

¿Cómo están estructuradas genéticamente las poblaciones de pargos en el Golfo de California y Pacífico Oriental Tropical?

How are snapper populations in the Gulf of California and Eastern Tropical Pacific genetically structured?

Recursos Naturales y Sociedad, 2023. Vol. 9 (1): 33-48. <https://doi.org/10.18846/renaysoc.2023.09.09.01.0004>

Nicole Reguera-Rouzaud¹, Adrián Munguía-Vega^{2,3}, Ricardo Pérez-Enríquez⁴, Elaine Espino-Barr⁵, Noé Díaz-Viloria^{1*}

¹Instituto Politécnico Nacional- Centro Interdisciplinario de Ciencias Marina (CICIMAR-IPN), Departamento de Plancton y Ecología Marina, La Paz, México.

²University of Arizona, Conservation Genetics Laboratory and Desert Laboratory on Tumamoc Hill, Tucson, Arizona

³@Lab Applied Genomics, La Paz, México

⁴Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C., Programa de Acuicultura, La Paz, México

⁵Instituto Nacional de Pesca y Acuicultura CRIAP-Manzanillo, Playa Ventana, Colima, México.

*Autor de correspondencia: Noé Díaz-Viloria, ndiazv@ipn.mx

Resumen

Se presenta la recopilación de dos trabajos de investigación científica sobre genética de poblaciones de tres especies de pargo: huachinango (*Lutjanus peru*), amarillo (*L. argentiventris*) y lunarejo (*L. guttatus*). Se hace énfasis en cómo la distribución parchada de los sitios de reclutamiento de juveniles y adultos, así como los cambios ambientales entre las ecoregiones afectan a la estructura genética poblacional. Se utilizaron marcadores moleculares tipo microsatélites de ADN en las tres especies de pargos con el fin de encontrar diferenciación poblacional. Por otro lado, se evaluó la conectividad entre parches de hábitats y las diferencias ambientales entre ecoregiones. El análisis de estructura genética mostró que el huachinango estuvo estructurado en cuatro poblaciones: 1) Conquista Agraria (costa occidental sur de la península de Baja California) junto con las localidades del Golfo de California, 2) Nayarit, 3) Oaxaca y 4) Panamá y Colombia. El pargo amarillo estuvo estructurado en tres poblaciones: 1) San Bruno, B.C.S. (Golfo de California) y Colima, 2) La Paz y Altata, Sin. y 3) Panamá. El pargo lunarejo mostró homogeneidad genética entre todas sus localidades, es decir, presentó flujo genético el cual no permitió la diferenciación poblacional. Por otro lado, los análisis ambientales indicaron que las discontinuidades entre los hábitats de reclutamiento de juveniles y adultos, así como las diferencias ambientales a lo largo del intervalo de distribución de las especies, fueron los principales impulsores para la estructura genética.

Palabras clave: Microsatélites, genética de poblaciones, distribución parchada de hábitats, diferencias ambientales, ecoregiones.



Abstract

We present a compilation of two research studies on population genetics of the Pacific red snapper (*Lutjanus peru*), yellow snapper (*L. argentiventris*) and spotted rose snapper (*L. guttatus*). Emphasis is placed on how the patchy distribution of the recruitment sites for juveniles and adults, as well as the environmental changes between ecoregions, affect the genetic population structure. Molecular markers such as DNA microsatellites were used in the three snapper species in order to find population differentiation. On the other hand, the connectivity between habitat patches and the environmental differences between ecoregions were evaluated. The genetic structure analysis showed that the Pacific red snapper was structured in four populations: 1) Conquista Agraria (southern occidental coast of the Baja California peninsula) and the localities inside of the Gulf of California, 2) Nayarit, 3) Oaxaca, and 4) Panama and Colombia. The yellow snapper was structured in three populations: 1) San Bruno, B.C.S. (Gulf of California) and Colima, 2) La Paz and Altata, Sin. and 3) Panama. The spotted rose snapper showed genetic homogeneity in all the localities, that is, there was gene flow between the localities that did not allow population differentiation. On the other hand, the environmental analysis showed that the discontinuities in the recruitment habitat for juveniles and adults, as well as the environmental differences along the species distribution range, were the main drivers for the genetic structure.

Key words: Microsatellites, populations genetics, patchy habitat distribution, environmental differences, ecoregions.

Introducción

La conectividad es el intercambio de individuos entre poblaciones que están separadas geográficamente, de tal forma que los migrantes contribuyen a la poza génica local (Cowen y Sponaugle, 2009). Una forma de medir la conectividad es mediante la combinación de herramientas como el uso de marcadores genéticos y la implementación de estudios de paisaje marino para observar la distribución de los diferentes hábitats utilizados por las especies (Berkström *et al.*, 2020; Munguía-Vega *et al.*, 2018; Xuereb *et al.*, 2018). Mediante la combinación de estas herramientas es posible la detección de estructura genética poblacional y observar cómo el ambiente, la distribución parchada de hábitats y los cambios ambientales afectan a la estructura poblacional.

Esta información es de suma importancia para el manejo de los recursos marinos y para

mejorar el diseño y manejo de áreas marinas protegidas (Almany *et al.*, 2017; Jackson *et al.*, 2015; Munguia-Vega *et al.*, 2014).

El huachinango (*Lutjanus peru*), pargo amarillo (*Lutjanus argentiventris*) y pargo lunarejo (*Lutjanus guttatus*) pertenecen a la familia Lutjanidae y son especies costeras asociadas al fondo; que comparten gran parte de su intervalo de distribución, del Sur de California, E.U.A. y la península de Baja California hasta el norte de Perú (Fischer *et al.*, 1995; Sarabia-Méndez *et al.*, 2010; Zárate-Becerra *et al.*, 2014).

