



INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL
CENTRO INTERDISCIPLINARIO DE CIENCIAS MARINAS



**ESTRUCTURA POBLACIONAL DE LA SIERRA
DEL PACIFICO *Scomberomorus sierra* JORDAN Y
STARKS, 1895 (PERCIFORMES: SCOMBRIDAE)
EN EL PACIFICO MEXICANO**

TESIS

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
DOCTOR EN CIENCIAS MARINAS**

PRESENTA

JORGE SAÚL RAMÍREZ PÉREZ

LA PAZ. B.C.S. SEPTIEMBRE DE 2010



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARIA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO
ACTA DE REVISIÓN DE TESIS

En la Ciudad de La Paz, B.C.S., siendo las 12:00 horas del día 10 del mes de Agosto del 2010 se reunieron los miembros de la Comisión Revisora de Tesis designada por el Colegio de Profesores de Estudios de Posgrado e Investigación de CICIMAR para examinar la tesis titulada:

“ESTRUCTURA POBLACIONAL DE LA SIERRA DEL PACÍFICO *Scomberomorus sierra*
JORDAN Y STARKS, 1895 (PERCIFORMES: SCOMBRIDAE) EN EL PACÍFICO MEXICANO”

Presentada por el alumno:

RAMÍREZ

Apellido paterno

PÉREZ

materno

JORGE SAÚL

nombre(s)

Con registro:

B	0	7	1	2	2	0
----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------

Aspirante de:

DOCTORADO EN CIENCIAS MARINAS

Después de intercambiar opiniones los miembros de la Comisión manifestaron **APROBAR LA DEFENSA DE LA TESIS**, en virtud de que satisface los requisitos señalados por las disposiciones reglamentarias vigentes.

LA COMISION REVISORA

Directores de Tesis

DR. CASIMIRO QUIÑONEZ VELÁZQUEZ

Director de Tesis

DR. FRANCISCO JAVIER GARCÍA RODRÍGUEZ

Director de Tesis

DR. ROBERTO FÉLIX URAGA

DR. ROGELIO GONZÁLEZ ARMAS

DR. PEDRO CRUZ HERNÁNDEZ

PRESIDENTE DEL COLEGIO DE PROFESORES

DR. RAFAEL CERVANTES DUARTE



IPN
CICIMAR
DIRECCION



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

SECRETARÍA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

CARTA CESIÓN DE DERECHOS

En la Ciudad de La Paz, B.C.S., el día 23 del mes Agosto del año 2010
el (la) que suscribe MC. JORGE SAÚL RAMÍREZ PÉREZ alumno(a) del
Programa de DOCTORADO EN CIENCIAS MARINAS

con número de registro B071220 adscrito al CENTRO INTERDISCIPLINARIO DE CIENCIAS MARINAS

manifiesta que es autor (a) intelectual del presente trabajo de tesis, bajo la dirección de:

DR. CASIMIRO QUIÑONEZ VELÁZQUEZ y FRANCISCO JAVIER GARCÍA RODRÍGUEZ

y cede los derechos del trabajo titulado:

"ESTRUCTURA POBLACIONAL DE LA SIERRA DEL PACÍFICO *Scomberomorus sierra*

JORDAN Y STARKS, 1895 (PERCIFORMES: SCOMBRIDAE) EN EL PACÍFICO MEXICANO"

al Instituto Politécnico Nacional, para su difusión con fines académicos y de investigación.

Los usuarios de la información no deben reproducir el contenido textual, gráficas o datos del trabajo sin el permiso expreso del autor y/o director del trabajo. Éste, puede ser obtenido escribiendo a la siguiente dirección: jsramirezp@ipn.mx - cquinone@ipn.mx

Si el permiso se otorga, el usuario deberá dar el agradecimiento correspondiente y citar la fuente del mismo.

MC. JORGE SAÚL RAMÍREZ PÉREZ

nombre y firma

Prefacio

En el presente trabajo se revisa la estructura poblacional de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* en el Pacífico Mexicano, a través de dos enfoques metodológicos novedosos en la identificación de stocks.

El primero trata con las características fenotípicas, mientras que en el segundo analiza la estructura genética de la población de sierra.

Todas las muestras fueron obtenidas del proyecto “Estudio de la población de la sierra del golfo *Scomberomorus concolor* especie endémica del Golfo de California”, financiado por el fondo SAGARPA-CONACYT con registro 11714. A cargo del Dr. Casimiro Quiñonez Velázquez.

La parte fenotípica fue analizada en el laboratorio dinámica de poblaciones del CICIMAR-IPN, mientras que la parte genética en el laboratorio de genética acuícola del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR) y en el laboratorio de Microbiología del CICIMAR.

Los resultados del presente trabajo, así como también una gran parte de la investigación citada sobre el recurso sierra, deben de ser considerados en un adecuado y actualizado plan de manejo para la pesquería, debido a que México es el país que aprovecha de manera significativa el recurso a lo largo del Océano Pacífico Oriental Tropical.

La producción generada a partir de la información obtenida del proyecto, además de la presente tesis, la constituyen una publicación científica y tres ponencias en congresos. Además me fue posible participar como director de tesis de dos estudiantes de nivel licenciatura.

Participación en congresos

Ponencia “Definición de stocks de sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* Jordan y Starks, 1895 (Perciformes: Scombridae) en la parte norte del Pacífico Mexicano” en el XVI Congreso Nacional de Ciencia y Tecnología del Mar realizado en Colima, Colima del 5 al 7 de octubre de 2009.

Ponencia “Usando la Forma de los Otolitos para el reconocimiento de Stocks Fenotípicos en *Scomberomorus sierra* Jordan y Starks, 1895 (Perciformes: Scombridae), presentado en el XIII Congreso Latinoamericano de Ciencias del Mar. VIII Congreso de Ciencias del Mar, MarCuba, realizado en La Habana, Cuba del 26 al 30 de octubre de 2009.

Ponencia “Estructura poblacional de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* Jordan y Starks, 1895 (Perciformes: Scombridae) en el Pacífico Mexicano” en la II Reunión Bi anual de la Sociedad de Pesquerías y el capítulo mexicano de la Sociedad Americana de Pesquerías, realizado en Ensenada, Baja California del 3 al 7 de mayo 2010.

Publicación científica

Ramírez-Pérez, J.S., C. Quiñonez-Velázquez, F.J. García-Rodríguez, R. Félix-Uraga and F.N. Melo-Barrera. 2010. Using the Shape Sagitta Otoliths in the Discrimination or Phenotypic Stocks in *Scomberomorus sierra* (Jordan y Starks, 1895). Journal of Fisheries and Aquatic Science. 5(2): 82-93.

Disponible en: <http://scialert.net/qredirect.php?doi=jfas.2010.82.93&linkid=pdf>

Tesis dirigidas

Selectividad de la red de enmalle sobre la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* Jordan y Starks, 1895, en la Bahía de Topolobampo, Sinaloa. Defendida por el **C. Jorge Rafael García Valdez** estudiante de la Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa. Presentada en enero de 2010.

