol Ecol.* 11: 2571-2581.
- Elgar MA, y Clode D. 2001. Inbreeding and extinction in island populations: a cautionary note. *Cons. Biol.* 284-286.
- Espino-Bar E, Macías-Zamora M, Cruz Romero M, y García Boa A. 1997. Catch per unit effort in the coastal fishery off Manzanillo, Colima, Mexico. *Fish. Manage. Ecol.*
- Everest GV. 1995. Fisheries bycatch and discards: A report from FAO. En: Solving bycatch: considerations for today and for tomorrow. Alaska Sea Grant College Program Report no. 96-03 University of Alaska. Fairbanks. 322 pp.
- FAO. 2001. Tropical shrimp fisheries and their impact on living resources. Shrimp fisheries in Asia: Bangladesh, Indonesia and the Philippines; in the Near East: Bahrain and Iran; in Africa: Cameroon, Nigeria and the United Republic of Tanzania; in Latin America: Colombia, Costa Rica, Cuba, Trinidad and Tobago, and Venezuela. FAO Fisheries Circular No. 974 FIIT/C974. http://www.fao.org/documents/show_cdr.asp?url_file=/docrep/007/y2859e/y2859e00.htm Activa mayo 2005.
- Féral JP. 2001. How useful are the genetic markers in attempts to understand and manage marine biodiversity? *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 268:121-145.
- Fischer W, Krupp F, Schneider W, Sommer C, Carpenter KE, y Niem VH. (Ed). Guía FAO para la identificación de las especies para los fines de la pesca. Pacífico centro oriental. Vol I plantas e invertebrados. Vol II parte 1. Vertebrados Vol III parte 2 Vertebrados. Roma, FAO
- Fischer AJ, Baker MS, y Wilson CA. 2004. Red snapper (*Lutjanus campechanus*) demographic structure in the northern Gulf of Mexico based on spatial patterns in growth rates and morphometrics. *Fish. Bull.* 102: 593-603.
- Forbesa JG, Morris HD y Wang K. 2006. Multimodal imaging of the sonic organ of *Porichthys notatus*, the singing midshipman fish. *Magnetic Resonance Imaging* 24:321–331

- Frankham R, Ballou JD, y Briscoe DA. 2003. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Pres. Cambridge, U.K.
- Froese R. 2006. Cube law, condition factor and weight-length relationships: history, metaanalysis and recommendations. *J. Appl. Ichthyol.* 22: 241-253
- Froese R y Pauly D. (Eds). 2006. FishBase. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, version (10/2006).
- Froese R, y Pauly D. (Eds). 2010. FishBase. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, version (01/2010).
- Fry GC y Milton DA. 2009. Age, growth and mortality estimates for populations of red snappers *Lutjanus erythropterus* and *Lutjanus malabaricus* from northern Australia and eastern Indonesia. *Fish. Sci.* 75(5):1219-1229
- Fuller RC, Carleton KL, Fadool JM, Spady TC, y Travis J. 2004. Population variation in opsin expression in the bluefin killifish, *Lucania goodei*: a real-time PCR study. *J. Comp. Physiol. A.* 190: 147–154
- Gaines WL, Harrod RJ, y Lehmkuhl JF. 1999. Monitoring biodiversity: quantification and interpretation. Gen. Tech. Rep. PNW-GTR-443. Portland, OR: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Pacific Northwest Research Station. 27 p.
- Gaither MR, Toonen RJ, Robertson DR, Planes S, y Bowen BW. 2009. Genetic evaluation of marine biogeographical barriers: perspectives from two widespread Indo-Pacific snappers (*Lutjanus kasmira* and *Lutjanus fulvus*). *J. Biogeogr.* 1-15.
- Gallaway BJ y Cole JG. 1999. Reduction of Juvenile Red Snapper Bycatch in the U.S. Gulf of Mexico Shrimp Trawl Fishery. *N. Am. J. Fish. Manage.* 19:342-355.
- Garber AF, Tringali MD, y Stuck KC. 2004. Population structure an variation in red snapper (*Lutjanus campechanus*) from the Gulf of Mexico and Atlantic coast of Florida as determined from mitochondrial CAN control region sequence.
- García CB y Duarte LO. 2006. Length-based estimates of growth parameters and mortality rates of fish populations of the Caribbean Sea. *J. Appl. Ichthyol.* 22: 193-200.
