



CREACIÓN DE UN BANCO DE GENES COMO ACERVO PARA EL ANÁLISIS Y SEGUIMIENTO DE LA SALUD GENÉTICA DE LA ICTIOFAUNA ASOCIADA A LA PESQUERÍA DEL CAMARÓN DEL GOLFO DE CALIFORNIA.

Oscar A. González-Ochoa, Delia I. Rojas Posadas y Norma Y. Hernandez Saavedra*
CIBNOR, S. C. Mar Bermejo No. 195, Col. Playa Palo de Santa Rita, Apdo. Postal 128, La Paz,
B.C.S.23090, México. Tel: (52)(612)1238484. Fax: (52)(612) 1253625.
nhernan04@cibnor.mx

Palabras claves: FAC, ictiofauna, Golfo de California

Introducción. La biodiversidad comprende la variabilidad de las poblaciones, las especies (diversidad genética), los ecosistemas y el paisaje (1). El Golfo de California es considerado como una de las regiones marinas más diversas y productivas a nivel mundial, incluye varias reservas ecológicas y contribuye con más del 50% del volumen y valor de la producción pesquera nacional. No obstante, la pesca intensa afecta el medio marino, sugiriéndose incluso que esta actividad provoca alteraciones a nivel genético, tanto de las especies objetivo como de las capturadas de forma incidental (FAC o fauna de acompañamiento). A pesar de que la pesquería del camarón contempla vedas reproductivas, excluidores de tortugas y evidencia de mínimo impacto a las poblaciones de tortugas marinas, existe una gran presión por grupos ecologistas (nacionales e internacionales) de un posible embargo camarero. Cobra así importancia el monitoreo genético de las poblaciones silvestres mediante el análisis espacio-temporal de muestras de la fauna o de modelos de simulación para los que se requiere la generación de bancos genéticos (2). Por tal motivo se plantea la creación de un acervo de genes de las principales especies de peces que componen la FAC en la pesquería de camarón en el Golfo de California.

Metodología. Se tomaron muestras de la FAC de cruceros de investigación y de pesca comercial (2004-2005) en el Golfo de California. Se realizó la identificación taxonómica de las especies mediante claves dicotómicas, se colectaron muestras de tejido muscular y se preservaron en alcohol (70 %) hasta la extracción de ADN total que se uso como templado en reacciones de amplificación mediante PCR. Se amplificaron regiones específicas del ADNmt (16S, 467 pb; 12-16S, 2.400 kb, y COI, 675 pb), usando cebadores universales para peces (3). Los amplicones menores a 700 pb fueron secuenciados en su totalidad y comparados con las bases de datos disponibles (Blast), mientras que los mayores fueron analizados mediante RFLP, probando 11 endonucleasas.

Resultados y discusión. A la fecha se han analizado 18 de las especies de peces más abundantes de la FAC. Como se muestra en la tabla 1, de la mayoría de ellas se

cuenta con secuencias parciales de los genes ribosomales 16S, y extractos de ADN de otras 16 especies. Sin embargo, la amplificación de fragmentos del gen COI usados para el proyecto iBOL se ha complicado. Se ha comprobado que el ADNmt puede utilizarse para discriminar la estructura genética poblacional dentro de una especie. La determinación de dicha estructura es útil en la diseño de estrategias de manejo y delimitación de áreas de reserva.

Tabla 1. Relación de especies estudiadas.

Especie	Fam.	16S
<i>Balistes polylepis</i>	Balistidae	
<i>Bellator gymnostethus</i>	Triglidae	
<i>Citarichthys fragilis</i>	Paralichthyidae	ADN
<i>Diapterius sp.</i>	Gerreidae	X
<i>Diplectrum pacificum</i>	Serranidae	ADN
<i>Eucinostomus currani</i>	Gerreidae	ADN
<i>Eucinostomus entomelas</i>	Gerreidae	X
<i>Eucinostomus gracilis</i>	Gerreidae	X
<i>Haemulon sp.</i>	Haemulidae	X
<i>Lutjanus guttatus</i>	Lutjanidae	X
<i>Orthopristis reddingi</i>	Haemulidae	X
<i>Paralabrax maculatofasciatus</i>	Serranidae	X
<i>Pomadasis nitidus</i>	Haemulidae	X
<i>Pomadasy macracanthus</i>	Haemulidae	X
<i>Pomadasy panamensis</i>	Haemulidae	X
<i>Porichthys analis</i>	Batrachoididae	X
<i>Selene sp.</i>	Carangidae	X
<i>Syacium ovale</i>	Paralichthyidae	ADN
<i>Xenistius californiensis</i>	Haemulidae	X

Agradecimientos. A SAGARPA (Proy. 2003-C01-089), al CIBNOR (Proy. EP1) por el financiamiento otorgado, y al INP, por las muestras proporcionadas. Al CONACyT por la beca otorgada al autor principal. Al Lab. Pesquerías (CIBNOR), por su ayuda en la identificación, biometrías y conformación de bases de datos.

Bibliografía.

- Féral, J.P. 2001. How useful are the genetic markers in attempts to understand and manage marine biodiversity? *J.Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 268:121-145.
- Kuparinen, A. y Merila, J. 2007. Detecting and managing fisheries induced Evolution. *TRENDS Ecol.Evol.*, 22:652-659.
- Leyva-Vanecia I. 2003. Marcadores moleculares para la identificación de la sardina del pacifico (*Sardinops sagax caeruleus*). Tesis de maestría CIBNOR.