Edad y Crecimiento de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* en las costas de Mazatlán, Sinaloa durante octubre de 2006 a julio de 2007. Defendida por la **C. Liz Sobeira López Murúa** estudiante de la Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa. Presentada en mayo de 2010.

Dedicatoria

A Maria Isabel mi esposa por su Amor, comprensión y paciencia.

*A mis padres Victor J. Ramirez y Maria N. Pérez por darme su apoyo
incondicional.*

Agradecimientos

Agradezco al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), al programa institucional de formación de investigadores (PIFI) del Instituto Politécnico Nacional y al Programa de Formación de doctores jóvenes de la Universidad Autónoma de Sinaloa por los apoyos económicos brindados, lo cual me permitió culminar la meta de obtener el grado académico.

A mis directores de tesis, los doctores Casimiro Quiñonez Velázquez y Francisco Javier García Rodríguez por el apoyo brindado durante la estancia doctoral y por sus valiosos y acertados comentarios respecto al ejercicio de tesis.

A los miembros del comité Dr. Roberto Félix Uruga, Dr. Rogelio González Armas y Dr. Pedro Cruz Hernández (CIBNOR) por sus acertados comentarios en la revisión de la tesis.

Al C.P. Humberto Ceseña Amador, por siempre estar al pendiente de todo trámite administrativo, además por su gran amistad.

A mis compañeros del Laboratorio de dinámica de poblaciones (antes edad y crecimiento) del CICIMAR, por los momentos tan amenos compartidos, tanto en el ámbito académico como en el social.

A los integrantes el laboratorio de genética acuícola del CIBNOR, gracias por todo el apoyo otorgado.

A los encargados de la biblioteca del CICIMAR, Tere, Martina, Juan por siempre tener la disposición de ayudar a cuantos necesitamos de sus servicios, gracias por hacer la estadía más amena y por la amistad compartida.

A todos aquellos investigadores, académicos, técnicos y compañeros que de manera directa o indirecta contribuyeron a mi formación dentro del posgrado del CICIMAR.

INDICE

	Página
Lista de figuras	
Lista de tablas	
Glosario	I
Resumen	IV
Abstract	VI
1. INTRODUCCION	1
2. ANTECEDENTES	3
3. JUSTIFICACION	9
4. PLANTEAMIENTO DE HIPOTESIS	10
5. OBJETIVO GENERAL	10
Objetivos específicos	10
6. MATERIALES Y METODOS	
Recolecta de información	10
Definición de grupos fenotípicos	12
<i>Estructura de tallas y edades</i>	12
<i>Determinación de edad</i>	13
<i>Morfometría de los otolitos</i>	14
<i>Análisis de los datos de forma con estadística multivariada</i>	15
<i>Identificación de stocks fenotípicos</i>	17
Definición de grupos genotípicos	
<i>Análisis genético con ADNmt</i>	19
<i>Extracción de ADN.</i>	19
<i>Identificación molecular de especies</i>	20
<i>Amplificación del gen16S y región control</i>	20
<i>Análisis de datos</i>	22
7. RESULTADOS	23
Definición de grupos fenotípicos	23
<i>Estructura de tallas y edades</i>	23

<i>Determinación de edad</i>	27
<i>Morfometría de los otolitos</i>	30
Definición de grupos genotípicos	38
<i>Identificación molecular de especies</i>	
<i>Análisis poblacional de la sierra en el Pacífico Mexicano</i>	39
<i>Diversidad genética</i>	
8. DISCUSION	44
Estructura fenotípica de la población	44
Estructura genotípica de la población	50
Recomendaciones al manejo de la pesquería de sierra en el Pacífico mexicano	54
9. CONCLUSIONES	57
10.REFERENCIAS	58

Lista de figuras

Figura		Página
1	Sitios de recolecta de la sierra del Pacífico <i>S. sierra</i> , los cuadros en rojo indican las zonas consideradas para el análisis genético.	11
2	A) Puntos homólogos que señalan las marcas naturales en el otolito de la sierra del Pacífico de izquierda a derecha. Punta del anti-rostrum, foco del otolito y parte superior derecha del otolito. B) Referencia construida sobre el otolito a partir de las marcas naturales.	15
3	Puntos digitalizados sobre la referencia construida en el otolito de la sierra del Pacífico con la finalidad de representar la forma del otolito.	16
4	A) otolito completo de <i>Scomberomorus sierra</i> (41 marcas). B) otolito quebrado (31 marcas).	19
5	Distribución de frecuencia de tallas del total de sierra registrada en el Pacífico mexicano.	23
6	Distribución de frecuencia de tallas por sexo del total de sierra registrada en el Pacífico mexicano.	24
7	Distribución del promedio de talla de machos de <i>S. sierra</i> por sitio de pesca en el Pacífico mexicano. Valores debajo de cada sitio de pesca = tamaño de muestra.	25
8	Distribución del promedio de la talla para hembras de <i>S. sierra</i> por sitio de pesca en el Pacífico mexicano. Valores debajo de cada sitio de pesca = tamaño de muestra.	26
9	Estructura de edades de la sierra del Pacífico <i>S. sierra</i> por sitio de pesca en la costa mexicana del Pacífico.	28
10	Distribución del promedio de cada sitio de recolecta para ejemplares de talla a la edad 4 de sierra en el Pacífico mexicano. Valores debajo de cada sitio de recolecta = tamaño de muestra por sitio.	29
11	Dispersión de scores del análisis de variables canónicas de la forma de otolitos completos. La parte superior representan las gradillas de deformación para cada localidad.	32
12	Dispersión de los scores del análisis de variables canónicas de la forma de los otolitos virtualmente rotos (OVR). La parte superior representan las gradillas de deformación para cada localidad.	33

Figura		Página
13	Dispersión de los scores del análisis de variables canónicas de la forma de los otolitos rotos (ORR). La parte superior representan las gradillas de deformación para cada localidad.	34
14	Dispersión de los scores del análisis de variables canónicas generado para todas las zonas de recolecta en el Pacífico Mexicano.	35
15	Ubicación geográfica de los stocks de sierra en el Pacífico mexicano, detectados con el análisis de la forma de sus otolitos. La parte superior e inferior representan las gradillas de deformación para cada stock detectado con morfometría geométrica.	37
16	Árbol de relaciones genéticas construido de las secuencias del 16S ARN ribosomal de <i>S. sierra</i> y <i>S. concolor</i> . El valor de la regla indica el número de sustituciones nucleotídicas.	38
17	Árbol de relaciones genéticas empleando las secuencias de la región control de ejemplares de sierra del Pacífico de Guaymas y de Bahía Magdalena. Se indican en un recuadro las secuencias de GYM2 y GYM4. El valor de la regla indica el número de sustituciones nucleotídicas.	39
18	Árbol construido de los haplótipos de la sierra del Pacífico. Los cuadros negros indican la localidad donde cada haplótipo fue encontrado	43