- Garcia-Vazquez E, Izquierdo JI, y Perez J. 2006. Genetic variation at ribosomal genes supports the existence of two different European subspecies in the megrim *Lepidorhombus whiffiagonis* *J. Sea Res.* 56: 59–64
- Garrison KJ, y Miller BS. 1982. Review of the Early Life History of Puget Sound Fishes. Unpubl. Report FRI-UW-8216, Fish. Res. Inst. Univ. Wash., Seattle, WA.
- Gayanilo FC Jr y Pauly D. (Eds.), 1997. The FAO-ICLARM Stock Assessment Tools (FiSAT) Reference Manual. FAO Computerized Information Series (Fisheries). No. 8. Rome, FAO, 262 p.
- Gell FR y Robert CM. 2003. Benefits beyond boundaries: the fishery effects of marine reserves. *Trends Ecol. Evol.* 8(9):448-455.

- Girman D. 1996. The use of PCR-based single-stranded conformation polymorphism analysis (PCR-SSCP) in conservation genetics. En: Smith T.B. y R.K. Wayne (eds). *Molecular Genetic Approaches in Conservation*. Oxford University Press, Oxford. p 167-182.
- Gold JR, Park E, y Richardson LR. 2001. Microsatellite variation among red snapper (*Lutjanus campechanus*) from the Gulf of Mexico. *Mar. Biol.* 3(3):293-304.
- Knaepkens G, Knapen D, Bervoets L, Hänfling B, Verheyen E y Eens M. 2002. Genetic diversity and condition factor: a significant relationship in Flemish but not in German populations of the European bullhead (*Cottus gobio* L.). *Heredity* 89:280–287.
- Graham GL. 1995. Finfish bycatch from the southeastern shrimp fishery. En: *Solving bycatch: considerations for today and for tomorrow*. Alaska Sea Grant College Program Report no. 96-03 University of Alaska. Fairbanks. 322 pp.
- Graves JE. 1998. Molecular insights into the population structures of cosmopolitan marine fishes. *J. Heredity* 89: 427-437.
- Greenstreet SPR y Rogers SI. 2000. Effects of fishing on non-target fish species. Pp. 217-234 En: Kaiser MJ y de Groot SJ. (Eds.) *Effects of fishing on non-target species and habitats: biological conservation and socio-economic issues*. Oxford, Blackwell Science.
- Grimes CB. 1987. Reproductive biology of the Lutjanidae: a review. En: Polovina JJ, Ralston S (Eds.) *Tropical Snappers and Groupers: Biology and Fisheries management*. Westview press, Boulder, Colorado, EUA.
- Guarín N. 2002. Estadística aplicada. <http://webpages.ull.es/users/bjglez/Curso%20de%20Estadistica%20Aplicada.pdf>. Activa octubre 2006.
- Guerrero-Tortoledo D, Muhlia-Melo A, y Rodríguez-Romero J. 1999. Preliminary study on the effect of stocking density on growth and survival of the yellow snapper *Lutjanus argentiventris* confined in cages in tidal pond. *North Amer. J. Aquacult.* 61: 82-84
- Gulland JA. 1983. *Fish Stock Assessment. A Manual of Basic Method* FAO/Wiley Series on Food and Agriculture, Rome, pp: 241.
- Gutiérrez-Vargas R, y Duran-Delgado M. 1999. Culture of *Lutjanus guttatus* (Pisces: Lutjanidae) in floating cages. *Uniciencia* 15-16: 27-34.
- Haimovici M y Velasco G. 2000. Length-weight relationships of marine fishes from southern Brazil. *NAGA ICLARM Q.* 23(1):19-23.
- Harrison CJ y Langdale JA. 2006. *Techniques for molecular biology. A step-by-step guide to phylogeny reconstruction*. The Plant J. 45: 561–572
- Hartl DL y Clark AG. 2007. *Principles of population genetics*. Sinauer Assoc. Inc.

- Hauser L, Adcock GJ, Smith PJ, Bernal-Ramírez JH y Carvalho GR. 2002. Loss of microsatellite diversity and low effective population size in an overexploited population of New Zealand snapper (*Pagrus auratus*) PNAS 99(18):11742–11747.
- Hayashi K. 1991. PCR-SSCP: a simple and sensitive method for detection of mutations in the genomic DNA. PCR Methods and Appl. 1: 34-38.
- Hebert PDN, Ratnasingham S, y de Waard JR. 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proc. R. Soc. Lond. B (Suppl.) 270: S96–S99
- Heino M. 2003. Does fishing cause genetic evolution in fish stocks? International Institute for Applied Analysis. Interim Rep. IR-03-060.
