

Caracterización genómica de las poblaciones del Dorado *Coryphaena hippurus*, en el Pacífico Oriental

PARTICIPANTES

UNAM:

PÍNDARO DÍAZ-JAIMES
FERNANDO MAR-SILVA
MARIED OCHOA-ZAVALA

CICIMAR:

SOFÍA ORTEGA-GARCÍA
ULIANOV JAKES-COTA

IMARPE:

ANA ALEGRE
GIOVANA SOTIL
RODRIGO PAIVA
AMADO CHE

INP-ECUADOR:

ESTEBAN ELÍAS

INCOPECA-COSTA RICA:

JOSÉ MIGUEL CARVAJAL



DNA nuclear

La propuesta original fue el análisis del DNA nuclear de muestras de músculo de dorado utilizando juveniles (<30 cm) y adultos (90 cm)





Posición geográfica de los organismos muestreados

Cabo San Lucas, México
Oceanicas
Puerto Ángel, México
Puntarenas, Costa Rica
Santa Rosa, Ecuador
Paíta, Perú
Pucusana, Perú



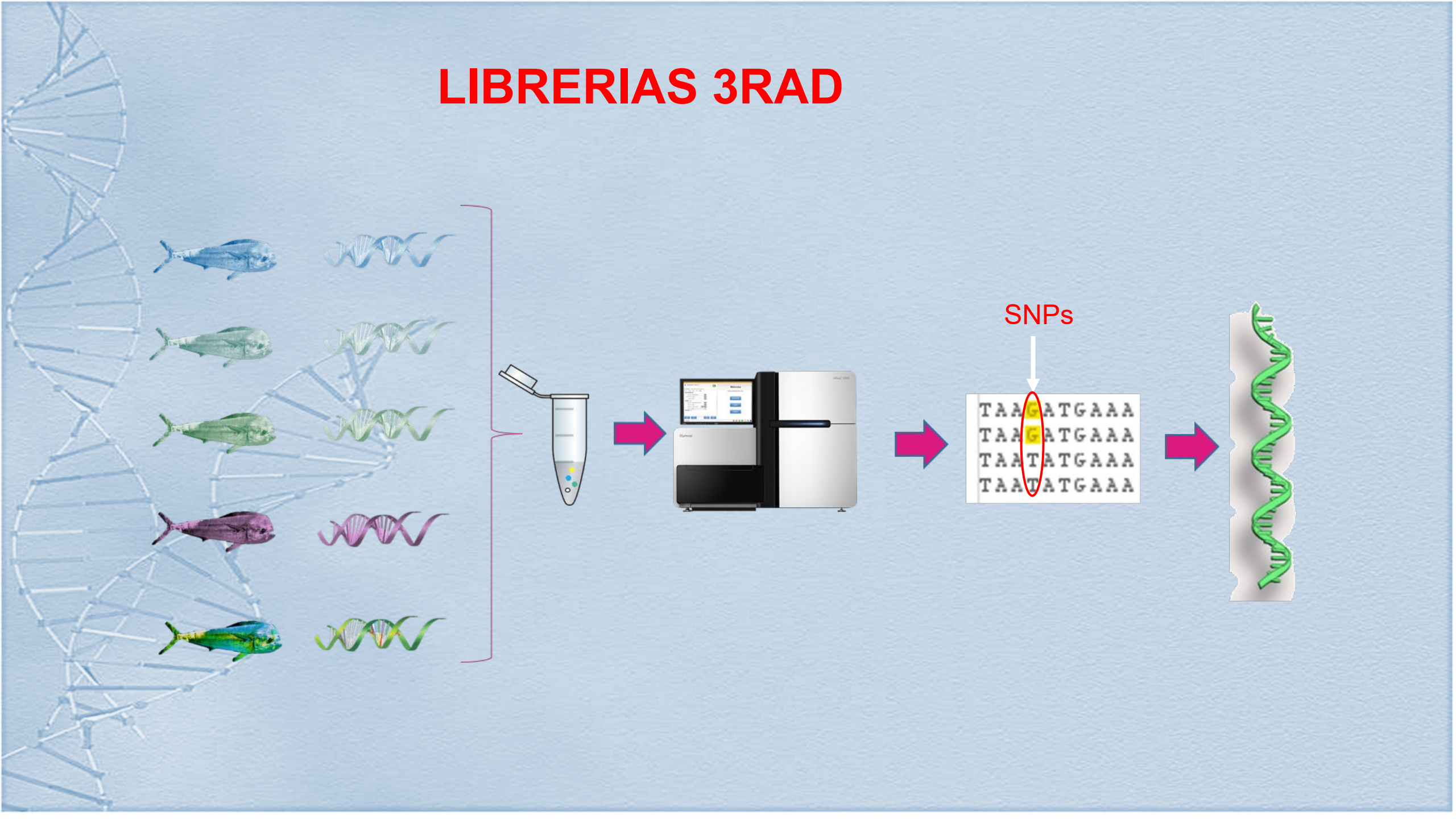
161 adults

Cabo San Lucas, México
Oceanicas
Bahía Banderas, México
Puntarenas, Costa Rica
Santa Rosa, Ecuador
Paíta, Perú



111 juveniles

LIBRERIAS 3RAD



Resultados

- La secuenciación genómica se realizó en un equipo Illumina PE150 en dos corridas independientes r1 y r2.
- Se generaron un promedio de 576 millones de lecturas para los pools enviados
- La cobertura por individuo generada fue de entre 21X a 70X