Lista de tablas

Tabla		Página
1	Valores de significación del análisis de comparación múltiple de medias de talla para machos recolectados en el Pacífico mexicano.	25
2	Valores de significación del análisis de comparación múltiple de medias de la talla para hembras recolectadas en el Pacífico mexicano.	27
3	Valores de significación del análisis de comparación múltiple de medias para los ejemplares de talla a la edad 4 recolectados en el Pacífico mexicano.	29
4	Resultados de la asignación correcta basada en la distancia de Mahalanobis (dados en porcentaje). Los renglones representan los grupos originales y las columnas los grupos sugeridos por el CVA. Por lo anterior, la diagonal, representa los individuos correctamente identificados.	31
5	Porcentaje de clasificación de grupos, basado en las distancias de Mahalanobis.	36
6	Valores de significación de la prueba F-Procrustes a través de 900 re-muestreos.	36
7	Variabilidad genética de la sierra a partir de la diversidad haplotípica y nucleotídica.	40
8	Valores de Φ_{ST} pareados (bajo diagonal) entre las seis localidades de la zona de estudio. Localidades de norte a sur. Sobre la diagonal los valores de significación estadística (p).	40
9	Distribución de los haplótipos en las seis poblaciones.	42

Glosario

ADN: Ácido desoxirribonucleico. Cualquiera de los ácidos nucleicos que dan desoxirribosa como producto de hidrólisis

Alelo: Una de dos o más formas alternativas de un gen, cada uno con una secuencia de nucleótidos única.

Análisis de Varianza Molecular (AMOVA): Método estadístico para probar diferencias genéticas entre grupos o poblaciones que se basa en el análisis de varianza de las frecuencias genotípicas.

Corrección de Bonferroni: Procedimiento no paramétrico el cual es empleado para corregir el error tipo I (rechazar una hipótesis nula verdadera) cuando se realizan múltiples pruebas o comparaciones.

Distancias de Mahalanobis: Medida de distancia introducida por Mahalanobis en 1936. Medida de similitud entre dos variables aleatorias multidimensionales.

Diversidad Genética: Es el grado de variación genética en una población, especie o entre un grupo de especies medido en heterocigosidad, diversidad alélica o heredabilidad.

Diversidad haplotípica (h): Es equivalente a la heterocigosidad esperada para datos diploides. Mide la probabilidad de que dos haplotipos seleccionados al azar en una muestra sean diferentes.

Diversidad nucleotídica (π): Mide la probabilidad de que dos nucleótidos homólogos seleccionados al azar sean diferentes.

Equilibrio de Hardy-Weinberg: Es el equilibrio alcanzado en las frecuencias alélicas en una población panmíctica donde no hay perturbaciones por efecto de mutación, migración, selección o deriva. Si los dos alelos A_1 y A_2 tienen frecuencias p y q , las frecuencias en equilibrio de Hardy-Weinberg para los genotipos A_1A_1 , A_1A_2 y A_2A_2 serán p^2 , $2pq$ y q^2 , respectivamente.

Estructura genética poblacional: Ocurre cuando en dos o más sitios recolectados presentan un grado de diferenciación genética tal que se consideran como subpoblaciones diferentes.

Fenotipo: La expresión del genotipo en un determinado ambiente. Características observables de un organismo (color de pelo, piel, etc). Los rasgos fenotípicos incluyen rasgos tanto físicos como conductuales.

Gen: Unidad física y funcional de la herencia que se pasa de padres a hijos. Los genes están compuestos por ADN y la mayoría de ellos contiene la información para elaborar una proteína específica.

Genotipo: Composición genética de un organismo.

Haplotipo: Constitución genética de un cromosoma individual. Es Una combinación de alelos ligados a múltiples loci que se transmiten juntos.

Heterocigosidad: Número de individuos heterocigotos para un locus dividido entre el número total de individuos de la muestra.

Heterogeneidad: Cualidad de una cosa heterogénea o formada por elementos de distinta clase o naturaleza.

Índice de fijación F_{ST} : Proporción de la endogamia total en una población como consecuencia de la diferenciación entre sub poblaciones.

Morfometría Geométrica: Recopilación de aproximaciones para análisis estadísticos multivariados de coordenadas cartesianas, usualmente (pero no siempre) limitado a ubicaciones de puntos homólogos

Población: Grupo de organismos de la misma especie que habitan en un área geográfica restringida y que tienen la capacidad de reproducirse con cualquier otro miembro de dicho grupo.

Población panmíctica: Es aquella en donde todos los individuos de la población tienen la misma probabilidad de aparearse.

Polimorfismo: Presencia de diferentes variantes alélicas para un mismo locus en una muestra poblacional con una frecuencia significativa. Se dice que un locus es polimórfico cuando presenta al menos dos alelos.

Prueba F-Procrustes: Procedimiento estadístico empleado para calcular la distancia Procrustes parcial o completa entre la media de dos grupos y un estimado de la varianza en esta distancia obtenido a través de re-muestreos

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR): Método utilizado para realizar copias de segmentos específicos de ADN (amplificar). El ADN es desnaturalizado por temperaturas elevadas, se añaden regiones flanqueantes (*primers*) y la secuencia es copiada por medio de una enzima polimerasa termoestable (*Taq*). Este proceso se lleva a cabo en una serie de 30 a 40 ciclos en un termociclador. 30 ciclos producirán un factor de amplificación de 100 millones de copias.

Score: Valor que representa la combinación lineal de un juego de variables observadas. Los coeficientes de la combinación lineal que son usualmente determinados por el cálculo de una matriz.

Sitios parsimoniosos: Un sitio es parsimonioso-informativo si contiene al menos dos tipos de nucleótidos (ó aminoácidos) y en al menos dos de ellos ocurre con una frecuencia de dos.

Stock: Si bien existen diversas definiciones de stock, en pesquerías stock es un grupo de individuos que se encuentran en un área específica en un tiempo específico, sin importar su integridad genética. Por otra parte, desde el punto de vista genético, se considera al stock como una unidad aislada reproductivamente y genéticamente diferenciada de otras, en donde unos cuantos migrantes por generación son suficientes para evitar la diferenciación genética.