Su ciclo de vida comprende cuatro etapas: 1) desove, el cual está relacionado principalmente a la temperatura (Erisman *et al.*, 2010; Gallardo-Cabello *et al.*, 2010; Piñón *et al.*, 2009; Rojas *et al.*, 2004; Trejos-Castillo *et al.*, 2007; Vega *et al.*, 2016), 2) el periodo larval planctónico, es decir el tiempo que las larvas de pargo duran a merced de las corrientes, el cual es de alrededor de 30 días (Claro y Lindeman, 2008), 3) reclutamiento de juveniles y 4) movimiento de juveniles al sitio de reclutamiento de adultos.

Debido al amplio intervalo de distribución y a que los sitios de reclutamiento de juveniles y adultos de estas especies presentan una distribución en parches, estos podrían ser factores determinantes en la estructura genética poblacional de las tres especies.

Por otro lado, las tres especies son consideradas una fuente económica y alimenticia importante en muchas de las comunidades costeras del Golfo de California y Pacífico Oriental Tropical (Gold *et al.*, 2015). Específicamente en las costas del Pacífico mexicano, los primeros lugares de producción de huachinango son los estados de Baja California Sur, Sinaloa, Nayarit y Oaxaca, en donde en el año 2019 se llegaron a pescar entre 1,000 y 2,600 toneladas (CONAPESCA, 2019). Con lo que respecta al pargo amarillo y lunarejo, en el mismo año se produjo un total de 10,545 t en el Pacífico Mexicano y los estados con más producción fueron Baja California Sur, Sinaloa y Nayarit, donde se pescaron entre 1,200 a 1,500 toneladas

(CONAPESCA, 2019). Por último, es importante mencionar, que en las bitácoras pesqueras cuando se reporta huachinango también va incluido el pargo lunarejo; en el rubro de pargos va incluido el pargo amarillo junto con otras 12 especies (CONAPESCA, 2019).

El objetivo de este trabajo es dar a conocer los resultados, de manera integrada, de varios estudios de investigación relacionados a la conectividad genética del huachinango (*Lutjanus peru*), pargo amarillo (*Lutjanus argentiventris*) y pargo lunarejo (*Lutjanus guttatus*) en el Golfo de California y Pacífico Oriental Tropical. Esto, con el fin de: A) determinar la diversidad y diferenciación genética de las tres especies mediante el uso de marcadores genéticos tipo microsatélites y, B) evaluar los posibles factores ambientales que dieron lugar a la estructura genética de cada especie.

Uso de marcadores microsatelitales de ADN

Con el fin de poder realizar los análisis de diversidad y diferenciación genética poblacional, fue necesario el uso de marcadores microsatelitales de ADN, que son secuencias de nucleótidos de uno a seis pares de bases que se repiten sucesivamente (Putman y Carbone, 2014).

Para el huachinango se utilizaron trece marcadores microsatelitales (Paz-García *et al.*, 2016; Pérez-Enríquez *et al.*, 2020), de los cuales nueve microsatélites fueron específicos del huachinango y el resto provinieron de especies de pargos cercanas (*L. guttatus* y *Hoplopagrus guentherii*). En el caso del pargo amarillo, se usaron once microsatélites (Pérez-Enríquez *et al.*, 2020; Reguera-Rouzaud *et al.*, 2020).

Diversidad y diferenciación genética en pargos

Con anterioridad se han desarrollado estudios sobre

genética de poblaciones en estas tres especies de interés, en el Golfo de California y en el Pacífico Oriental Tropical. Sin embargo, los resultados varían de acuerdo al tipo de marcador genético utilizado, encontrándose tanto homogeneidad (Hernández-Álvarez *et al.*, 2020; Rocha-Olivares y Sandoval-Castillo, 2003) como diferenciación genética poblacional (Munguia-Vega *et al.*, 2018; Reguera-Rouzaud *et al.*, 2020; Reguera-Rouzaud *et al.*, 2021).



En el caso de nuestros estudios, la estructura genética poblacional se evaluó en diez localidades para huachinango y cinco para pargo amarillo y pargo lunarejo (Figura 1).

La diversidad genética fue evaluada mediante indicadores como el número de alelos. En el caso del huachinango y pargo amarillo, se observó que los valores de diversidad eran ligeramente mayores en el área del Golfo de California que en el centro de México (Nayarit, Colima y Oaxaca), Panamá y Colombia (Figura 2). Sin embargo, estas diferencias no tuvieron soporte estadístico (Reguera-Rouzaud *et al.*, 2021). Resultados preliminares de la diversidad genética en el pargo lunarejo,

mostraron un patrón diferente al encontrado en los otros dos pargos; en este caso, las localidades del centro de México (Colima y Oaxaca) mostraron mayor diversidad alélica que las localidades a los extremos [Golfo de California, Chiriquí y Panamá (Figura 2)], a pesar de ello, estas diferencias tampoco tuvieron soporte estadístico (Rivera-Lucero, 2020; Díaz-Viloria et al., datos no publicados). En este caso, la variabilidad mostrada en la diversidad de las tres especies fue debida a las diferencias en el tamaño de muestra de cada localidad (que fluctuó de 30 a 48 individuos), de tal forma que los sitios que contaron con mayor diversidad también tuvieron más individuos colectados y analizados.

