

## MARCADORES MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LA SARDINA DEL PACÍFICO (*Sardinops sagax caeruleus*).

Ignacio Leyva Valencia, Felipe Ascencio Valle, Salvador Lluch Cota, Norma Y. Hernández-Saavedra\*.  
CIBNOR. Unidad de Patología Marina. Laboratorio de Genética Molecular.  
Mar Bermejo No. 195. Col. Playa Palo de Sta. Rita. La Paz 23095, B.C.S., México. Fax: 6121253625  
e-mail: [nhernan@cibnor.mx](mailto:nhernan@cibnor.mx)

*Palabras clave:* *Sardinops*, marcadores moleculares, genes ribosomales

**Introducción.** Las sardinias (género *Sardinops*) contribuyen de manera importante en las pesquerías a nivel global. Las poblaciones de estos organismos están sujetas a cambios extremos en su distribución y abundancia, incluso se les a clasificado como especies altamente impredecibles, vulnerables y difíciles de manejar. La sistemática de peces se ha basado en gran medida en caracteres morfológicos, no obstante, algunas especies tropicales y subtropicales de clupeidos pueden ser difíciles de identificar, e incluso puede requerirse el empleo de microscopio y gente experimentada. El estudio de productos de desove (huevos y larvas), es una herramienta muy útil para incrementar el conocimiento acerca de poblaciones de peces sujetas a explotación, para evaluar el efecto de la pesca sobre los "stocks", e implementar medidas para regular esta actividad, sin embargo, también es un proceso largo que requiere de personal experimentado.

**Objetivos.** Con el presente trabajo se busca utilizar patrones electroforéticos de cristalininas y secuencias ribosomales de las subunidades 12S y 16S (diseñados a partir de secuencias reportadas en *S. s. melanostictus*), como una alternativa para la determinación de la variabilidad genética de stocks silvestres, y para una rápida y confiable identificación de muestras de tejido y productos de desove de *S. s. caeruleus*.

**Materiales y Métodos.** Se realizaron análisis de patrones electroforéticos de cristalininas mediante la técnica de IEF. Los patrones electroforéticos se digitalizaron y el análisis de los mismos se realizó mediante el uso del programa TFGA (Tools for population genetic analyses) (1). Se aisló ADN<sub>g</sub> de tejido muscular de sardinias, para obtener secuencias parciales de las subunidades ribosomales 12S y 16S mediante la técnica de PCR. Las secuencias de los se obtuvieron mediante secuenciación automática (Macrogen) y su análisis se realizó mediante el programa Blast, disponible en línea (2), y el programa DNAMAN (3) para obtener árboles de homología.

**Resultados.** El análisis de IEF de cristalininas permitió diferenciar entre diferentes géneros de clupeidos. Se logró aislar, amplificar y secuenciar fragmentos de las subunidades ribosomales 12S y 16S, encontrándose para ambos genes la mayor homología (98-99%) con las secuencias reportadas de *S. s. melanostictus*. Los niveles de homología con otras especies pertenecientes a la familia Clupeidae son del orden

de 90-93%, encontrándose como especies más relacionadas *Sardinella hualiensis* y *Clupea harengus* (12S y 16S respectivamente).

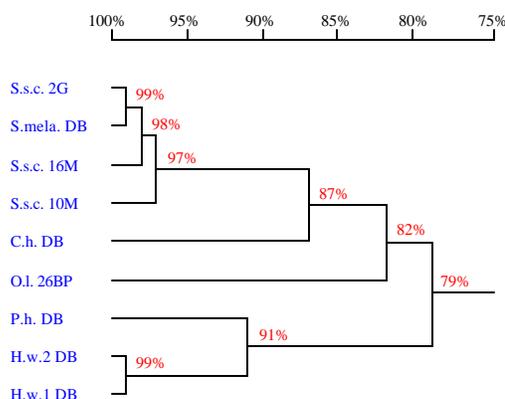


Fig. 1. Dendrograma que representa las relaciones de homología de las secuencias 16S obtenidas en el presente estudio con aquellas secuencias reportadas en el Gen Bank.

**Conclusiones.** El análisis de IEF es una técnica que revela diferencias a nivel de género y especie, sin embargo, dados nuestros resultados, es aplicable confiablemente a especies de una misma familia. Los oligonucleótidos diseñados resultaron adecuados para la amplificación de regiones específicas de ADN<sub>r</sub>, identificándose en las secuencias obtenidas regiones variables que podrán utilizarse como sitios blanco para el diseño de oligos o sondas especie-específicas que pueden ser de gran utilidad para identificar de manera rápida y confiable muestras de tejido y productos de desove de la sardina del Pacífico (*S.s. caeruleus*).

**Agradecimientos.** Al CONACyT y al Programa de Estudios de Posgrado del CIBNOR, por el apoyo económico otorgado. Esta investigación fue financiada a través del proyecto RP-1.

### Bibliografía.

1. Miller, M.P. 2000. Tools for Population Genetic Analyses (TFGA). En línea: <http://bioweb.usu.edu/mpmbio/tfpga.htm>
2. Altschul, SF, Madden TL, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W and Lipman DJ. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: new generation of protein database search programs. Nucl. Acids Res. 25:3389-3402. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
3. DNAMAN versión 4.15 Lynnon BioSoft. Copyright 1994-1999.