Sustitución nucleotídica: Reemplazo de un nucleótido en una secuencia del ADN por otro nucleótido ó reemplazo de un aminoácido en una proteína por otro aminoácido

Resumen

La sierra del Pacífico se distribuye desde California hasta Perú y Golfo de California. En México, esta especie soporta una importante pesquería con rendimientos promedio de 4,269 t, durante 1964 a 2008. En el presente estudio se analizó la estructura poblacional de *S. sierra* con la finalidad de evaluar si está constituida como unidad panmíctica o en stocks. Para lograr el anterior objetivo se recolectaron ejemplares de sierra en los principales sitios de desembarque del Pacífico mexicano (desde Bahía Magdalena, B.C.S., hasta Puerto Arista, Chiapas y Golfo de California) durante las temporadas de pesca de 2001 a 2008. La estructura fenotípica de la población se abordó a través la estructura de tallas, la talla a la edad y la forma del otolito por zona de pesca. Se detectaron diferencias significativas en la talla (longitud furcal, LF) entre sexos, siendo en promedio más grandes las hembras (449 mm LF) que los machos (411 mm LF). Las diferencias en talla por sexo entre los sitios de pesca fueron significativas ($p < 0.05$), siendo los organismos de La Paz, Guaymas, Colima y Chiapas los que presentaron mayor variación. La estimación de edad varió entre 1 y 9 años, y no se detectaron diferencias significativas en la talla a la edad entre sexos ($p > 0.05$). Para las comparaciones de la talla a la edad entre sitios de pesca, se seleccionó el grupo-4 de edad. Se detectaron diferencias significativas en la talla a la edad, siendo los organismos recolectados en Guaymas, Colima y Chiapas los que aportan la mayor variación. La forma del otolito se analizó a través de morfometría geométrica y estadística multivariada. Se validó a los otolitos como una estructura estadísticamente significativa para discriminar stocks. Mediante el valor de Lambda de Wilks (Λ), distancias de Mahalanobis y la prueba F-Procrustes se identificaron cinco grupos de otolitos con diferente forma, lo que sugiere cinco stocks de sierra del Pacífico, asociados a las siguientes sitios de pesca: 1. Bahía Magdalena; 2. Guaymas; 3. La Paz-Loreto-Topolobampo-Mazatlán-Chacala; 4. Colima-Lázaro Cárdenas-Acapulco; y 5. Oaxaca-Chiapas. Para evaluar la estructura genotípica de la población, se analizaron 147 secuencias de la región control del ADNmt de organismos de los 5 stocks identificados fenotípicamente. No se detectó evidencia de una estructura que sugiera el establecimiento de diferentes poblaciones de sierra a lo largo del Pacífico mexicano (AMOVA, $p > 0.05$). Los resultados sientan

las bases para que se evalúen los parámetros de vida de la sierra *S. sierra* a lo largo del Pacífico mexicano y se incluyan en un adecuado plan de manejo de la pesquería, a través de puntos de referencia biológica por stock y permitir un escape proporcional de al menos el 50% de organismos por debajo de la talla de primera madurez, además de excluir a *S. sierra* del estatus de manejo conjunto con *S. concolor*.

Abstract

The Pacific sierra *S. sierra* is distributed from California to Peru and Gulf of California. In Mexico, this species supports an important fishery with average yields of 4,269 t, during 1964 to 2008. In the presently study was analyzed the population structure of the Pacific sierra with the purpose to evaluate if the population is constituted as unit panmictic or in stocks. To achieve the previous objective the Pacific sierra were sampled from the main places of landing on mexican Pacific coast (from Bahía Magdalena, B.C.S. to Puerto Arista, Chiapas and Gulf of California), during 2001 to 2008. The phenotypic population's structure was evaluated using size structure, size to age and the otolith-form by fishing site. Significant differences were detected in size (fork length, FL) by sex, being on average bigger the females (449 mm FL) that the males (411 mm LF). The differences in size for sex among the fishing sites were significant ($p < 0.05$), being the fish of La Paz, Guaymas, Colima and Chiapas those that present bigger variation. The age estimate varied between 1 and 9 years, and significant differences were not detected in the size-age by sex ($p > 0.05$). For the comparisons of the size to age among fishing sites, the group-4 was selected. Significant differences were detected in the size-age, being the organisms sampled in Guaymas, Colima and Chiapas those that contribute the biggest variation. The otolith-form was analyzed through geometric morphometric and multivariate statistic. It was validated that otolith is statistically an adequate structure to discriminate stocks. By means of the value of Wilks' Lambda, Mahalanobis distances and the test F-Procrustes was identified up to five otolith-groups, what suggests five stocks of Pacific sierra, associated to the following fishing sites: 1. Bahía Magdalena; 2. Guaymas; 3. La Paz-Loreto-Topolobampo-Mazatlán-Chacala; 4. Colima-Lázaro Cárdenas-Acapulco; and 5. Oaxaca-Chiapas. To evaluate the genotypic population's structure, 147 sequences from ADNmt region control of organisms of the 5 phenotypic stocks. Evidence above a population structure was not detected that suggests the establishment of different Pacific sierra populations throughout mexican Pacific coast (AMOVA, $p > 0.05$). The results suggest that life parameters of Pacific sierra must be evaluated throughout mexican Pacific coast and included in an appropriate management plan of handling of the fishery, through biological points

reference for stock. It is recommended a 50% proportional escape below the maturity size of first, and excludes Pacific sierra from the status of fishery management unit with Spanish mackerel *S. concolor*.

1. INTRODUCCION

Los peces del género *Scomberomorus* se distribuyen en la franja tropical y templada de todos los océanos. La mayoría de las especies de ese género realizan grandes migraciones estacionales asociadas con la alimentación y reproducción (Collete y Nauen, 1983). El género incluye 18 especies, dos de las cuales se localizan en el Pacífico Oriental y Golfo de California: la sierra del Golfo (*S. concolor*, Lockington, 1879) y la sierra del Pacífico (*S. sierra*, Jordan y Starks, 1895) (Collete y Nauen, 1983). La sierra del Pacífico se distribuye desde La Jolla, EUA, hasta Paíta, Perú, incluyendo el Golfo de California y las Islas Galápagos; mientras que la sierra del Golfo está restringida al Golfo de California (Collete y Nauen, 1983).

En México, estas especies son tradicionalmente demandadas por el mercado nacional. Su disponibilidad estacional las hace un recurso de oportunidad, con una importante participación en las capturas de escama de la pesca ribereña.

La tendencia histórica de la captura (1964-2008) de sierra en el Pacífico Oriental tropical indica una producción promedio de 5,575 t anuales. En estas capturas se registra la producción de Colombia, Nicaragua, Panamá, Perú y México, aportando este último país el 76.5% (4,269 t) de la producción total (<http://www.fishbase.org/report/FAO/FAOCatchList.cfm?scientific=Scomberomorus+sierra>). En México, el orden de importancia en la producción por estado es el siguiente: Sonora, Sinaloa, Baja California Sur, Nayarit, Baja California y Chiapas (Anuario estadístico de pesca, 2008).

En la Carta Nacional Pesquera (DOF-2004) se clasificó a *S. concolor* y *S. sierra* como una unidad pesquera de manejo (UPM), con el criterio de que son especies que tienen afinidad de hábitat. Sin embargo, se recomienda obtener mayor conocimiento de su biología y dinámica poblacional, con la finalidad de evaluar su estado actual como recurso pesquero. La única medida de manejo en la pesquería de sierra, es el control del esfuerzo pesquero en número de embarcaciones, la cual es insuficiente para garantizar un adecuado uso del recurso.