- Heist EJ y Gold JR. 2000. DNA microsatellite loci and genetic structure of red snapper in the Gulf of Mexico. Trans. Amer. Fish Soc. 129(2):469-475.
- Hernández-Saavedra NY. 2004. Introducción. En: Fundamentos de Marcadores Moleculares. Curso Taller, CIBNOR. Manual. La Paz, B.C.S. Mexico. 75 pp.
- Higgins K y Lynch M. 2001. Metapopulation extinction caused by mutation accumulation. PNAS 98 (5): 2928–2933
- Hilborn R, Quinn TP, Schindler DE, y Rogers DE. 2003. Biocomplexity and fisheries sustainability PNAS 100(11): 6564-6568.
- Holder M y Lewis PO. 2003. Phylogeny estimation: traditional and bayesian approaches. Nature Reviews in Genetics. 4: 275-284
- Hutchings JA y Bakun JK. 2005. Measuring marine fish biodiversity: temporal changes in abundance, life history, and demography. Phil. Trans. R. Soc. B 305:315-338.
- Hwang UW y Kim W. 1999. General properties and phylogenetic utilities of nuclear, ribosomal, and mitochondrial DNA commonly used in molecular systematics. Korean J. Parasitol. 37: 215-228
- Imsland AK y Jónsdóttir ÓDB. 2003. Linking population genetics and growth properties of Atlantic cod. Rev. Fish Biol. Fish. 13: 1–26
- Itoli S, Takai N, Naya S, Daikiri K, Yamada A, Akimoto S, Yoshihara K, y Sugita H. 2008. Species identification method for *Scombrops boops* and *Scombrops gilberti* based on polymerase chain reaction–restriction fragment length polymorphism analysis of mitochondrial DNA. Fish. Sci. 74: 503–510
- Jennings S. y Kaiser M. 1998. The effects of fishing on marine ecosystems. Adv. Mar. Biol., 34: 201-35
- Jonathan SF, Lee T, y Bass AH. 2005. Differential effects of 11-ketotestosterone on dimorphic traits in a teleost with alternative male reproductive morphs Hormones and Behavior 47: 523-531
- Jones GP, Milicich MJ, Emslie MJ, Lunow C. 1999. Selfrecruitment in a coral reef fish population. Nature. 402: 802-804.

- Jones R. 1984. Assessing the effects of changes in exploitation pattern using length composition data (with notes on VPA and cohort analysis). FAO Fish.Tech.Pap. (256): 118p.
- Kelleher K. 2005. Discards in the world's marine fisheries. An update. FAO Fisheries Technical Paper. No. 470. Rome, FAO. 131p.
- Kenchington E y Heino M. 2003. Maintenance of genetic diversity: Challenges for management of marine resources. International institute for Applied Systems Analysis. Interim Rep. IR-03-005. Luxemburg, Austria. 17 pp.
- Kenchington E, Heino M, y Nielsen EE. 2003. Managing marine genetic diversity: time for action? ICES Journal of Marine Science, 60: 1172–1176.
- Kenchington E. 2001. The Effects of Fishing on Species and Genetic Diversity. Abstracts of Papers Presented at The Reykjavik Conference on Responsible Fisheries in the Marine Ecosystem - Reykjavik, Iceland, 1 - 4 October 2001. FAO Fisheries Report No. 658, Supplement.
- Knaepkens G, Knapen D, Bevortes L, Hänfling B, Verheyen E y Eens M. 2002. Genetic diversity and condition factor: A significant relationship in Flemish but not in German populations of the European bullhead (*Cottus gobio* L.). Heredity. 89:280-287.
- Knowlton N. 2000. Molecular genetic analyses of species boundaries in the sea. Hydrobiology, 420: 73–90.
- Knudsen H, Jorde PE, Andre C, y Stenseth NC. 2003. Fine scaled geographical population structuring in a highly mobile marine species: the Atlantic cod. Mol. Ecol. 12:385-394.
- Labate JA. 2000. Software for Population Genetic Analyses of Molecular Marker Data. Crop Sci. 40:1521-1528.
- Laikre L, Palm S y Ryman N. 2005. Genetic Population Structure of Fishes: Implications for Coastal Zone Management. Ambio 34(2):111-119.
- Lakra WS, Goswami M, y Gopalakrishnan A. 2009. Molecular identification and phylogenetic relationships of seven Indian Sciaenids (Pisces: Perciformes, Sciaenidae) based on 16S rRNA and cytochrome c oxidase subunit I mitochondrial genes. Mol. Biol. Rep. 36:831-839
- Lande R. 1988. Genetics and Demography in biological conservation. Science 241(4872):11455-1460.