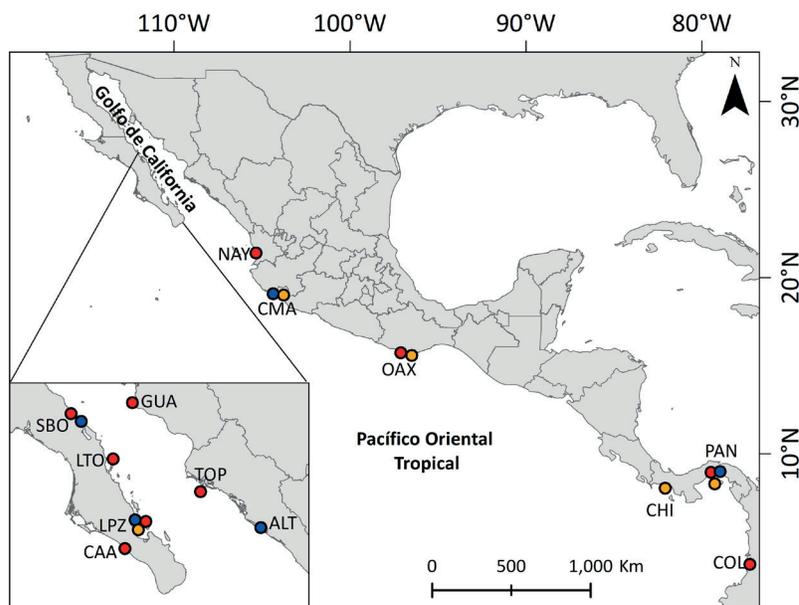


Figura 1. Localidades de colecta de muestras en el Golfo de California y Pacífico oriental Tropical. Las localidades de huachinango (*L. peru*) están representadas con puntos rojos, las de pargo amarillo (*L. argentiventris*) con puntos azules y localidades de pargo lunarejo (*L. guttatus*) con los puntos amarillos. San Bruno (SBO), Loreto (LTO), La Paz (LPZ), Conquista Agraria (CAA), Guaymas (GUA), Topolobampo (TOP), Altata (ALT), Nayarit (NAY), Colima (CMA), Oaxaca (OAX), Chiriquí (CHI), Panamá (PAN) y Colombia (COL).

En lo que respecta a la estructura genética poblacional, los análisis de diferenciación genética realizados en huachinango mostraron que las localidades analizadas estuvieron estructuradas en cuatro poblaciones: las localidades dentro

del Golfo de California (San Bruno, Loreto, La Paz, Guaymas y Topolobampo) y el Pacífico adyacente (Conquista Agraria), mostraron ser genéticamente similares, es decir mantuvieron conectividad o flujo genético entre las localidades. La segunda población, Nayarit, demostró ser genéticamente diferente al resto de las localidades, al igual que Oaxaca (tercera población); por último, la cuarta población agrupó a Panamá y Colombia, las cuales demostraron ser genéticamente homogéneas (Figura 3a).

En el caso del pargo amarillo, la estructura genética estuvo compuesta por cuatro poblaciones. Se encontró diferenciación genética dentro del Golfo de California, específicamente entre la población de San Bruno y La Paz. Con lo que respecta a la población de Colima, ésta mostró ser genéticamente similar a San Bruno, pero diferente a las localidades de Altata y La Paz, mientras que Altata y La Paz fueron



similares; por último, la población de Panamá fue genéticamente diferente al resto de las poblaciones (Figura 3b).

Caso contrario, los datos preliminares del pargo lunarejo indicaron homogeneidad genética entre las cinco localidades analizadas; es decir, hubo flujo genético entre ellas y, por lo tanto, baja diferenciación poblacional [Rivera-Lucero, 2020; Díaz-Viloria et al., datos no publicados, (Figura 3c)].

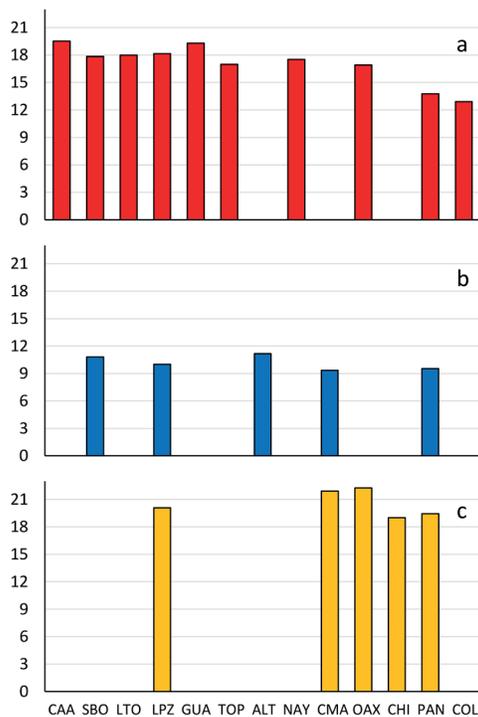


Figura 2. Número de alelos de a) huachinango (barras rojas), b) pargo amarillo (barras azules) y c) pargo lunarejo (barras amarillas). Conquista Agraria (CAA), San Bruno (SBO), Loreto (LTO), La Paz (LPZ), Guaymas (GUA), Topolobampo (TOP), Altata (ALT), Nayarit (NAY), Colima (CMA), Oaxaca (OAX), Chiriquí (CHI), Panamá (PAN) y Colombia (COL).

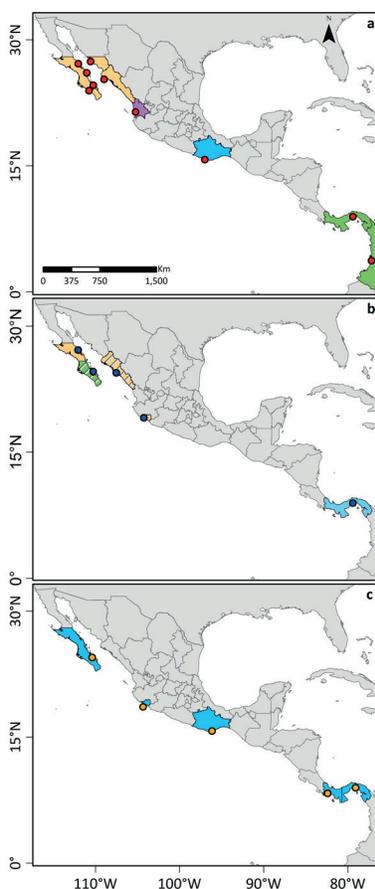
Distribución de hábitats

Algunas especies de peces marinos presentan falta de flujo genético debido a procesos históricos o contemporáneos que actúan como barreras para el flujo genético o conectividad genética entre poblaciones (Blanco-Gonzalez et al., 2016; Hellberg et al., 2002). Esto incluye factores físicos como discontinuidad de hábitats, gradientes ambientales (Blanco-

Gonzalez et al., 2016; Sandoval-Huerta et al., 2019; Torquato et al., 2019) y algunos aspectos del ciclo de vida de las especies, como: la época de desove, la dispersión de las larvas (Frisk et al., 2012; Trembl et al., 2012) y la distribución de hábitats de reclutamiento para los juveniles y adultos. Estos factores físicos y biológicos juegan un papel muy importante en la demografía poblacional, conectividad y en la ubicación de las barreras para el flujo genético.