Montemayor y Cisneros (2000) indican que la pesquería de sierra está a un nivel de aprovechamiento máximo con riesgo. Por consecuencia para implementar otras medidas de manejo que garanticen la sustentabilidad del recurso sierra, es necesario desarrollar investigación científica aplicada. Tal investigación debe primero ser dirigida a la identificación de stocks como un prerrequisito para que la evaluación de poblaciones pesqueras sean más adecuadas, ya que la mayoría de los modelos poblacionales asumen que los grupos de individuos tienen parámetros biológicos homogéneos (ej. crecimiento, madurez y mortalidad) y un ciclo de vida cerrado en el cual los peces jóvenes fueron producidos por generaciones previas en el mismo grupo (Cadrin, *et al.* 2005).

Booke (1981) reconoce a un stock como una población de peces que mantienen y sostienen el equilibrio de Hardy-Weinberg, es decir, que el stock debe de tener una frecuencia de genes constante para un carácter particular en cada generación. Cuando estas características genotípicas no son posibles de identificar, se deben de evaluar las posibles diferencias a través de las características fenotípicas. De esta forma es posible reconocer y definir cómo un grupo o población de peces, mantiene ciertas características las cuales son expresadas de una o más formas dependiendo del ambiente donde reside. Un stock fenotípico puede ser definido por las diferencias en color, en la tasa de crecimiento, o en algún carácter que lo haga definible e identificable.

En el presente trabajo se utiliza el término de stock adoptado por Ihssen *et al.* (1981) quienes lo definen como un grupo intraespecífico de organismos que se aparean aleatoriamente y que mantienen una integridad espacial y temporal.

Por décadas, los peces han sido objeto de estudios enfocados a comprender su estructura poblacional y dinámica (desde Hjort, 1919). Métodos merísticos, morfométricos, transporte de parásitos y demográficos han sido utilizados para determinar la estructura poblacional de los peces. Sin embargo, existen limitaciones asociadas con estas técnicas, ya que es bien conocido que el ambiente físico influye

en la expresión de ciertas características durante el ciclo de vida de los individuos. Una influencia ambiental es de gran consecuencia para una especie migratoria cuyo rango puede abarcar una variedad de ambientes (Smedbol *et al.*, 2002). Por lo tanto, el conocimiento científico que se genere a partir del desarrollo del presente estudio podrá contribuir a la recomendación de mejores medidas de manejo que sean acordes con el uso sustentable del recurso sierra en México.

En el presente proyecto se evalúan las diferencias espaciales de la sierra del Pacífico con la finalidad de definir la existencia de unidades poblacionales y de posibles stocks, cubriendo el Pacífico mexicano, el cual representa aproximadamente el 40% del área de distribución de la especie y contribuye con el 76.5% de la captura total obtenida en el Pacífico Oriental. Para lograr el presente objetivo se utilizaron parámetros poblacionales, datos morfométricos y herramientas moleculares. Los primeros permiten inferir sobre la dinámica de las poblaciones de peces, mientras que los análisis de forma, de reciente aplicación en la identificación de stocks, tienen la bondad de detectar variaciones morfológicas entre los individuos ó entre algunas de sus estructuras anatómicas, aportando información sobre las posibles diferencias fenotípicas que han sido inducidas por el ambiente donde los individuos residen o han sido heredadas. Finalmente, las herramientas moleculares permiten analizar cuantitativamente las frecuencias en las variantes genéticas y soportar la existencia o no de poblaciones genéticamente discretas y el grado de flujo genético entre ellas.

2. ANTECEDENTES

Las especies del género *Scomberomorus* de importancia comercial han sido sujetas a numerosas investigaciones biológico-pesqueras en el Golfo de México; esto con la finalidad de evidenciar su estructura poblacional y aportar información relevante para el manejo adecuado y sostenible de las pesquerías enfocadas sobre las especies del género.

Una especie sobre la cual se ha dirigido un gran esfuerzo de investigación es *Scomberomorus cavalla* en el Atlántico y Golfo de México. Previamente, había sido

considerado esta especie como un solo stock a lo largo de su distribución, pero en 1985 se comprobó la existencia de al menos dos grupos migratorios con base en estudios de marcado y recaptura realizados durante el período 1975-1979 y a partir de patrones estacionales en la distribución de frecuencia de tallas, CPUE y estadísticas de los desembarques (Sutter III *et al.*, 1991). En 1990 se soportó la existencia de cierta diferenciación genética mediante el análisis de alozimas (Johnson *et al.*, 1994); sin embargo, la diferenciación entre organismos del Atlántico y del Golfo, no fue detectada. Posteriormente, el análisis del ADNmt sugirió una sutil diferencia genética entre los ejemplares del Golfo y del Atlántico (Gold *et al.*, 1997).

En paralelo, se analizaron las diferencias en la edad y crecimiento, evidenciando que los peces (hembras principalmente) del Golfo de México crecen más rápido y a mayores tallas con respecto a los ejemplares de la costa Atlántica (Johnson *et al.*, 1983; DeVries *et al.*, 1990; DeVries y Grimes, 1997); Las medidas de manejo dirigidas a *S. cavalla*, se hicieron considerando solo el estudio de marcado y se basaron principalmente en permitir la pesca en aguas al noreste de Florida durante los meses de noviembre a marzo (invierno) y para el grupo del Golfo son asignadas cuotas de captura. Tal medida de manejo ha sido criticada ya que no se sabe el porcentaje de mezcla real y en el estudio de marcado antes mencionado se sugiere que más de la mitad de los peces a lo largo de la costa este de Florida pertenecen al stock del Golfo (Sutter III *et al.*, 1991).

DeVries *et al.* (2002) utilizaron la forma del otolito de *S. cavalla* como un análisis más robusto para distinguir las diferencias fenotípicas entre ambos grupos y aportar información sobre el porcentaje real de mezcla de los dos grupos. Ellos encontraron que el 99.8% de los individuos capturados al noreste de Florida pertenecen al stock del Atlántico y solo el 0.2% pertenece al grupo del Golfo. Por tal motivo, mencionan que el manejo para la especie es inadecuado y puede estar provocando la sobre explotación del stock del Atlántico.

Recientemente, Santa-Brígida *et al.* (2007) realizaron un análisis poblacional sobre *S. cavalla* en la región norte y noreste de Brasil, zona en la cual la especie tiene una

gran importancia en los desembarques de la pesca ribereña. Mencionan que durante el periodo de 1998 a 2004 la producción disminuyó de 12,600 a 6,600 toneladas; indicando una clara señal de la disminución del stock. El análisis de una fracción (380 pb) de la región control del ADNmt proveniente de tres sitios distintos de pesca no les permitió reconocer diferencias genéticas y han sugerido que la población pertenece a un solo stock panmítico. Considerando el bajo grado de variabilidad genética; y los niveles de sobre explotación reportados en zonas cercanas (Arreguín-Sánchez *et al.*, 1995; Chávez *et al.*, 1995) los resultados encontrados por Santa-Brígida *et al.* (2007) son importantes para el manejo de este stock en la zona de Brasil.