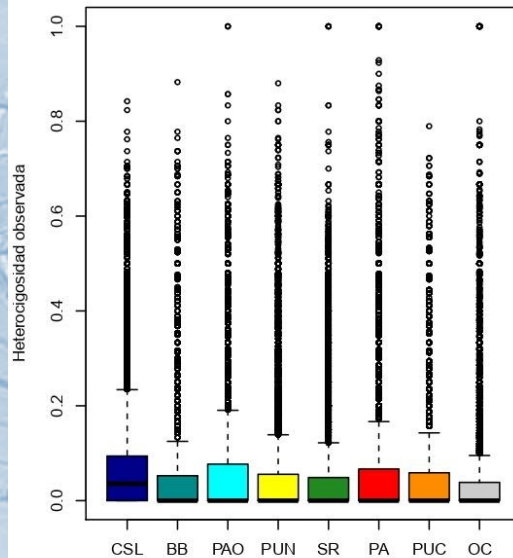
Análisis Bioinformático

- Fueron recuperadas 2 millones de lecturas en promedio por individuo
- Del análisis *denovo* se obtuvo un total de 29,027 loci y 27,294 SNPs tanto para adultos como para juveniles,
- El porcentaje de 'missing data' fue del 25%

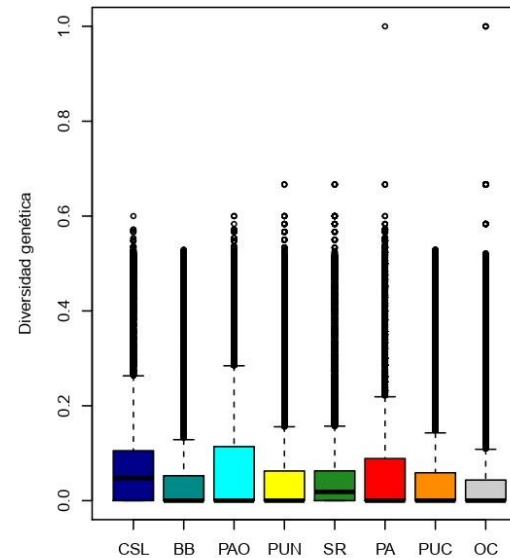
Diversidad Genética

- Individuos totales (272), juveniles (111), adultos(170), machos (89), hembras (179)
- La diversidad genética en términos de la heterocigosis observada (H_o) y esperada (H_e) fue similar para todas las poblaciones