En este sentido, varios estudios han identificado cómo los factores físicos facilitan o restringen el flujo genético entre poblaciones de peces de arrecife rocoso (como las tres especies de pargos de nuestro interés). Se ha encontrado diferenciación poblacional a escalas mayores a 1,000 km, es decir, entre localidades que están muy alejadas unas de otras (Dalongeville et al., 2018; Kennington et al., 2017). Mientras que a escalas menores, se ha reportado que algunas de

Figura 3. Estructura genética poblacional del a) huachinango, b) pargo amarillo y c) pargo lunarejo. Los colores en los estados de la república representan las localidades que fueron genéticamente homogéneas en cada especie. Particularmente en el pargo amarillo las líneas paralelas también indican homogeneidad genética entre localidades.



las causas principales de la diferenciación poblacional son la discontinuidad de hábitats y las diferencias ambientales que se presentan a lo largo del rango de distribución de las especies (Berkström *et al.*, 2020; Blanco-Gonzalez *et al.*, 2016; Dalongeville *et al.*, 2018; García-De León *et al.*, 2018; Pérez-Enríquez y Taniguchi 1999).

En el caso de nuestros estudios, se trabajó en la distribución de hábitats de juveniles y adultos para las tres especies. La información de los hábitats fue obtenida de Halpern *et al.* (2019), Munguía-Vega *et al.* (2018b) y de la plataforma *Global Mangrove Watch* (GMW 2016; [https:// www.globalmangrovetwatch.org/](https://www.globalmangrovetwatch.org/)).

Se encontraron tres parches importantes de arrecifes rocosos (hábitat de reclutamiento de adultos para las tres especies): uno ubicado en el Golfo de California, otro entre Sinaloa y Nayarit y el último entre los países de Costa Rica y Panamá. Estos parches

contaron con longitudes de cientos a 1,000 km. Así mismo, las discontinuidades más importantes se vieron localizadas en la parte central de México (entre Nayarit y Michoacán) con una distancia aproximada de 400 km de longitud y desde la parte sur de México (Guerrero) hasta El Salvador, con una extensión aproximada de 1,500 km (Figura 4a, b).

El fondo blando, correspondiente al hábitat de reclutamiento de juveniles de huachinango y pargo lunarejo, estuvo conformado por dos grandes parches con una extensión desde México hasta Costa Rica y el segundo desde Panamá hasta Colombia. Solamente una discontinuidad de hábitat fue detectada entre el sur de Costa Rica y norte de Panamá, con una extensión de 320 km (Figura 4c).

En el caso de los manglares, hábitat de reclutamiento para juveniles de pargo amarillo, se presentó una distribución continua a lo largo de toda el área (Figura 4d).



Diferencias ambientales entre ecoregiones

Además de la distribución de los hábitats, las diferencias ambientales también representan barreras potenciales para el flujo genético entre poblaciones, de tal forma que, si las larvas son dispersadas entre localidades que cuentan con fuertes diferencias ambientales locales podrían morir sin contribuir a la poza genética local. Las regiones biogeográficas son marcos naturales para la zonificación marina, la cual es una herramienta cada vez más utilizada por las organizaciones regionales de ordenación pesquera (Spalding *et al.*, 2007).

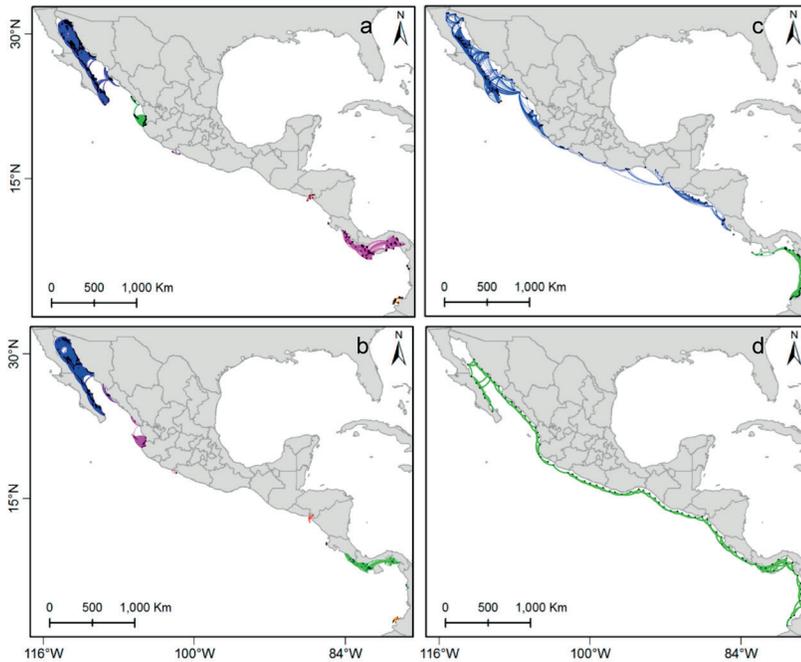


Figura 4. Distribución de hábitats (figura modificada de Reguera-Rouzaud *et al.*, 2021). a) arrecife rocoso para huachinango, b) arrecife rocoso pargo amarillo y lunarejo, c) fondo blando para huachinango y lunarejo, d) manglares para pargo amarillo. Cada color representa los parches de hábitats que están bien conectados unos con otros.