La segunda especie del género con más esfuerzo de investigación es *Scomberomorus commerson* la cual se distribuye a lo largo del Indo-Pacífico y dentro del área de la Organización Regional para la Protección del Ambiente Marino (ROPME por sus siglas en ingles) que incluye las áreas del Golfo Pérsico, Golfo de Oman y el Mar de Arabia, donde la presión de pesca ha provocado una rápida disminución en las capturas de 27,834 t en 1988 a 2,559 t en 2001 (McIlwain *et al.*, 2005). *Scomberomorus commerson* es la especie objetivo de la pesca ribereña que opera con embarcaciones de fibra de vidrio y que utiliza cinco diferentes tipos de artes de pesca para su captura (Dudley *et al.*, 1992; Claereboudt *et al.*, 2004).

Debido a su importancia económica ha sido objeto de diferentes estudios pesqueros (Dudley *et al.*, 1992; Siddeek y Al-Hosni, 1998; Al-Hosni y Siddeek, 1999; Govender *et al.*, 2006) en los cuales se ha detectado que presenta un rápido crecimiento alcanzando hasta 80 cm de longitud furcal y la madurez a los dos años. Los autores anteriores coinciden que hace falta comprender sus patrones de movimientos, migraciones y actividad reproductiva para tener un mejor entendimiento de la estructura del stock, ya que son componentes importantes para un adecuado y sostenible manejo de la pesquería a largo plazo (Shaklee y Currenns, 2003).

Con el propósito de conocer la estructura de la población en el área ROPME, Hoolihan *et al.* (2006) analizaron el ADNmt de *S. commerson*. Un fragmento de 475

pb de la región control fue seleccionado en 218 muestras y posteriormente fue digerido con seis enzimas de restricción para producir y analizar los patrones generados por los fragmentos digeridos (RFLPs). Sus resultados no soportaron una diferenciación poblacional (0.05% de la variación, $p \leq 0.452$) sugiriendo que la hipótesis sobre la presencia de un solo stock no puede ser rechazada y que por tal motivo, un manejo compartido entre los países que aprovechan este recurso debería ser apropiado para el uso sostenible de este recurso.

En la parte Oriental de Australia (Queensland) *S. commerson* soporta una importante pesquería comercial y deportiva, con desembarques por el orden de las 1,400 t anuales (Tobin y Mapleston, 2004). La especie exhibe un comportamiento migratorio a lo largo de la costa Oriental (McPherson, 1993), donde forman grandes agregaciones y son objeto de pesca (Tobin y Mapleston, 2004). Se había argumentado que la especie pertenece a un solo stock genético (Shaklee *et al.*, 1990); sin embargo, estudios recientes han sugerido que la población presenta una estructura de stock tipo metapoblación (Lester *et al.*, 2001; Moore *et al.*, 2003; Williams y Lester, 2006), con sus correspondientes diferencias en parámetros de historia de vida (McPherson, 1992; Mackie *et al.*, 2005). Investigaciones recientes han dividido a la pesquería en al menos tres stocks; uno en la costa Oriental que provee el 85% de la captura total en Queensland, otro en el estrecho de Torres y otro el Golfo de Carpentaria (Sumptom y O'Neill, 2004). Las diferencias geográficas en parámetros como el crecimiento sugieren la necesidad de considerar escalas más apropiadas de estructura espacial para la evaluación y el manejo, ya que la especie en la costa Oriental de Queensland es evaluada y manejada como un stock homogéneo (Begg *et al.*, 1999; Begg 2004; Ballagh *et al.*, 2006).

Ballagh *et al.* (2006) demostraron que los parámetros de crecimiento con los que realizaron evaluaciones del efecto de la presión de pesca tenían un sesgo, producto de la selectividad de las artes de pesca, y utilizando retrocálculo de la talla a la edad generaron parámetros más apropiados para una adecuada evaluación de la pesquería. Recientemente, Sulaiman y Ovenden (2010) utilizaron el ADNmt (región

control, 426 pb) para inferir la estructura genética de *S. commerson* en poblaciones del sureste de Asia y el norte de Australia detectando una división este-oeste de la línea de Wallace soportada con el 43% de la variación entre los grupos de poblaciones (AMOVA, $p < 0.05$). Los análisis filogenéticos y de redes soportaron dos clados. El clado A estuvo relacionado con linajes procedentes de sureste de Asia y norte de Australia, pero no con linajes encontrados en las localidades del oeste (Golfo de Tailandia) y norte (China). En el clado B se encontraron exclusivamente los linajes procedentes del sureste de Asia. Los autores mencionan que la división genética a lo largo de la línea de Wallace que representa el límite biogeográfico entre los continentes de Asia y Oceanía sugiere que el co-manejo de las poblaciones de *S. commerson* sería una adecuada estrategia para la pesquería.

En relación con las especies del género *Scomberomorus* con importancia pesquera en el océano Pacífico Oriental, el esfuerzo de investigación ha sido menor. La aparición en las capturas de la pesca ribereña de las especies del género tiene una estacionalidad muy marcada estando presentes durante los meses de noviembre a julio, con volúmenes de captura mayores durante enero, febrero y principios de marzo.

El estudio más antiguo registrado para la sierra del Pacífico fue realizado por Klawe (1966) quien describe y compara los juveniles de sierra con otros escómbridos y con otras familias afines. Menciona que el principal carácter con el cual se puede distinguir entre *S. concolor* y *S. sierra* es el número de branquiespinas del primer arco branquial. *Scomberomorus concolor* presenta de 2-4 branquiespinas en el arco superior y de 10-12 en el arco inferior, mientras que *S. sierra* presenta de 5-9 y 15-20 respectivamente. El autor también, realizó una búsqueda de los registros de larvas y juveniles almacenados en museos y colecciones de EUA, la mayoría de ellos, obtenidos por la Comisión Inter Americana del Atún Tropical. En estos registros se tienen geo-referenciadas las zonas de recolecta y de acuerdo con esto el autor menciona que el evento reproductivo tiene lugar en aguas oceánicas frente a México durante los meses de julio, agosto y septiembre y en latitudes bajas quizás de diciembre hasta abril.