- Lane ED. 1967. A Study of the Atlantic Midshipman, *Porichthys porosissimus*, in the vicinity of Port Aransas, Texas. Contr. mar. Sci. Univ. Texas, 12: 1-53
- Lavín MF, Berier E, y Badan A. 1997. Estructura hidrográfica y circulación del Golfo de California: Escalas estacional e interanual. En: Contribuciones a la Oceanografía Física en México. Unión Geofísica Mexicana. Monografía No. 3. 272 pp

- Leis JM. 1986. Review of the early life history of tropical groupers (Serranida) and snappers (Lutjanidae). En: Polovina JJ. Y Ralston S (Ed). Tropical snappers and groupers: biology and fisheries management. Westview press, Boulder, Colorado, EUA.
- Lluch-Cota SE, Aragón-Noriega A, Arreguín-Sánchez F, Aurióles-Gambóa D, Bautista-Romero JJ, Brusca R, Cervantez-Duarte R, Cortéz-Altamirano R, Del-Monte-Luna P, Esquivel-Herrera A, Fernández G, Hendrickx M, Hernández-Vázquez S, Karhu M, Lluch-Belda D, Lluch-Cota DB, López-Martínez J, Marinone SG, Nevárez-Martínez MO, Ortega-García S, Palacios E, Parés-Sierra A, Ponce-Díaz G, Ramírez M, Salinas-Zavala CA, Schwartzlose RA y Sierra-Beltrán PA. 2004. Gulf of California. En: Pisces special publication No. 1. Marine Ecosystems of the North Pacific. Pisces 2004. 193-199 pp http://www.pices.int/publications/special_publications/
- López-Martínez J, Morales-Bojorquez ME, Paredes-Mallon F, Luch-Belda D, y Cervantes-Valle C. 2000. La pesquería de Camarón de Altamar de Sonora. En: BAC Centros de Actividad Biológica del Pacífico Mexicano. D. Luch-Belda, J. Elourdy-Garay, S. E. Luch-Cota y G. Ponce Díaz. 367 pp. CIBNOR, CICIMAR CONACyT.
- Madureira LSP y Rossi-Wongtschowski CLDB, (Editors). 2005. Prospecção de recursos pesqueiros pelágicos na Zona Econômica Exclusiva da Região Sudeste-Sul do Brasil: hidroacústica e biomassas.. Série documentos Revizee: Score Sul, Instituto Oceanográfico, USP, São Paulo, Brazil. 144 p.
- Marinone SG y Lavín MF. 1997. Mareas y corrientes residuales en el Golfo de California. En: Contribuciones a la Oceanografía Física en México. Unión Geofísica Mexicana. Monografía No. 3. 272 pp.
- Marko PB, Lee SC, Rice AM, Gramling JM, Fitzhenry TM, Mcalister JS, George GR y Moran AL. 2004. Fisheries Mislabeled of a depleted ref fish. Nature 430(6997):309-310.
- Martínez-Andrade F. 2003. A comparisson of life histories and ecological aspects among snappers (Pises:Lutjanidae) Tesis de doctorado. Louisiana State University and Agricultural and Mechanical Collage. The Department of Oceanography and Coastal Sciences. 201 pp.
- Mellink E. y Romero-Saavedra AL. 2005. Diet of California sea lions, *Zalophus californianus*, at San Jorge Island, northern Gulf of California, Mexico, 1998-1999 Cienc. Mar. 31(2):369-377
- MexFish. 2010. Mexico fishing reports, fish photos, and fish species identification information. Consultada Enero 2010. <http://www.mexfish.com/fish/sptrssnap/sptrssnap.htm>
- Miller MP. 1997. Tools for population genetic analysis (TFPGA) 1.3. A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data. Distributed by the author.

- Moser H, (Ed). 1996. The early stages of fishes in the California Current region. CalCOFI, La Jolla, California, USA.
- Muhlia-Melo A, Guerrero-Tortolero D, Pérez-Urbiola JC y Campos-Ramos R. 2003. Results of spontaneous spawning of yellow snapper *Lutjanus argentiventris* (Peters, 1869) reared in inland ponds in La Paz, Baja California Sur, Mexico. *Fish Physiol. Biochem.* 28: 511-512
- Naiman RJ, y LatterellJJ. 2005. Principles for linking fish habitat to fisheries management and conservation. *J. Fish Biol.* 67(Suppl. B):166–185
- Nei M y Tajima F. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*, 97:145-163.