En este sentido, las ecoregiones son la escala de unidad más pequeña en el Sistema Marino de Ecoregiones del Mundo (MEOW, por sus siglas en inglés). Son áreas con una composición relativamente homogénea de especies. Los factores ambientales que determinan a las ecoregiones varían de un lugar a otro, pero

pueden incluir aislamiento, surgencias, aportes de nutrientes, afluencia de agua dulce, regímenes de temperatura, corrientes y complejidad batimétrica o costera (Spalding *et al.*, 2007).

El Golfo de California, junto con el Pacífico adyacente (Conquista Agraria) y el Pacífico Oriental Tropical están divididos en seis ecoregiones (Spalding *et al.*, 2007): transición de Magdalena, Cortés, Pacífico tropical mexicano, Chiapas-Nicaragua, Nicoya y ensenada de Panamá (Figura 5).

Para observar las diferencias ambientales entre las ecoregiones, se descargó información climatológica de la plataforma Bio-ORACLE de los años 2000 al 2014 (Assis *et al.*, 2018). Se observó que entre las seis ecoregiones hubo marcadas diferencias ambientales, donde las principales variables oceanográficas que explicaron las diferencias fueron el pH, la clorofila-a, la temperatura, la salinidad y los fosfatos.

Se identificó que la estructura genética encontrada en el huachinango y pargo amarillo estuvo relacionada con los cambios ambientales presentados entre las ecoregiones, mientras que el pargo lunarejo no mostró ninguna relación con los cambios ambientales.

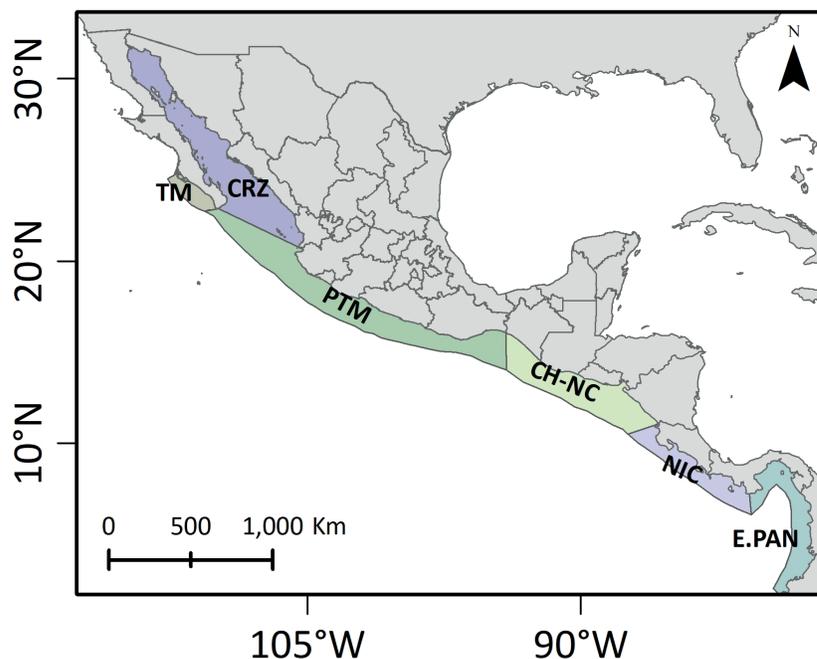


Figura 5. Ecoregiones y provincias biogeográficas (figura modificada de Spalding *et. al.*, 2017). Se muestran en colores diferentes las ecoregiones: Transición de Magdalena (TM), Cortez (CRZ), Pacífico Tropical Mexicano (PTM), Chiapas-Nicaragua (CH-NC), Nicoya (NIC) y Ensenada de Panamá (E.PAN).

¿La distribución de hábitats y las diferencias ambientales tienen algún efecto sobre la estructura genética poblacional?

A pesar de que las tres especies de pargos pertenecen al mismo género, que tienen una distribución geográfica similar y que tienen cambios de hábitats a lo largo de sus vidas, los lugares en donde se encontraron las diferencias genéticas, es decir, que hubo falta de flujo genético entre las poblaciones, difirieron entre especies. En este sentido, las diferencias en los hábitats de reclutamiento, principalmente en etapas tempranas de su vida, la capacidad de dispersión y las adaptaciones ecológicas propias de

cada especie podrían explicar las diferencias encontradas.

A lo largo de nuestros estudios se pudo observar que, en general, hubo tres lugares en donde la falta de flujo genético fue recurrente en el huachinango y en menor medida en el pargo amarillo: 1) Entre el Golfo de California y el centro de México, 2) entre el centro de México (Nayarit-Colima) y sur de México (Oaxaca) y 3) entre el sur de México (Oaxaca) y Centroamérica (Panamá).

Esta falta de flujo genético fue debido a las diferencias ambientales existentes entre regiones, a la falta de hábitat de reclutamiento de juveniles y adultos y en menor medida a la gran distancia geográfica entre poblaciones (Tabla 1).

Por otro lado, el pargo lunarejo, no mostró diferenciación genética entre sus localidades a pesar de que también se corroboraron diferencias ambientales y discontinuidades de hábitat.



Tabla 1. Interrupciones al flujo genético y sus posibles explicaciones en huachinango, pargo amarillo y pargo lunarejo. La marca de verificación (◆) indica la causa posible (aislamiento por distancia, falta de hábitat de reclutamiento o diferencias ambientales) de la diferenciación poblacional (genética). La marca (--) indica que no hubo evidencias de diferencias. La Paz (LPZ), San Bruno (SBO), Golfo de California (GC), Nayarit (NAY), Colima (CMA) Oaxaca (OAX), Chiriquí (CHI), Panamá (PAN).

Especie	Diferencia	Genético	Aislamiento	Hábitat	Ambiente
Huachinango	GC y NAY	◆	--	◆	◆
	NAY y OAX	◆	--	◆	--
	OAX y PAN	◆	◆	◆	◆
Pargo amarillo	LPZ y SBO	◆	--	◆	--
	CMA y PAN	◆	◆	◆	◆
Pargo lunarejo	LPZ y CMA	--	--	◆	◆
	OAX y CHI	--	--	◆	◆
	CHI y PAN	--	--	--	◆

* Respecto al pargo lunarejo, si hubo fragmentación de hábitat y diferencias ambientales, sin embargo, estas diferencias no afectaron a la estructura genética.