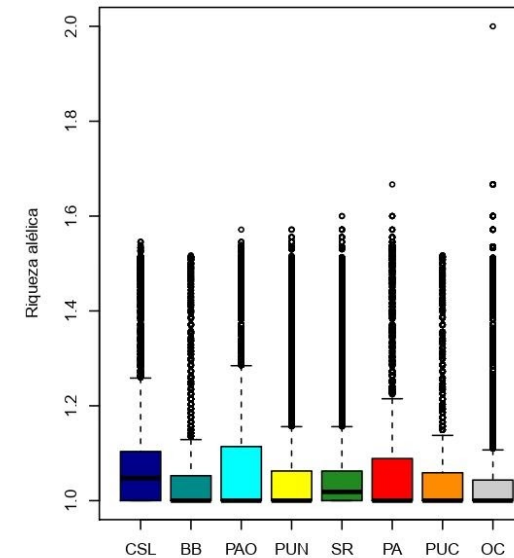
Heterocigosis observada



Diversidad genética



Riqueza alélica

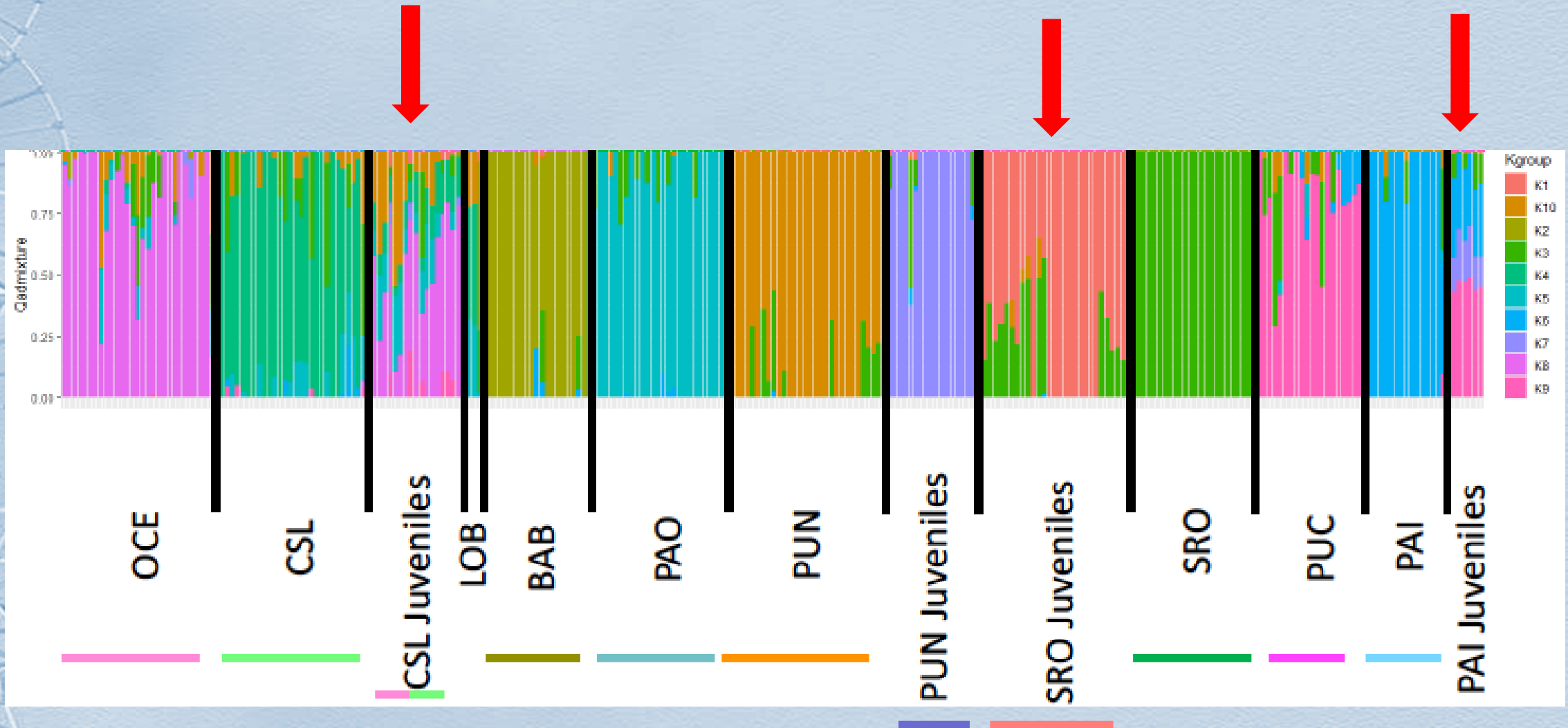


$$H_o = 0.047 - 0.076; H_s = 0.053 - 0.089$$

Estructura Genética

Individuos totales

Probabilidad de asignación de individuos a poblaciones



AMOVA

$$F_{CT} = 0.00065; P=0.048$$

Individuos totales

Fuente de variación	Porcentaje de variación	Estadísticos de F	Valor de P
Entre grupos	0.08	$F_{CT} = 0.00085$	0.048
Entre poblaciones dentro de grupos	0.24	$F_{SC} = 0.0023$	<0.001
Dentro de poblaciones	99.68	$F_{ST} = 0.0032$	<0.001

