

ESTUDIO GENÉTICO POBLACIONAL DE *Macrobrachium americanum* EN LOS SITIOS: OASIS SAN PEDRO DE LA PRESA, BAJA CALIFORNIA SUR Y EL RÍO COYUCA, GUERRERO, MÉXICO

Andrés Raso-Ramírez*, Edilmar Cortes Jacinto, Fabiola Guadalupe Arcos-Ortega, Marcel Martínez-Porchas.

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste S. C.
La Paz, Baja California Sur, México
raso.2012@hotmail.com

Este trabajo representa el primer estudio genético poblacional del langostino de río, *Macrobrachium americanum* en Baja California Sur (Oasis San Pedro de la Presa, La Paz, B.C.S.), y en el Río Coyuca, Guerrero (Coyuca de Benítez, Gro.), utilizando marcadores moleculares tipo mitocondrial especie-específicos. El langostino de río, es un recurso de gran importancia en la pesquería artesanal de BCS y Gro., existe interés por preservar el recurso langostino y generar biotecnología de cultivo, por lo que, el conocimiento genético poblacional representaría un valioso instrumento de manejo y regulación; sin embargo, la información sobre los diversos procesos genéticos de este organismo es limitada y no hay estudios genéticos poblacionales de la especie *M. americanum*. Considerando las características de historia de vida del recurso, así como la gran complejidad geográfica y diferentes ambientes en las zonas de distribución, en este trabajo se planteó la hipótesis de que *M. americanum* presenta diferencias genéticas (en términos de diversidad y estructura) entre áreas geográficas.

Se planteó como objetivo principal realizar un estudio genético poblacional evaluando la variación y estructura genética en dos sitios con características ambientales diferentes, mediante marcadores mitocondriales específicos de la especie, para lo cual se utilizaron PRIMERS para tres genes mitocondriales (16S rADN, COI ADNmt y Región Control). Se obtuvieron organismos del langostino de río con la ayuda de pescadores locales. Los parámetros estimados para evaluar los niveles de variación genética fueron: número de haplotipos (h), diversidad haplotípica (Hd) y diversidad nucleotídica (π). La estructura genética se determinó mediante el cálculo del índice de fijación ϕ_{st} de Weir y Cockerham (análogo al índice F_{st} de Wright) y el análisis de varianza molecular (AMOVA). Para inferir los procesos demográficos que han operado en las poblaciones de esta especie, se realizó un análisis de distribución Mismatch.

Los resultados indicaron que la diversidad genética se encontró dentro del rango observado para otras especies de crustáceos decápodos y en otras especies del género *Macrobrachium*, presentando valores altos ($Hd = 0.99$; $\pi = 0.011$). La diversidad genética observada en algunos sitios de las dos localidades estudiadas (B.C.S. y Gro.), las indica como lugares potenciales para la conservación y diseño de futuros planes de manejo genético para la especie, así como para el desarrollo de biotecnologías de cultivo. Los valores de diferenciación genética (ϕ_{st}) fueron bajos y significativos ($\phi_{st} = 0.006 - 0.2$), y los resultados del análisis de AMOVA no indicaron la existencia de dos o más poblaciones genéticamente diferentes. Los resultados de este estudio son preliminares e indican que es necesario utilizar un

muestreo más amplio con un mayor número de muestras y otros marcadores moleculares como los Microsatélites y/o los SNPs para precisar los niveles de diferenciación genético poblacional.

Tabla I. Parámetros de diversidad genética obtenidos a partir del análisis de las secuencias de los marcadores mitocondriales 16S rADN, COI ADNmt.

	16S ADNmt	COI ADNmt	Secuencias concatenadas
Número de secuencias, N :	79	79	158
Número de haplotipos, h :	17	51	63
Diversidad haplotípica, Hd :	0.69	0.98	0.99
N. de sitios polimórficos, S :	17	81	98
Diversidad nucleotídica, (π):	0.002	0.018	0.011