Conclusión

A escalas grandes, el principal causante de la estructura genética fue el aislamiento por distancia, mientras que, a escalas más pequeñas, la discontinuidad de hábitats y las diferencias ambientales entre ecoregiones provocaron las barreras para el flujo genético en el huachinango y pargo amarillo, principalmente en la boca del Golfo de California, centro-sur de México y entre el sur de México y Centroamérica.

En el caso del pargo lunarejo, si bien se reconoce una sola población a lo largo de todo el rango de distribución de la especie, las diferencias ambientales al parecer no están contribuyendo a la diferenciación genética.

El huachinango, el pargo amarillo y el pargo lunarejo, son especies clave para los pescadores ribereños. Con este trabajo se logró tener una visión más amplia de la estructura genética de las poblaciones de las tres especies, información que debe ser tomada en cuenta para mejorar las políticas públicas hacia el manejo del recurso pesquero, además de conocer y proteger los sitios potenciales de reclutamiento y crianza de estas especies.

Reconocimientos

Al fondo de Ciencia Básica del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), proyecto no. CB2015-257019. A Diana Cecilia Escobedo Urías y Elías Montaña (CIDIIR-Guasave, Sinaloa)

por el apoyo en el muestreo durante nuestra estancia en Sinaloa, a Vicente Hernández C. (CRIAP Mazatlán), Oswaldo Morales Pacheco (CRIAP Salina Cruz), Deivis Samuel Palacios Salgado (q.e.p.d.; Universidad de Autónoma de Nayarit), Marco Antonio Porchas Cornejo (CIBNOR Guaymas), Armando Hernández López (CICIMAR), Ana María Millán (Universidad del Valle, Colombia) y a Juan Antonio Clarós (Universidad Marítima Internacional de Panamá, Panamá) por la facilitación de las muestras. Además, agradecemos a todos los pescadores y cooperativas pesqueras: Horacio Fierro, San Carlos, La Salina y Mariscos Baja Sur, por apoyarnos durante nuestro muestreo. Al DG. Gerardo Hernández por el Diseño Gráfico Editorial para este artículo.

Referencias

- Almany, G.R., S. Planes, S.R.Thorrold, M.L Berumen, M. Bode, P. Saenz-Agudelo, M.C. Bonin, A.J Frisch, H.B. Harrison, V. Messmer, G.B.Nanninga, M.A. Priest, M. Srinivasan, T. Sinclair-Taylor, D.H. Williamson y G. Jones. 2017. *Larval fish dispersal in a coral-reef seascape*. Nature Ecology & Evolution. 1:0148.
- Assis, J., L. Tyberghein, S. Bosch, H. Verbruggen, E.A. Serrão y O. De Clerck. (2018). *Bio-ORACLE v2.0: Extending marine data layers for bioclimatic modelling*. Global Ecology and Biogeography. 27(3):277–284.
- Berkström, C., L. Eggertsen, W. Goodell, C.A.M.M. Cordeiro, M.B. Lucena, R. Gustafsson, S. Bandeira, N. Jiddawi, C.E.L. Ferreira. 2020. *Thresholds in seascape connectivity: the spatial arrangement of nursery habitats structure fish communities on nearby reefs*. Ecography. 43:1–15.
- Blanco-Gonzalez, E., H. Knutsen y P.E. Jorde. 2016. *Habitat discontinuities separate genetically divergent populations of a rocky shore marine fishes*. PLoS ONE. 11(10):e0163052.
- Claro, R. y K.C. Lindeman. 2008. *Biología y manejo de los pargos (Lutjanidae) en el Atlántico occidental*. Instituto La Habana, Cuba.
- Comisión Nacional de Acuicultura y Pesca. (2019). *Anuario estadístico de acuicultura y pesca*. Mazatlán, Sinaloa. México.
- Cowen, R.K. y S. Sponaugle. 2009. *Larval dispersal and marine population connectivity*. Annual review of marine science. 1:443–466.
- Dalongeville, A., M. Andrello, D. Mouillot, S. Lobreaux, M.J. Fortin, F. Lasram, J. Belmaker, D. Rocklin y S. Manel. 2018. *Geographic isolation and larval dispersal shape seascape genetic patterns differently according to spatial scale*. Evolutionary Applications. 11(8):1437–1447.