4 Grupos;

1) Oceánicas

2) Cabo San Lucas

3) Bahía Banderas-Puerto

Ángel-Puntarenas-Santa

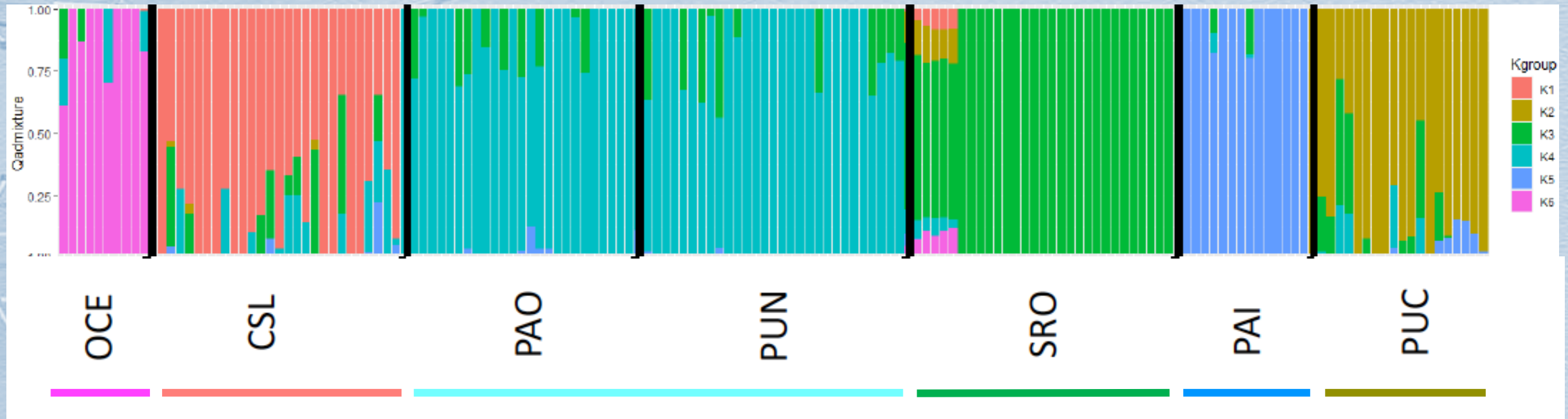
Rosa

4) Paíta-Pucusana

Estructura Genética

Adultos

Probabilidad de asignación



AMOVA

Adultos

$$F_{CT} = 0.00319; P < 0.001$$

4 Grupos;

1) Oceánicas

2) Cabo San Lucas

3) Bahía Banderas-Puerto
Ángel-Puntarenas-Santa
Rosa

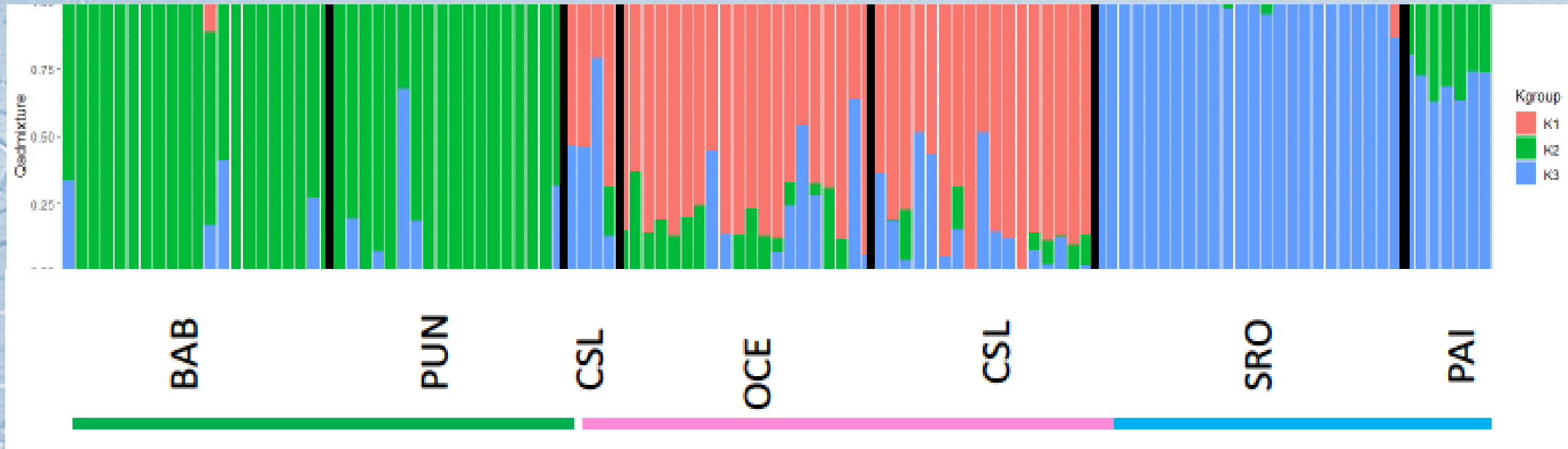
4) Paita-Pucusana

Fuente de variación	Porcentaje de variación	Estadísticos de F	Valor de P
Entre grupos	0.32	$F_{CT} = 0.00319$	< 0.001
Entre poblaciones dentro de grupos	0.31	$F_{SC} = 0.0032$	0.013
Dentro de poblaciones	99.37	$F_{ST} = 0.0063$	0.07

Estructura Genética

Juveniles

Probabilidad de asignación



AMOVA

Juveniles

$$F_{CT} = 0.0042; P = 0.076$$

Fuente de variación	Porcentaje de variación	Estadísticos de F	Valor de P
Entre grupos	0.043	$F_{CT} = 0.0042$	0.076
Entre poblaciones dentro de grupos	0.33293	$F_{SC} = 0.0017$	0.41
Dentro de poblaciones	99.49099	$F_{ST} = 0.006$	0.008

5 Grupos;

- 1) Oceánicas
- 2) Cabo San Lucas
- 3) Bahía Banderas
- 4) Santa Rosa
- 5) Paíta-Pucusana