Las investigaciones sobre *Scomberomorus sierra* en aguas del Pacífico Mexicano, tratan sobre aspectos generales de su alimentación y épocas de captura en la parte sur del Golfo de California (Lizárraga-Rodríguez, 1984, Costas de Nayarit; Arámburo-Páez, *et al.* 1985 y Pérez-Ramos, 1994, Costas de Mazatlán). También, se ha comparado la talla de ejemplares muestreados en las zonas de Mazatlán, Guaymas y La Paz y se han observado organismos más grandes en talla a la misma edad en la zona de La Paz (Cervantes-Escobar, 2004; Medina-Gómez, 2006) esto puede ser reflejo de la presión de pesca a la que está sometida la población ó por la selectividad del arte de pesca. Al respecto Aguirre-Villaseñor *et al.* (2006) investigando algunos indicadores biológicos de la pesquería de *S. sierra* al sur del Golfo de California, encontraron que la talla de primera madurez fue de 478 mm LF, lo cual difiere de lo reportado por García Valdéz (2010) quien determinó una talla de primera madurez a los 386 mm LF. Los anteriores trabajos son consistentes al mencionar que aproximadamente el 70% de la captura comercial de sierra del Pacífico en la región sur del Golfo de California, estaba representada por hembras de tallas menores que la talla de primera madurez.

Semejantes diferencias también han sido reportadas en el crecimiento de la sierra del Pacífico, encontrando que la especie presenta distintos parámetros de crecimiento en zonas del Golfo de California (La Paz, L_{∞} = 688 mm, k = 0.26 y t_0 = -0.40 años; Mazatlán, L_{∞} = 732 mm, k = 0.20 y t_0 = -0.32 años y Guaymas, L_{∞} = 652 mm, k = 0.24 y t_0 = -0.25 años), evidenciando la posibilidad de distintos stocks (Medina-Gómez, 2006). Recientemente, al igual que con otras familias de escómbridos, López-Murúa (2010) detectó diferencias en el crecimiento entre sexos, encontrando que las hembras de sierra del Pacífico tienen una tasa de crecimiento mayor (k = 0.27) que los machos (k = 0.24) y por lo tanto, alcanzan tallas más grandes a la misma edad.

Los trabajos previamente mencionados sobre la sierra del Pacífico, han detectado diferencias en la estructura de tallas, en los parámetros de crecimiento y en la talla de primera madurez en las diferentes zonas del Golfo de California. Tal situación

induce a pensar que podría tratarse de distintos stocks, con características propias de acuerdo al ambiente donde residen y posiblemente sitios de reproducción específicos. Por tal motivo resulta de gran relevancia utilizar metodologías alternas en la identificación de la estructura de la población sierra.

La anterior información no ha sido considerada en la carta nacional pesquera como referencia biológica para la especie; en tanto, resulta evidente desarrollar un mayor esfuerzo enfocado a conocer más a fondo su dinámica poblacional y en consecuencia revisar su status de manejo, el cual ha sido a la fecha considerado como de manejo conjunto con *S. concolor*.

En el presente trabajo se aborda un estudio enfocado al reconocimiento de stocks fenotípicos y genéticos, basados en datos de estructura de tallas, análisis de morfometría geométrica de los otolitos y comparación de secuencias de la región control del ADN mitocondrial.

3. JUSTIFICACION

- La sierra del Pacífico es una especie comercialmente importante cuyos volúmenes de captura en México representan el mayor porcentaje (76.5%) de la pesca total de la especie. Este hecho implica un compromiso por realizar esfuerzos que permitan tener un conocimiento más profundo sobre su biología en nuestro país.
- La sierra del Pacífico es explotada en una gran área de distribución. En México ha sido considerada como una Unidad Pesquera de Manejo (UPM), empleando las mismas políticas de regulación a todo lo largo de su área de distribución. Por tal motivo, el limitado conocimiento de la existencia de posibles stocks puede tener repercusiones importantes en los rendimientos de la pesquería y en el nivel de aprovechamiento de la especie a largo plazo. Su administración deberá estar soportada por el conocimiento acerca de la existencia de uno o varios stocks.

4. PLANTEAMIENTO DE HIPOTESIS

Premisas:

- El área de distribución de la sierra del Pacífico abarca una amplia zona que se encuentra ubicada entre el sur de los Estados Unidos de América y Perú.
- Existen datos que indican diferencias en la estructura de tallas, edades y en parámetros de crecimiento de la sierra del Pacífico en el noroeste de México.
- Otras especies del mismo género indican la existencia de diferencias espaciales a nivel fenotípico, genético o expresada en ambos aspectos.

Hipótesis

La sierra del Pacífico presenta diferencias fenotípicas y genéticas a lo largo de su área de distribución en México, asociadas a su estructura de tallas, morfometría del otolito y variabilidad genética.

5. OBJETIVO GENERAL

Conocer la estructura poblacional de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* en la costa occidental mexicana, a través de análisis fenotípicos y genéticos.

Objetivos específicos

- Conocer la estructura por tallas y edades de la sierra del Pacífico.
- Evaluar las diferencias morfológicas de los otolitos de la sierra del Pacífico.
- Determinar la diversidad y estructura genética de la sierra del Pacífico.

6. MATERIAL Y METODOS

Recolecta de información

Los ejemplares de sierra del Pacífico fueron recolectados desde la parte central del Golfo (ambas costas) y Bahía Magdalena hasta Puerto Arista (Chiapas). Los sitios de

muestreo fueron: Loreto-Mulegé (LrT), La Paz (BLP) y Bahía Magdalena (BM) en Baja California Sur; Guaymas (GYM) en Sonora; Topolobampo (TOP) y Mazatlán (MZT) en Sinaloa; Chacala (CH) en Nayarit; Manzanillo (COL) en Colima; Lázaro Cárdenas (LZR) en Michoacán; Zihuatanejo-Acapulco (ACA) en Guerrero; Salina Cruz (OAX) en Oaxaca y Puerto Madero-Puerto Arista (CHI) en Chiapas (Fig. 1).