- Erisman, B., I. Mascarenas, G. Paredes, Y. Sadovy de Mitcheson, O. Aburto-Oropeza, P. Hastings. 2010. *Seasonal, annual, and long-term trends in commercial fisheries for aggregating reef fishes in the Gulf of California, Mexico*. Fisheries Research. 106(3):279–288.
- Fischer, W., F. Krupp, W. Schneider, C. Sommer, K.E. Carpenter y V.H. Niem. 1995. *Guía FAO para la identificación de especies para los fines de pesca. Pacífico centro-oriental. Volumen III. Vertebrados - Parte 2*. Roma.
- Frisk, M.G., A. Jordaan y T.J. Miller. 2012. *Moving beyond the current paradigm in marine population connectivity: Are adults the missing link?* Fish and Fisheries. 15(2):242–254.
- Gallardo-Cabello, M., M. Sarabia-Méndez, E. Espino-Barr y V. Anislado-Tolentino. 2010. *Biological aspects of Lutjanus peru in Bufadero Bay, Michoacán, México: growth, reproduction and condition factors*. Revista de Biología Marina y Oceanografía. 45(2):205–215.
- García-De León, F.J., C. Galván-Tirado, L. Sánchez-Velasco, C.A. Silva-Segundo, R. Hernández-Guzmán, I.D.L.A. Barriga-Sosa, P.D. Jaimes, M. Canino y P. Cruz-Hernández. 2018. *Role of oceanography in shaping the genetic structure in the North Pacific hake Merluccius productus*. PLoS ONE. 13(3):e0194646.
- Gold, J.R., S.C. Willis, M.A. Renshaw, A. Buentello, H.J. Walker, J.B. Puritz, C.M. Hollenbeck y G. Voelker. 2015. *Phylogenetic relationships of tropical eastern Pacific snappers (Lutjanidae) inferred from mitochondrial DNA sequences*. Systematics and Biodiversity. 13(6):916–927.
- Hellberg, M.E., R.S. Burton, J.E. Neigel y S.R. Palumbi. 2002. *Genetic assesment of connectivity among marine populations*. Bulletin of Marine Science. 70(1):273–290.
- Hernández-Álvarez, C., N.J. Bayona-Vásquez, O. Domínguez-Domínguez, M. Uribe-Alcocer y P. Díaz-Jaimes. 2020. *Phylogeography of the Pacific Red Snapper (Lutjanus peru) and Spotted Rose Snapper (Lutjanus guttatus) in the Inshore Tropical Eastern Pacific*. Copeia. 108(1):61.
- Jackson, A.M., A. Munguía-Vega, R. Beldade, B. E. Erisman, G. Bernardi. (2015). *Incorporating historical and ecological genetic data for leopard grouper (Mycteroperca rosacea) into marine reserve design in the Gulf of California*. Conservation Genetics. 16(4):811–822.
- Kennington, W.J., P.W. Keron, E.S. Harvey, C.B. Wakefield, A.J. Williams, T. Halafih y S.J. Newman. 2017. *High intra-ocean, but limited inter-ocean genetic connectivity in populations of the deep-water oblique-banded snapper Pristipomoides zonatus (Pisces: Lutjanidae)*. Fisheries Research. 193:242–249.
- Munguia-Vega, A., A. Jackson, S.G. Marinone, B. Erisman, M. Moreno-Baez, A. Girón-Nava, T. Pfister, O. Aburto-Oropeza y J. Torre. 2014. *Asymmetric connectivity of spawning aggregations of a commercially important marine fish using a multidisciplinary approach*. PeerJ. 2:511.

- Munguia-Vega, A., S.G. Marinone, D.A. Paz-Garcia, A. Giron-Nava, T. Plomozo-Lugo, O. Gonzalez-Cuellar, A.H. Weaver, F.J. García-Rodríguez y H. Reyes-Bonilla. 2018. *Anisotropic larval connectivity and metapopulation structure driven by directional oceanic currents in a marine fish targeted by small-scale fisheries*. Marine Biology. 165:16.
- Paz-García, D.A., A. Munguía-Vega, T. Plomozo-Lugo y A. Hudson-Weaver. 2016. *Characterization of 32 microsatellite loci for the Pacific red snapper *Lutjanus peru* through next generation sequencing*. Molecular Biology Reports. 44(2):251–256.
- Perez-Enriquez, R., J.A. Valadez-Rodríguez, A. Max-Aguilar, S. Dumas y N. Diaz-Viloria. 2020. *Parental contribution in a cultivated stock for the spotted rose snapper *lutjanus guttatus* (Steindachner, 1869) estimated by newly developed microsatellite markers*. Latin American Journal of Aquatic Research. 48(2):247–256.
- Perez-Enriquez, R. y N.Taniguchi. 1999. *Genetic structure of red sea bream (*Pagrus major*) population off japan and the southwest pacific, using microsatellite DNA markers*. Fisheries Science. 65(1):23–30.
- Piñón, A., F. Amezcua y N. Duncan. 2009. *Reproductive cycle of female yellow snapper *Lutjanus argentiventris* (Pisces, Actinopterygii, Lutjanidae) in the SW Gulf of California: gonadic stages, spawning seasonality and length at sexual maturity*. Journal of Applied Ichthyology. 25(1):18–25.
- Putman, A.I. y I. Carbone. 2014. *Challenges in analysis and interpretation of microsatellite data for population genetic studies*. Ecology and Evolution. 4(22):4399–4428.
- Reguera-Rouzaud, N., Díaz-Viloria, N., Sánchez-Velasco, L., Flores-Morales, A.L., Parés-Sierra, A., O. Aburto-Oropeza y A. Munguía-Vega. 2020. *Yellow snapper (*Lutjanus argentiventris*) connectivity in the Southern Gulf of California*. Marine Biodiversity. 50(54):1–14.
- Reguera-Rouzaud, N., N. Díaz-Viloria, R. Pérez-Enríquez, E. Espino-Barr, M.I. Rivera-Lucero y A. Munguía-Vega. 2021. *Drivers for genetic structure at different geographic scales for Pacific red snapper (*Lutjanus peru*) and yellow snapper (*Lutjanus argentiventris*) in the tropical eastern Pacific*. Journal of Fish Biology. 98(5):1267–1280.
- Rivera-Lucero, M. I. 2020. *Análisis comparativo de la composición genética en el Pacífico panameño de poblaciones de *Lutjanus peru*, *L. guttatus* y *L. argentiventris**. Tesis de licenciatura. Universidad Marítima Internacional de Panamá. Panamá. 82 pp.
- Rocha-Olivares, A. y J. Sandoval-Castillo. 2003. *Diversidad mitocondrial y estructura genética en poblaciones alopátricas del huachinango del Pacífico *Lutjanus peru* Mitochondrial diversity and genetic structure in allopatric populations of the Pacific red snapper *Lutjanus peru**. Ciencias Marinas. 29(2):197–209..