4 Grupos;

1) Oceánicas

2) Cabo San Lucas

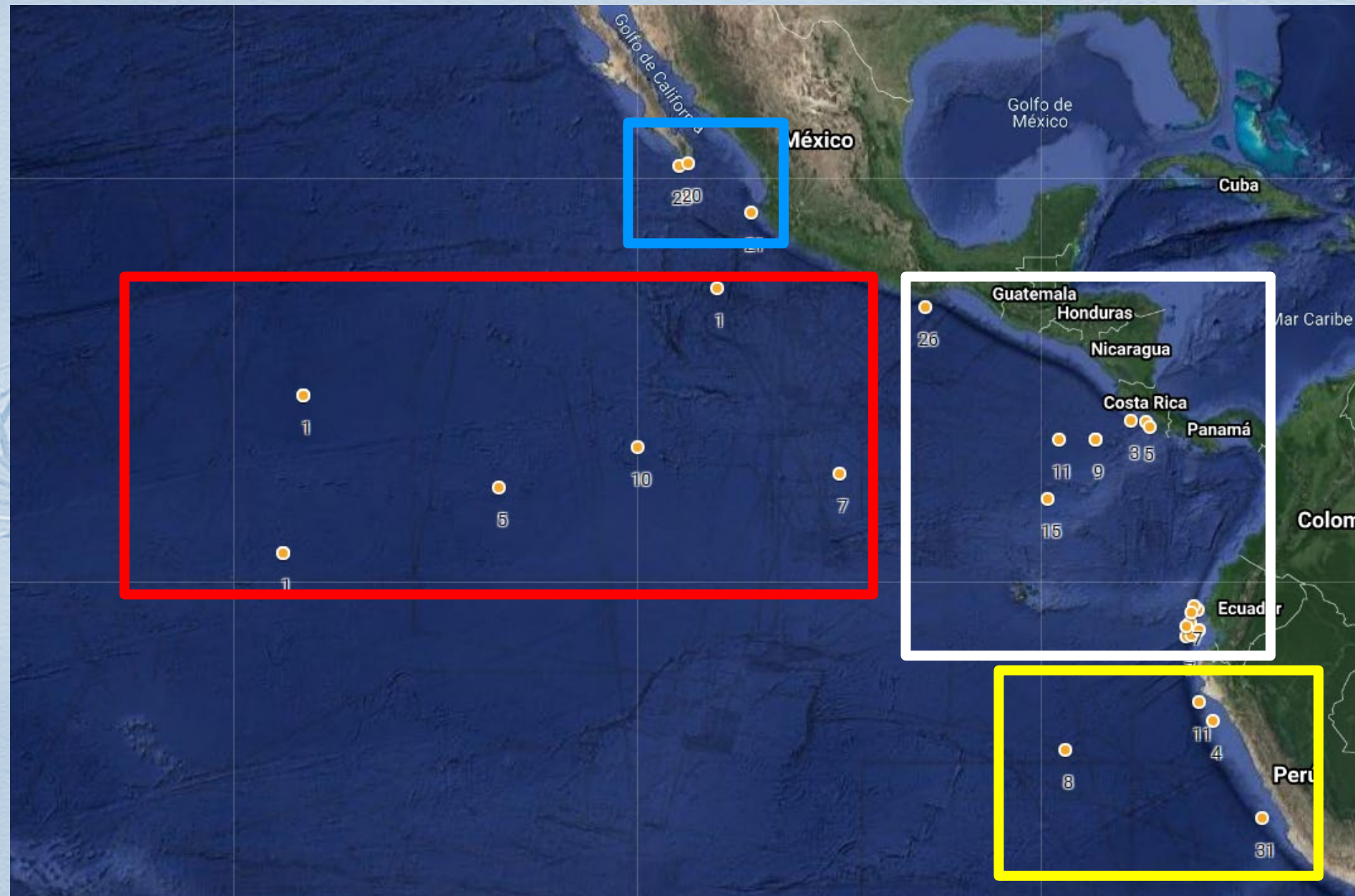
3) Bahía Banderas-

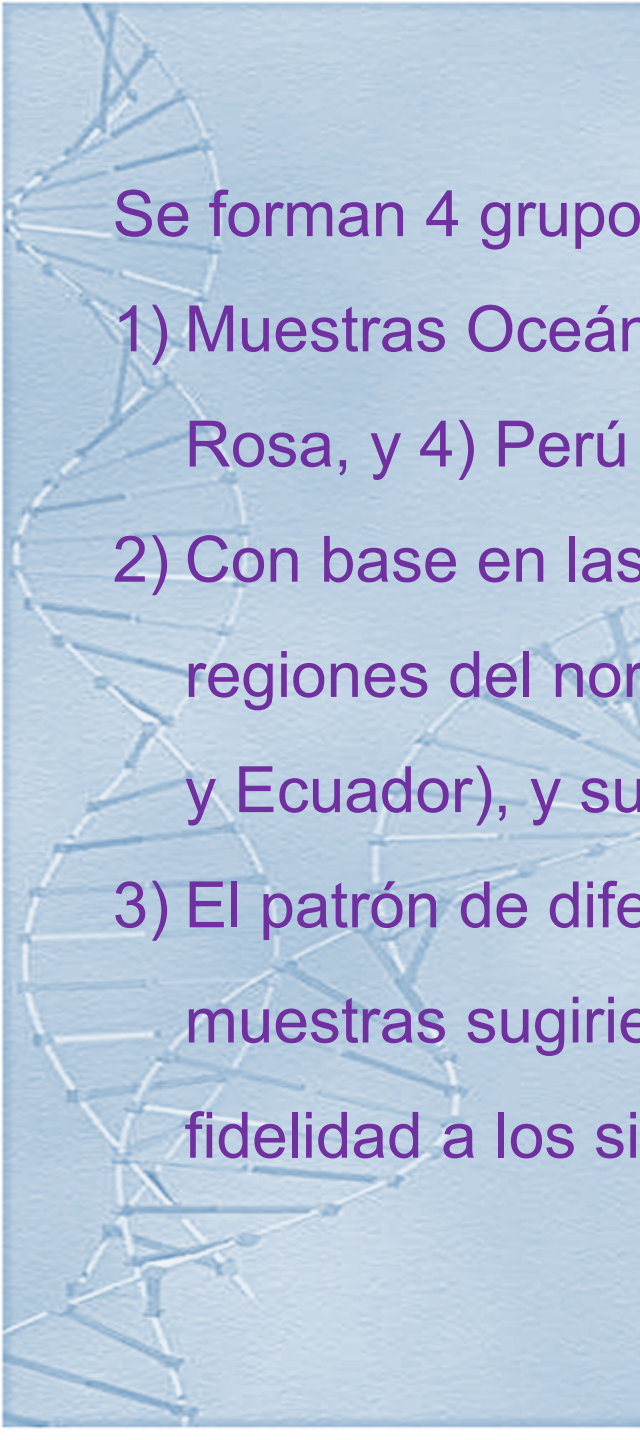
Puerto Ángel-

Puntarenas-Santa

Rosa

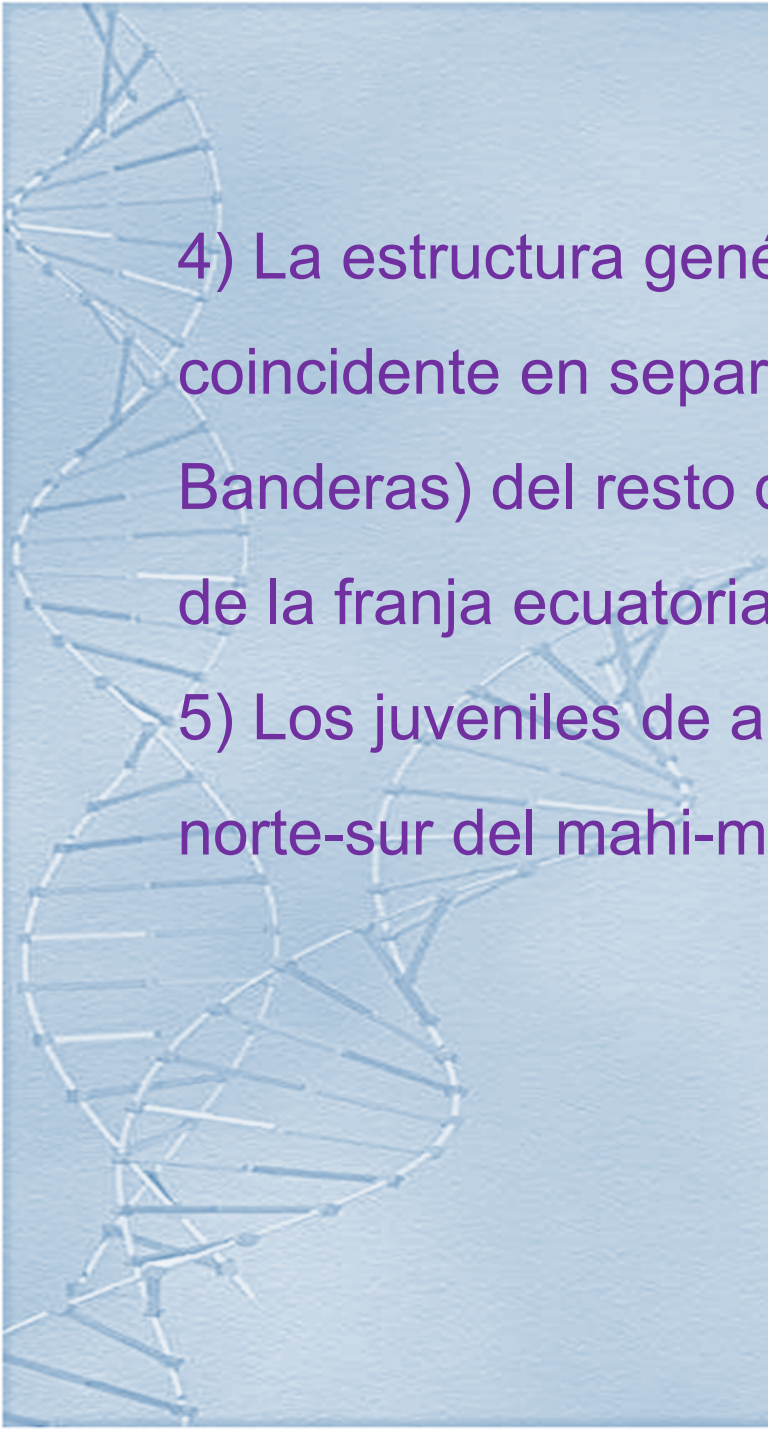
4) Paíta-Pucusana

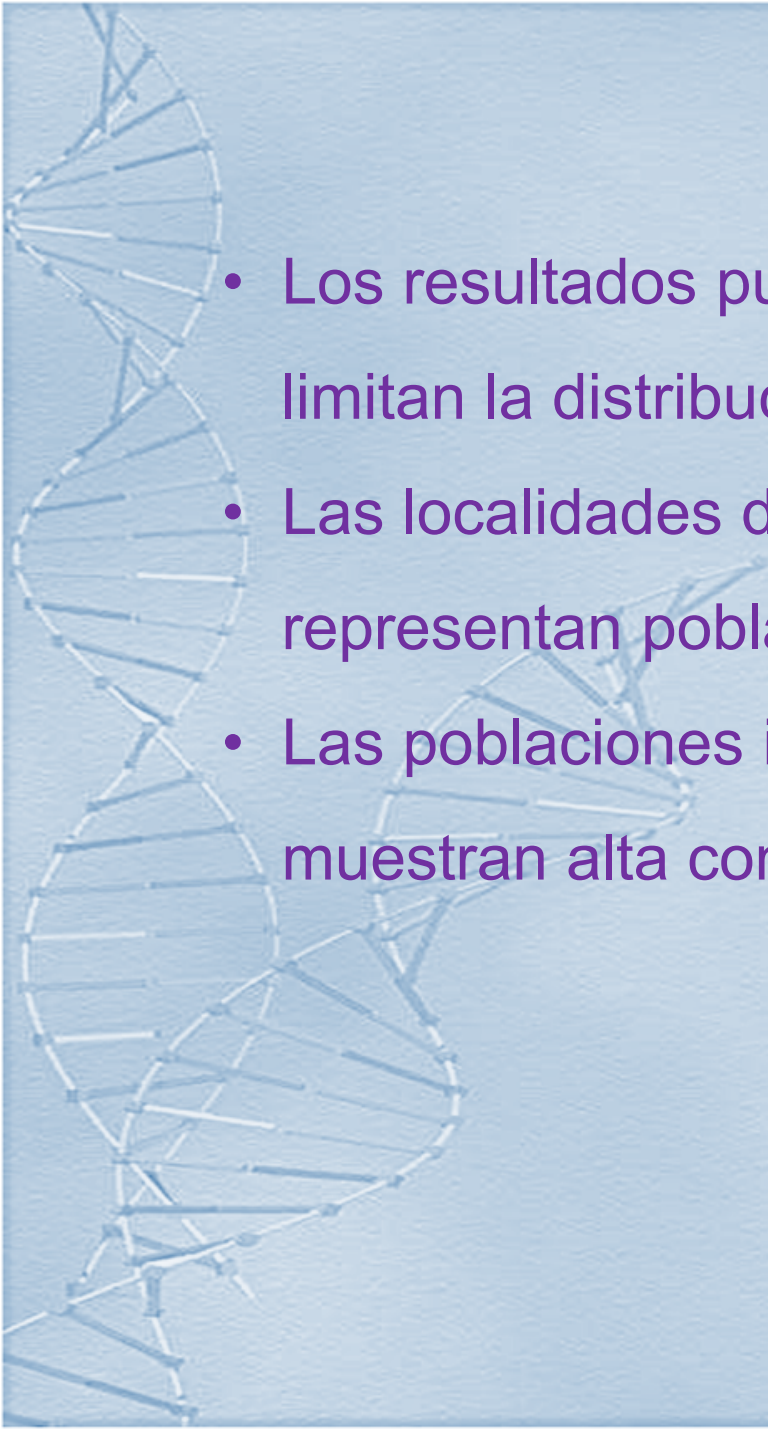




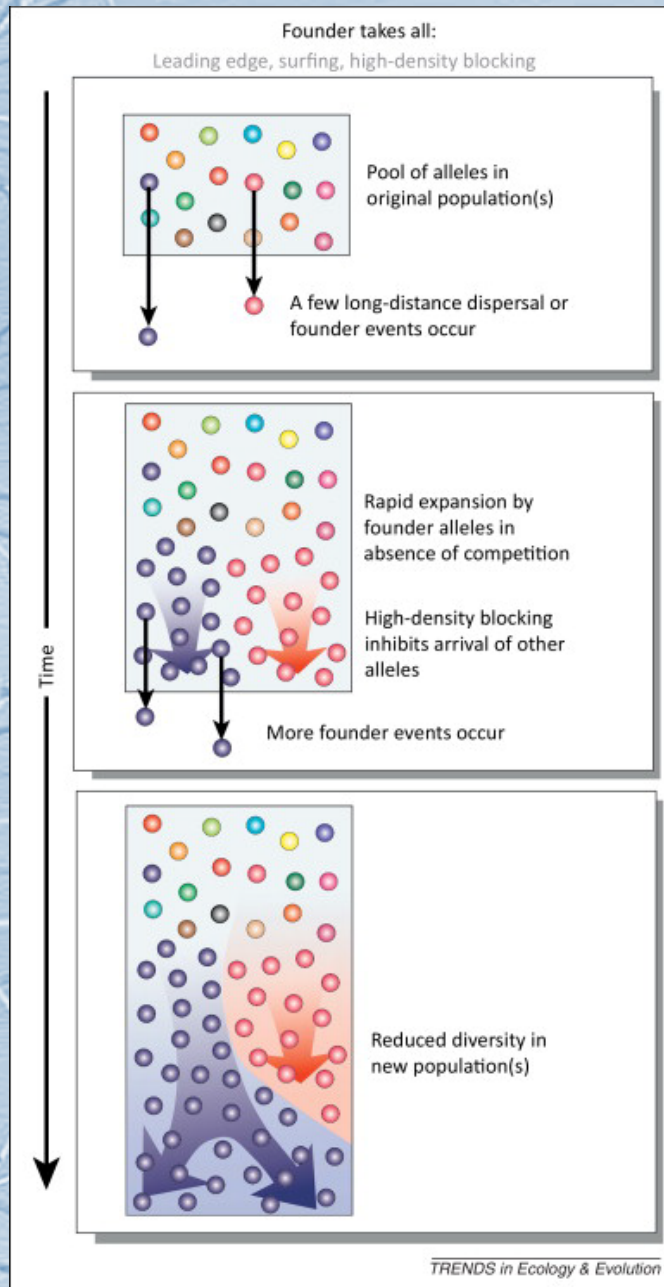
Se forman 4 grupos genéticamente diferenciados;

- 1) Muestras Oceánicas, 2) Cabo San Lucas, 3) Puerto Angel-Puntarenas-Santa Rosa, y 4) Perú (Paita y Pucusana)