- Nesbø CL, Rueness EK, Iversen SA, Skagen DW, y Jakobsen KS. 2000. Phylogeography and population history of Atlantic mackerel (*Scomber scombrus* L.) a genealogical approach reveals genetic structuring among eastern Atlantic Stocks *Proced. Royal Soc, B.* 267: 281-292
- Newman SJ, Williams DM, y Russ GR. 1996. Age validation, growth and mortality rates of the tropical snappers (Pisces: Lutjanidae) *Lutjanus adetii* (Castelnau, 1873) and *L. quinquelineatus* (Bloch, 1790) from the central Great Barrier Reef, Australia *Marine and Freshwater Research*, 47(4): 575-584
- Newton CR, y Graham A. 1997. PCR. Second edition. Bios Scientific Publisher Limited p 192.
- Nikolsky G. 1963. The ecology of fishes. Londres. Academic Press.
- Nix RK. 2005. Gulf of California. A Physical, Geological and Biological Study. University of Texas, Dallas. Teaching Units for Science Educators. Notes. http://www.utdallas.edu/~rnix/MAT-SE_Units/gulf_cal.pdf Activa junio 2005.
- Orita M, Iwahana H, Kanazawa H, Hayashi K y Sekiya T. 1989. Detection of polymorphisms of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation polymorphisms. *PNAS*, 86: 2766-2770.
- Orrell TM, Carpenter KE, Musick JA, y Graves JE. 2002. Phylogenetic and biogeographic analysis of the Sparidae (Perciformes: Percoidei) from cytochrome b sequences. *Copeia* 2002:618–631
- Ovenden JR y Street R. 2003. Genetic population structure of mangrove jack *Lutjanus argentimaculatus* (Forskål, 1775) *Mar. Fresh. Res.* 54: 127-137.
- Ovenden JR, Lloyd J, Newman SJ, Keenan CP y Slater SL. 2002 Spatial genetic subdivision between northern Australian and southern Asian populations of *Pristipomoides miltidens*: a tropical marine reef fish species. *Fish. Res.* 59: 57-69.
- Palazón-Fernandez JL, Potts JC, Manooch III CS, y Sarasquete C. 2010. Age, growth and mortality of the toadfish, *Halobatrachus didactylus* (Schneider, 1801) (Pisces: Batrachoididae), in the Bay of Cádiz (southwestern Spain). *Scientia Marina* 74(1):121-130

- Palumbi SR. 2003. Population genetics, demographic connectivity and the design of marine reserves. *Ecol. Appl.* 13(1) (Suppl):146–158
- Pauly D. 1980. On the interrelationships between natural mortality, growth parameters and mean environmental temperature in 175 fish stocks. *J. Cons. CIEM*, 39(3):175-192.
- Pauly D. 1987. A review of the ELEFAN system for the analysis of length-frequency data in fish and aquatic invertebrates. *ICLARM Conf. Proc.* 13:7-34.
- Pauly D. y David N, 1981. ELEFAN I, a BASIC program for the objective extraction of growth parameters from length-frequencies data. *Meeresforsch.*, 28(4):205-211.
- Pérez-Enríquez R. 2004. RFLPs. En: *Fundamentos de Marcadores Moleculares. Curso Taller, CIBNOR. Manual. La Paz, B.C.S. Mexico.* 75 pp.
- Pérez-Rusafa A, González-Wangüement M, Lenfant P, Marcos C y García-Charton JA. 2006. Effects of fishing protection on the genetic structure of fish populations. *Biological Conservation.* 129:244-255.
- Polovina JJ y Ralston S. 1987. Tropical snappers and groupers. *Biology and fisheries management.* Westview press, Boulder, Colorado, EUA.
- Posada D and Crandall KA 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics.* 14(9): 817-818.
- Powell DG. 1979. Estimation of mortality and growth parameters from the length-frequency in the catch. *Rapp. P.-V. Réun. CIEM*, 175: 167-169.
- Prager MH, Recksiek CW, y Saila SB. 1987 *Nonlinear parameter estimation for fisheries.* Ver.3.05.
- Pruett CL, Saillant E, y Gold JR. 2005. Historical population demography of red snapper (*Lutjanus campechanus*) from the northern Gulf of Mexico based on analysis of sequences of mitochondrial DNA. *Mar. Biol.* 147: 593–602
- Ptacek MB, Sarver SK, Childress MJ, y Herrnkind WF. 2001. Molecular phylogeny of the spiny lobster genus *Panulirus* (Decapoda: Palinuridae). *Mar. Freshw. Res.*, 52:1037-1047.