- Rojas, P.A., C.F. Gutiérrez, V. Puentes, A.A. Villa y E.A. Rubio. 2004. *Aspectos de la biología y dinámica poblacional del pargo coliamarillo *Lutjanus argentiventris* en el Parque Nacional Natural Gorgona, Colombia*. Investigaciones marinas. 32(2):23–36.
- Sandoval-Huerta, E.R., R.G. Beltrán-López, C.R. Pedraza-Marrón, M.A. Paz-Velásquez, A. Angulo, D.R. Robertson, E. Espinoza y O. Domínguez-Domínguez. 2019. *The evolutionary history of the goby *Elacatinus puncticulatus* in the tropical eastern pacific: Effects of habitat discontinuities and local environmental variability*. Molecular Phylogenetics and Evolution. 130:269–285.
- Sarabia-Méndez, M., M. Gallardo-Cabello, E. Espino-Barr y V. Anislado-Tolentino. 2010. *Characteristics of population dynamics of *Lutjanus guttatus* (Pisces: Lutjanidae) in Bufadero Bay, Michoacán, Mexico*. Hidrobiologica. 20(2):147–157.
- Spalding, M.D., H.E. Fox, G.R. Allen, N. Davidson, Z.A. Ferdaña, M. Finlayson, B.S. Halpern, M. A. Jorge, A. Lombana, S. A. Lourie, K.D. Martin, E. Mcmanus, J. Molnar, C. A. Recchia y J. Robertson. 2007. *Marine Ecoregions of the World: A Bioregionalization of Coastal and Shelf Areas*. BioScience. 57(7):573.
- Torquato, F., P. Range, R. Ben-Hamadou, E.E. Sigsgaard, P.F. Thomsen, R. Riera, M.L. Berumen, J.A. Burt, D.A. Feary, A. Marshall, D. D'Agostino, J.D. DiBattista y P.R. Møller. 2019. *Consequences of marine barriers for genetic diversity of the coral-specialist yellowbar angelfish from the Northwestern Indian Ocean*. Ecology and Evolution. 9(19):11215–11226.
- Trejos-Castillo, N., A. Vega, O. Smith, M. Morán. 2007. *Diagnóstico del estado actual de los manglares, su manejo y relación con la pesquería en Panamá. Informe técnico final*.
- Treml, E.A., J.J. Roberts, Y. Chao, P.N. Halpin, H.P. Possingham y C. Riginos. 2012. *Reproductive output and duration of the pelagic larval stage determine seascape-wide connectivity of marine populations*. Integrative and comparative biology. 52(4):525–537.
- Vega, A.J., J.L. Maté y Y.A. Robles. 2016. *First report of reproductive aggregations for Pacific Red snappers *Lutjanus peru* (Nicholson and Murphy, 1992) and spotted rose snapper *L. guttatus* (Steindachner, 1869) in the Coiba National Park, Pacific of Panama*. 68th. Gulf and Caribbean Fisheries Insitute.112–117.
- Xuereb, A., L. Benestan, É. Normandeau, R.M. Daigle, J.M.R. Curtis, L. Bernatchez y M.J. Fortin. 2018. *Asymmetric oceanographic processes mediate connectivity and population genetic structure, as revealed by RADseq, in a highly dispersive marine invertebrate (*Parastichopus californicus*)*. Molecular Ecology. 27:2347–2364.

Zárate-Becerra, M.E., E. Espino-Barr, M. Puente-Gómez, A. Garcia-Boa, E.G. Cabral-Solís, D. Hernández-Montaño, C. Meléndez-Galicia, A. Arellano-Torres, R.M. Gutiérrez-Zavala, E. Cabrera-Mancilla, H.A. Gil-López y A. Labastida-Che. 2014. *Huachinango del Pacífico Centro-Sur, costa de Nayarit a Chiapas*. Sustentabilidad y pesca responsable en México. Evaluación y Manejo. 1ra edn México, D.F.

Cita:

Reguera-Rouzaud N., A. Munguía-Vega, R. Pérez-Enríquez, E. Espino-Barr y N. Díaz-Viloria. ¿Cómo están estructuradas genéticamente las poblaciones de pargos en el Golfo de California y Pacífico Oriental Tropical. *Recursos Naturales y Sociedad*, 2023. Vol. 9 (1): 33-48. <https://doi.org/10.18846/renaysoc.2023.09.09.01.0004>

Sometido: junio de 2022

Aceptado: 13 de febrero de 2023

Editor asociado: Dr. Pedro Cruz Hernández

Editora ejecutiva: Dra. Crisalejandra Rivera Pérez

Diseño gráfico editorial: Lic. Gerardo Hernández

Ficha curricular co-autores

- 1) Nicole Reguera-Rouzaud. nicole.reguear@gmail.com. Doctora en Ciencias. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas del Instituto Politécnico Nacional. Genetista poblacional y oceanógrafa con interés en la genética y genómica de poblaciones especies marinas, así como evaluar las condiciones ambientales que afectan a la estructura genética poblacional.
- 2) Adrian Munguia-Vega. airdrian@arizona.edu. Ph.D. University of Arizona, Research Scientist, SNI 2. Su carrera profesional está enfocada en la aplicación de herramientas de genómica poblacional y evolutiva para describir, manejar y conservar la biodiversidad.
- 3) Ricardo Pérez-Enríquez. rperez@cibnor.mx. Doctor en Ciencias. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C. Investigador titular "C". SNI 3. Genetista poblacional con interés en la aplicación de estudios de ADN y marcadores genéticos en especies de importancia en acuicultura y pesquerías.



- 4) Elaine Espino-Barr. elaine.espino@inapesca.gob.mx. Doctora en Ciencias. Investigador titular "C" del Centro Regional de Investigación Acuícola Pesquera del Instituto Nacional de la Pesca y Acuicultura. Jefe del programa de investigación biológico-pesquero de la pesca ribereña en Colima y Jalisco, donde se monitorea periódicamente la captura de la pesca comercial ribereña, y con ello conocer la dinámica poblacional y aspectos pesqueros.
- 5) Noé Díaz Vitoria. ndiazv@ipn.mx. Doctor en Ciencias. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas del Instituto Politécnico Nacional. Titular A. SNI 1. Genetista de poblaciones con interés en la Identificación molecular de especies, análisis de diversidad genética, genética de poblaciones naturales, análisis de conectividad genética, análisis de parentesco, análisis de metagenómica de comunidades y genómica de poblaciones.