- 2) Con base en las diferencias es posible distinguir un patrón entre las regiones del norte de México, la franja ecuatorial (Sur de México, Costa Rica y Ecuador), y sur del Pacífico Oriental (Perú)
- 3) El patrón de diferencias en adultos, apoya dicho agrupamiento de las muestras sugiriendo que la especie presenta algún grado de residencia o fidelidad a los sitios de alimentación/reproducción

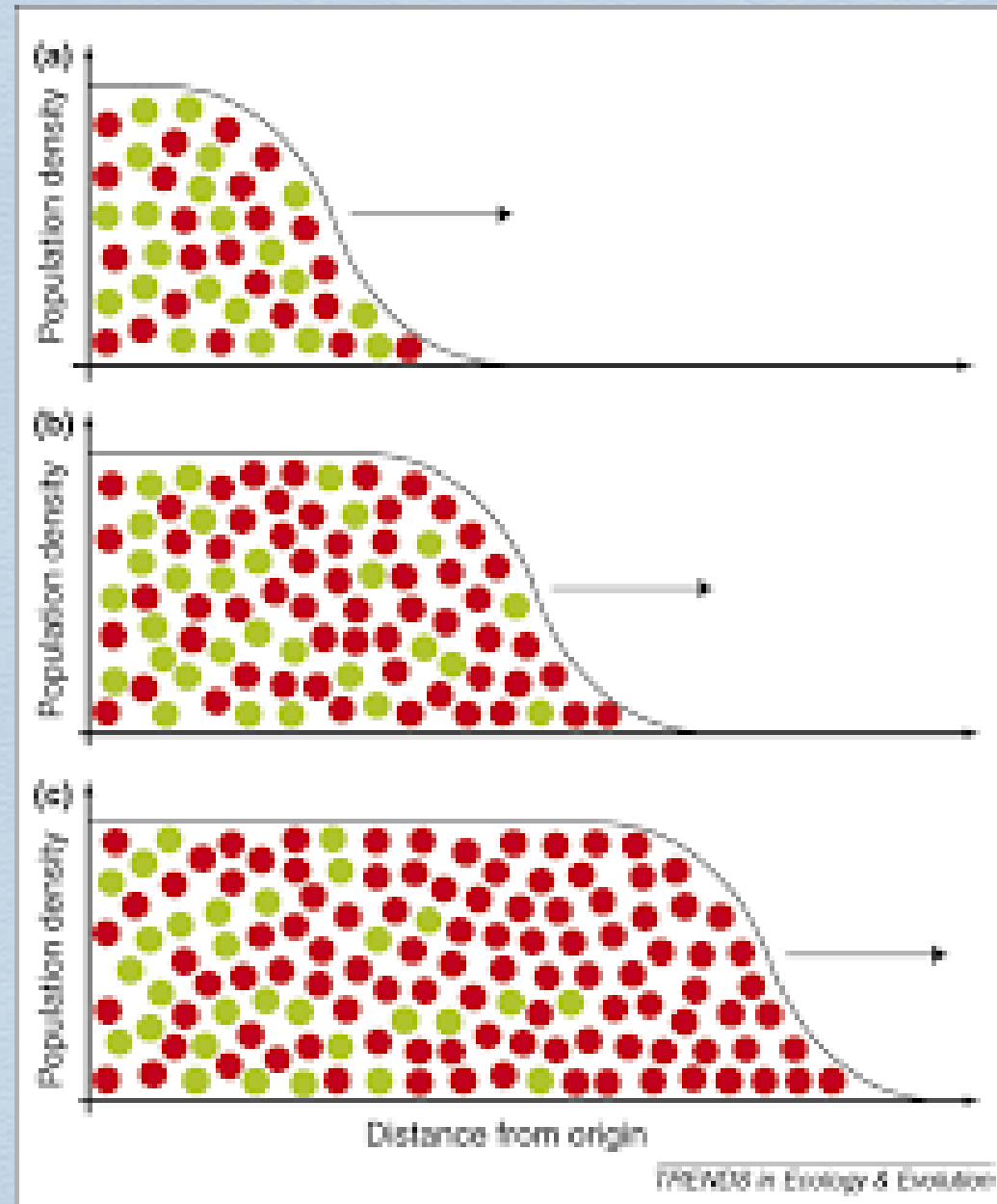
- 
- 4) La estructura genética en los juveniles aunque no significativa, es coincidente en separar la región norte (Cabo San Lucas y Bahía Banderas) del resto de las localidades sugiriendo que las localidades de la franja ecuatorial se entremezclan con las del sur del Pacífico
- 5) Los juveniles de alguna forma corroboran el patrón de diferencias norte-sur del mahi-mahi, en el Pacífico oriental.