- Ralston S. 1987. Mortality rates of snappers and groupers. En: Polovina JJ y Ralston S (Eds.) *Tropical snappers and groupers. Biology and fisheries management.* Westview press, Boulder, Colorado, EUA
- Ramos-Cruz S. 2001. Evaluación de la pesquería de huachinango *Lutjanus peru* en la zona costera de Salina Cruz, Oaxaca, México, durante 1995. INP. SAGARPA. México. *Ciencia Pesquera* No. 15.
- Ravago-Gotanco RG y Juinio-Meñez MA. 2004. Population genetic structure of the milkfish, *Chanos chanos*, based on PCR-RFLP analysis of the mitochondrial control region. *Mar. Biol.* 145: 789–801
- Reusch TBH, Ehlers A, Hammerli A y Worm B. 2005. Ecosystem recovery after climatic extremes enhanced by genotypic diversity. *PNAS* 102(8):.2826–2831.

- Riginos C. 2005. Cryptic vicariance in Gulf of California fishes parallels vicariant patterns found in Baja California mammals and reptiles. *Evolution*, 59(12):2678–2690
- Robertson DR y Allen GR. 2002 *Shorefishes of the tropical eastern Pacific: an information System*. Smithsonian Tropical Research Institute, Balboa Panamá. CD ver 2.0.0.
- Rocha-Olivares A y Sandoval-Castillo JR. 2003. Diversidad mitocondrial y estructura genética en poblaciones alopátricas del guachinango del Pacífico *Lutjanus peru*. *Cienc. Mar.* 29(2):197-209.
- Roff DA y Bentzen P. 1989. The statistical analysis of mitochondrial DNA polymorphisms: χ^2 and the probe of small sample. *Mol Biol. Evol.* 6:539-545.
- Rojas-Herera AA. 2001. Aspectos de dinámica poblacional es del huachinango *Lutjanus peru* (Nichols y Murphy, 1922) y del flamenco *Lutjanus guttatus* (Stendachner, 1869)(Pisces: Lutjanidae) del litoral de Guerrero, México. Tesis Doctoral. Universidad de Colima. Manzanillo, Colima, México. 206 pp.
- Rojas-Herrera AA, Mascaró M, y Chiappa-Carrara X. 2004. Hábitos alimentarios de los peces *Lutjanus peru* y *Lutjanus guttatus* (Pisces: Lutjanidae) en Guerrero, México. *Rev. Biol. Trop.* 52(4): 959-97.
- Rojo-Vázquez, Arreguín-Sánchez R, Godínez-Domínguez E, y Ramírez-Rodríguez M. . 1999. Selectividad de redes de enmalle para el pargo lunarejo (*Lutjanus guttatus*) y el pargo alazán (*Lutjanus argentiventris*) en Bahía de Navidad, Jalisco, México. *Cienc. Mar.* 25:145-152.
- Rosales JF. 1976. Contribución al conocimiento de la fauna de acompañamiento del camarón en alta mar, frente a la costa de Sinaloa, México. En: INP (ed.) Mem. Reunión sobre los recursos de la pesca costera de México. Veracruz, 23-25 noviembre de 1976: 25-80.
- Ruiz-Ramirez S, Lucano-Ramírez G y Mariscal-Romero J. 1997. Length-weight relationships of soft-bottom demersal fishes from Jalisco and Colima states, Mexico. *Naga ICLARM Q.* 20(3/4):62-63.
- SAGARPA. 2002a. Sustentabilidad y pesca responsable en México. Evaluación y Manejo. 1999-2000. Instituto Nacional de la Pesca. SAGARPA. Mexico. <http://www.inp.sagarpa.gob.mx/Publicaciones/sustentabilidad/default.htm>
- SAGARPA. 2006. Carta nacional pesquera. Instituto Nacional de la Pesca. SAGARPA. México. <http://www.inp.sagarpa.gob.mx/CNP/anexo.htm>
- Saillant E, Mousseau TA y Gold JR. 2003. Genetic variation and relatedness of juvenile red snapper sampled from shrimp trawls in the northern Gulf of Mexico. *Trans. Amer. Fish. Soc.* 132(6):1229-1235.
- Salini JP, Ovenden JR, Street R, Pendrey R, Haryanti y Ngurah. 2006. Genetic population structure of red snappers (*Lutjanus malabaricus* Bloch & Schneider, 1801 and *Lutjanus erythropterus* Bloch, 1790) in the central and eastern Indonesia and northern Australia. *J. Fish. Biol.* 68 Suppl B: 217-234.