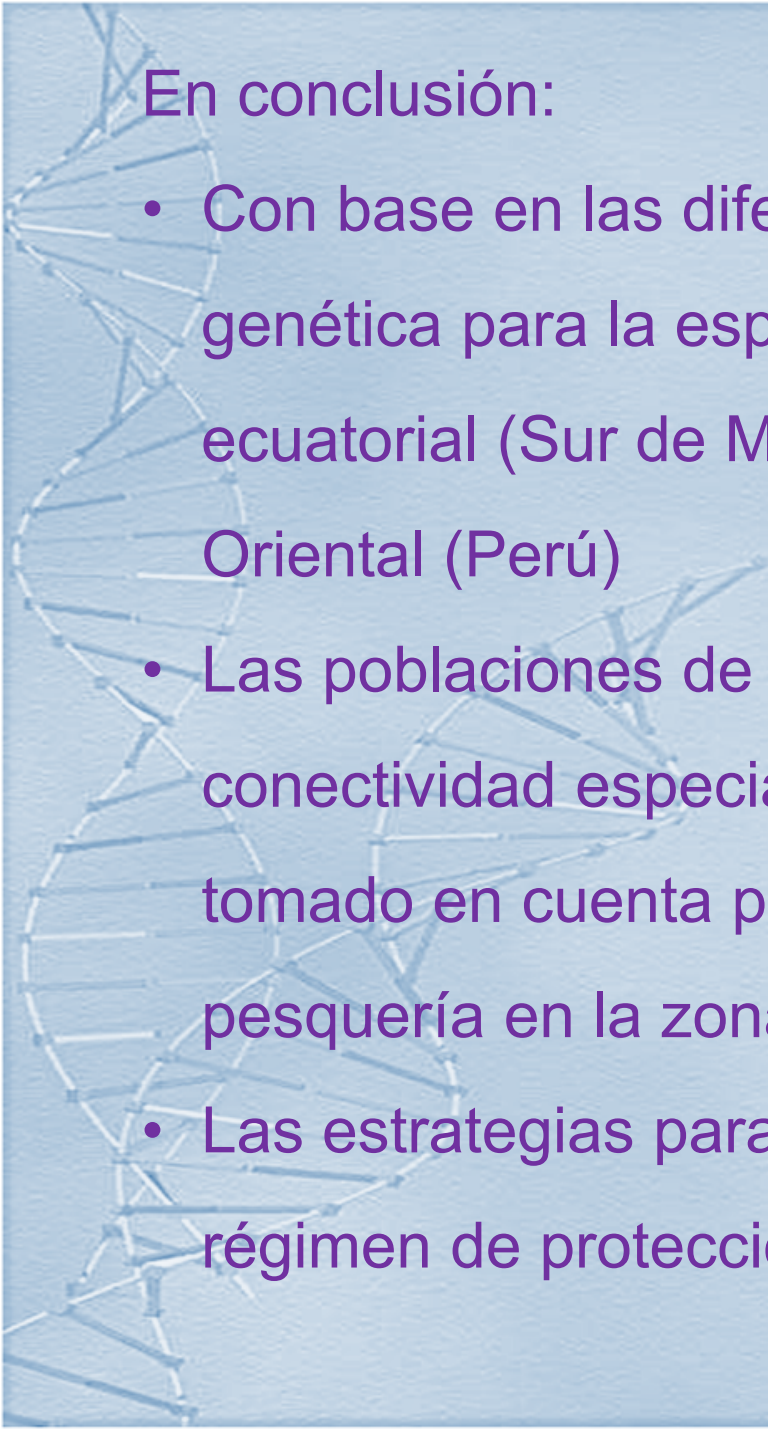
- 
- Los resultados pueden ser explicados por los factores oceanográficos que limitan la distribución de la especie
 - Las localidades de Cabo San Lucas (22°N) y Pucusana (12°S), representan poblaciones en los límites de la distribución de la especie
 - Las poblaciones intermedias, distribuídas en la franja de aguas tropicales muestran alta conectividad

Efecto fundador



'Allele surfing'





En conclusión:

- Con base en las diferencias encontradas se logró identificar estructura genética para la especie en las regiones del norte de México, la franja ecuatorial (Sur de México, Costa Rica y Ecuador), y sur del Pacífico Oriental (Perú)
- Las poblaciones de mahi-mahi en el Pacífico oriental mantienen alta conectividad especialmente en la franja ecuatorial lo que debe ser tomado en cuenta para el diseño de estrategias de administración de la pesquería en la zona
- Las estrategias para el manejo sustentable deben considerar un régimen de protección especial para las hembras



Agradecimientos : CIAT