- Sambrook J y Russell DW. 2001. Molecular cloning, A laboratory manual. Cold spring harbor laboratory press, Nueva York, EUA.
- Sandoval-Castillo J, Rocha-Olivares A, Villavicencio-Garayzar C, y Balart E. 2004. Cryptic isolation of Gulf of California shovelnose guitarfish evidenced by mitochondrial DNA. *Mar. Biol.* 145: 983–988)
- Sarver SK. Freshwater DW y Walsh PJ. 1996. Phylogenetic Relationships of Western Atlantic Snappers (Family Lutjanidae) Based on Mitochondrial DNA Sequences. *Copeia*, 3: 715-721
- Saucedo-Lozano M. y Chiappa-Carrara X. 2000. Alimentación natural de juveniles de *Lutjanus guttatus* (Pisces: Lutjanidae) en la costa de Jalisco y Colima, México. *Bol. Centro Inv. Biol. Maracaibo*, 34(2):159-180.
- Serafy JE, Hopkins TE, y Walsh PJ. 1997. Field studies on the ureogenic gulf toadfish, *Opsanus beta* (Goode and Bean), in a subtropical bay: I. Patterns of abundance, size composition and growth. *J. Fish Biol.* 50: 1258 1270.
- Shepherd JG. 1987. A weakly parametric method for estimating growth parameters from length composition data. En: Pauly D. y Morgan GR. (Eds). Length-based methods in fisheries research. ICLARM Conf. Proc. 13.
- Shumway CA. 1999. A neglected science: applying behavior to aquatic conservation. *Env. Biol. Fish.* 55 (1-2):183-201.
- Sierra-Rodríguez P, Acosta-Castañeda C, García-Borbón JA, García-Juárez AR, Liedo-Galindo A, Melchor-Aragón JM, Ramos-Cruz S, Rosas-Cota A, Toledo Díaz-Rubín MP, Zárate-Becerra E. 2005. En: Sustentabilidad y pesca responsable en México 1999-2000. Pesquerías del Océano Pacífico. Camarón. INP http://cripens.inp.gob.mx/sust_pesc_resp_ev_manejo_1999_2000/ Activa junio 2005.
- Sisneros JA, Forlano PM, Knapp R y Bass AH. 2004. Seasonal variation of steroid hormone levels in an intertidal-nesting fish, the vocal plainfin midshipman. *General Comp. Endocrin.* 136:101–116
- Sites JW Jr y Marshall JC. 2004 Operational criteria for delimiting species. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 35:199–227.
- Smith PJ. 1994. Genetic diversity of marine fisheries resources. Possible impacts of fishing. *FAO Fish. Tech. Pap. No. 334.* Rome, FAO. 53 pp.
- Sonatore GCM, Lagos VL, Benetti D y Velarde ES. 1998. Ongrowing in stain snapper (*Lutjanus guttatus*): evaluation of growth with two culture densities *Aquaculture '98 Book of Abstracts*
- Sparre P y Venema SC. 1992. Introduction to tropical fish stock assessment. Part. 1. Manual. *FAO Fish. Tech. Pap. No. 306.1 Rev 1.* Rome, FAO. 372 pp.
- Spielman D, Brook BW. y Frankham R. 2004. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *PNAS*, 101(42):15261–15264.

- Stepien CA, Rosenblatt RH y Bargmeyer BA. 2001. Phylogeography of the Spotted Sand Bass, *Paralabrax maculatofasciatus*: Divergence of Gulf of California and Pacific Coast Populations. 2001. *Evolution*, 55: 1852-1862
- Sumerer M, Hanel R, y Sturmbauer C. 2001. Mitochondrial phylogeny and biogeographic affinities of sea breams of the genus *Diplodus* (Sparidae) *J. Fish Biol.* 59: 1638-1652.
- Surzycki, S. 2000. *Basic techniques in Molecular Biology*. Springer-Verlag. Berlin.
- Tabata K y Mizuta A. 1997. RFLP analysis of the mtDNA D-loop region in red sea bream *Pagrus major* population from four locations off Western Japan. *Fish. Sci.* 63(2):211-217.
- Tabata K y Taniguchi N. 2000. Differences between *Pagrus major* and *Pagrus auratus* through mainly mtDNA control region analysis. *Fish Sci* 66: 9–18
- Tamura K, Dudley J, Nei M y Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Biol. Evol.* 24:1596-1599
- Taylor CC. 1958. Cod growth and temperature. *J. Cons. CIEM* 23:266-370.
- Thompson JD, Higgins DG, y Gibson TJ. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22:4673-4680.
- Thomson DA, Findley LT y Keristitch AN. 1979. *Reef fishes of the sea of Cortez*. John Wiley and Sons. New York. 302 pp.
- Valverde-Chavarria S y Boza-Abarca J. 1999. Spawning induction in females of spotted snapper, *Lutjanus guttatus* (Steindachner, 1869). *Uniciencia* 15-16:65-69..
- Van der Heiden A. 1985. Taxonomía, biología y evaluación de la ictiofauna demersal del Golfo de California. En: A. Yáñez-Arancibia (ed.) *Recursos Pesqueros Potenciales de México. La Pesca Acompañante del Camarón*. PUA, ICMYL, UNAM/ INP. México: 149-200.
- Vásquez-Juárez R. 2004. SCCP-MHC. En: *Fundamentos de Marcadores Moleculares*. Curso Taller, CIBNOR. Manual. La Paz, B.C.S. México. 75 pp.
- Vecchione M, Mickevick MF, Fauchald K, Collete BB, Williams AB, Munroe TA y Young RE. 2000. Importance of assessing taxonomic adequacy in determining fishing effects on marine biodiversity. *ICES J Mar. Sci.* 57: 677-681
- Vianna M, Tomas ARG y Verani JR. 2000. Aspects of the biology of the Atlantic midshipman, *Porichthys porisissimus* (Teleostei, Batrachoididae): an important by-catch species of shrimp trawling off southern Brazil. *Rev. Bras. Oceanogr.* 48(2):131-140.
- Walker BD. 1960. The distribution and affinities of the marine fish fauna of the Gulf of California. *Syst. Zool.* 9(3):123-133

- Walsh PJ, We Z, Wood CM, Loong AM, Hiong KC, Lee SML, Wong WP, Chew SF y IP YK. 2004. Nitrogen metabolism and excretion in *Allenbatrachus grunniens* (L): effects of variable salinity, confinement, high pH and ammonia loading. *J. Fish. Biol.* 65:1392–1411
- Walters C, Pauly D, Christensen V y Kitchell JF. 2000. Representing density dependent consequences of life history strategies in aquatic ecosystems: EcoSim II. *Ecosystems*, 3(1):70-83
- Wang Y, y Walsh PJ. 2000. High ammonia tolerance in fishes of the family Batrachoididae (toadfish and midshipmen). *Aquat. Toxic.*, (Amsterdam) 50(3):205-219
- Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Phil. Trans. Royal. Soc. B* 360:1847–1857.
- Ward RD. 2000. Genetics in fisheries management. *Hydrobiologia* 420: 191–201
- Watling L y Norse EA. 1998. Disturbance of the seabed by mobile fishing gear: A comparison to forest clearcutting. *Conservation Biology* 12(6):1180-1197.
- Wetherall JA. 1986. A new method for estimating growth and mortality parameters from length-frequency data. *ICLARM Fishbyte*, 4(1): 12-14.
- William A y Balmford A. 2001. When does conservation genetics matter? *Heredity*. 87: 257-265.
- Wui Y. 2002. An integrated economic analysis of alternative bycatch, commercial, and recreational policies for the recovery of Gulf of Mexico red snapper. *Diss. Abst. Int. Pt. A - Hum. & Soc. Sci.* 63(4):1467.
- Yogesh, S. y Milind, P. (2000). Sequence analysis of mitochondrial 16S ribosomal RNA gene fragment from seven mosquito species. *J. Biosci.* 25(4): 361- 366.
- Yuxiang W y Walsh PJ. 2000. High ammonia tolerance in fishes of the family Batrachoididae (Toadfish and Midshipmen). *Aquat. Toxicol.* 50(3):205-219.
- Zardoya R, Castilho R, Grande C, Favre-Krey L, Caetano S, Marcato S, Krey G, y Patarnello T. 2004. Differential population structuring of two closely related fish species, the mackerel (*Scomber scombrus*) and the chub mackerel (*Scomber japonicus*), in the Mediterranean Sea. *Mol. Ecol.* 13: 1785-1798.
- Zhang J y Xin L. 2006. The phylogenetic relationship of the family Lutjanidae based on analyses of AFLP and mitochondrial 12S rRNA sequences. *Chinese Sci. Bull.* 51 Supp. II 143 148.
- Zhu S, Yang Y, Zheng W, Shen X, Zou J. 2008. Molecular phylogenetic relationship of *Epinephelus* based on sequences of mtDNA Cyt b. *Front. Biol. China*, 3(2): 207-212.