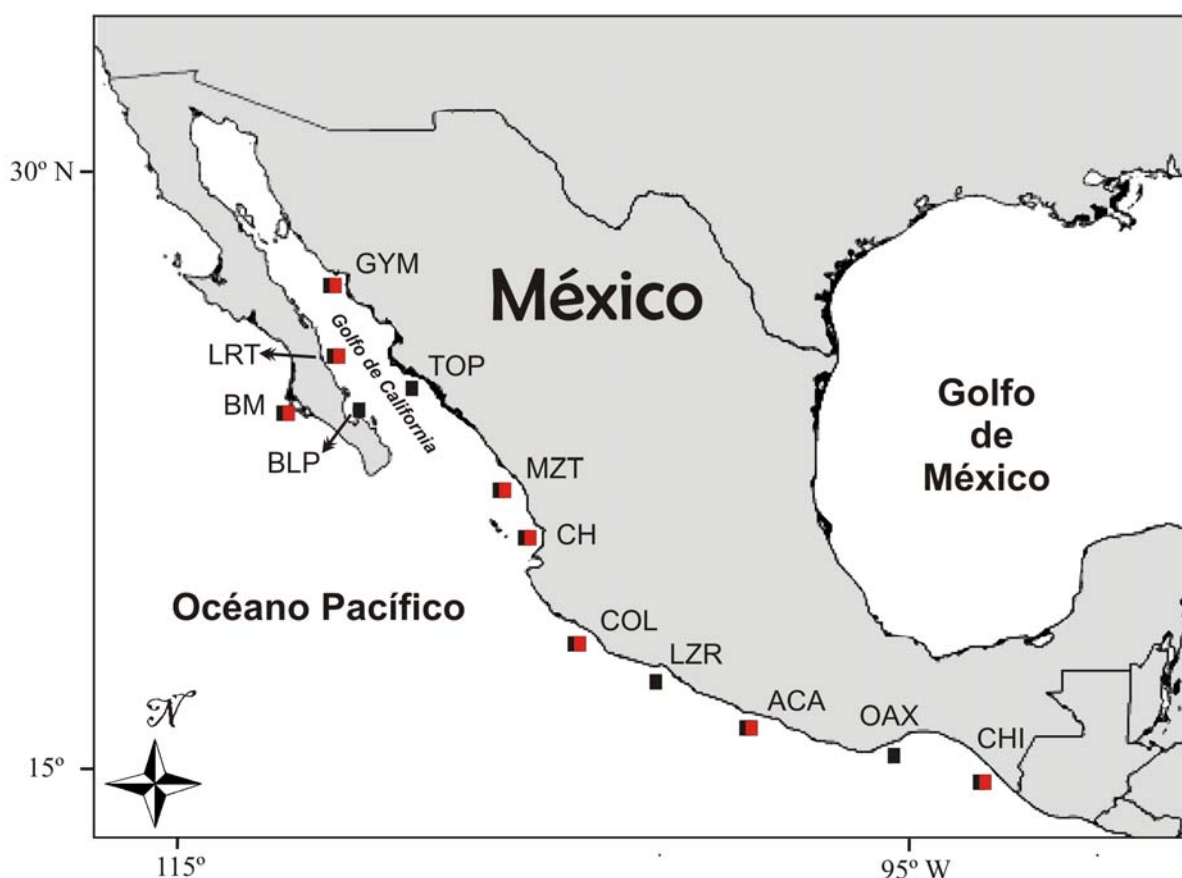


Figura 1. Sitios de recolecta de la sierra del Pacífico *S. sierra*, los cuadros en rojo indican las zonas consideradas para el análisis genético.

El periodo de muestreo comprendió las temporadas de pesca de sierra del Pacífico de 2001 hasta 2008, En cada sitio se obtuvo mensualmente un máximo de 100 ejemplares seleccionados al azar de la captura comercial. Se midió la longitud furcal ($LF \pm 0.5$ cm) (medida desde la punta del hocico del pez al inicio de la aleta caudal) y se agruparon los datos en intervalos de 2.5 cm. De cada intervalo de longitud se seleccionaron hasta tres peces para integrar una sub-muestra biológica. A los peces

de la sub-muestra se les midió la LF, se pesaron (total y eviscerado ± 1 g), se les determinó el sexo y el estadio de madurez de acuerdo a la escala morfo cromática establecida por Nikolsky (1963). También se le extrajeron los otolitos y se recolectó 1 cm³ de tejido de la zona próxima a la cabeza. Los otolitos se almacenaron en seco en tubos de plástico y el tejido en alcohol etílico al 96% a temperatura ambiente hasta su procesamiento.

El gran total de muestra comprendió a 8,353 registros de tallas, 2,632 otolitos y 1,337 muestras de tejido muscular preservado en alcohol.

Es importante señalar que la zona costera de Guaymas es el rango de distribución más sureño de *S. concolor* y el rango más norteño de *S. sierra*. De esta manera ambas especies pueden estar presentes en la zona (Quiñonez-Velázquez y Montemayor-López, 2002). La identificación y diferenciación de ambas especies se basó en el conteo del número de branquiespinas presentes en el primer arco branquial como lo describe Klawe (1966).

Definición de grupos fenotípicos

Estructura de tallas y edades

Para describir la estructura de tallas de la sierra del Pacífico por sitio de recolecta, la LF se agrupó en intervalos de 10 mm y para la estructura de edades se agruparon los ejemplares por un año de edad. Se analizó la normalidad de las distribuciones utilizando una prueba Kolmogorov Smirnov (K-S). Las distribuciones de talla y edad por zona se contrastaron utilizando estadística no paramétrica. Con la finalidad de identificar grupos (stocks), se analizó la estructura de tallas de cada uno de los sitios de recolecta y se empleo el criterio de considerar un mismo stock, cuando no presentaran diferencias significativas en la estructura de tallas entre sitios de pesca contiguos.

Determinación de edad

Para la determinación de la edad, cada par de otolitos fue limpiado del exceso de tejido con solución jabonosa. Para la lectura de los otolitos, estos se sumergieron en agua en un recipiente con fondo negro y se observaron bajo un microscopio estereoscópico usando luz reflejada. Bajo estas condiciones las marcas de crecimiento se apreciaron zonas claras (opacas) y los inter-espacios como zonas hialinas. Para este trabajo el conjunto de una banda opaca seguida por una hialina representó una marca de crecimiento y le corresponde un año de edad, de acuerdo a la periodicidad de las marcas de crecimiento evaluada por Medina-Gómez (2006) y López-Murúa (2010) para ejemplares de sierra en el Golfo de California.

El conteo del número de marcas de crecimiento en los otolitos se hizo por dos lectores de manera independiente, y para determinar la precisión de las lecturas se calculó el índice del porcentaje promedio de error (IAPE) (Beamish y Fournier, 1981):

$$IAPE = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \left[\frac{1}{R} \sum_{i=1}^R \frac{|X_{ij} - X_j|}{X_j} \right] * 100$$

Donde:

N= Número de muestras

R= Número de veces que se leyó la muestra

X_{ij} = edad i estimada para el pez j

X_j = promedio de las edades estimadas para el pez j

Con la finalidad de conocer la estructura de edades de la población de sierra del Pacífico y una vez leída la edad en los otolitos, se elaboró una clave edad-longitud para cada uno de los sitios de recolecta, con esta clave se asignó edad a todos aquellos ejemplares de los que solo se tenía la talla.

Para evaluar la talla a la edad se consideró el grupo de edad más abundante y representativo de cada uno de los sitios de recolecta. La comparación se realizó bajo el supuesto que si pertenecen al mismo stock, no deberían presentar diferencias significativas en la talla a la edad entre zonas contiguas, debido a que pertenecen a la misma cohorte generacional.

Morfometría de los otolitos

De cada otolito se obtuvo una imagen digital a 10x de aumento utilizando un sistema digitalizador que consiste en un microscopio estereoscópico, conectado a una videocámara a color, con salida a un videomonitor. Este equipo a su vez estuvo conectado a una computadora. Estas imágenes fueron catalogadas de acuerdo a la zona y la fecha de recolecta.

La descripción y comparación de la forma del otolito, fue basada en las configuraciones generadas de la digitalización (coordenadas X, Y) de marcas ubicadas principalmente sobre el contorno de los otolitos. El criterio para la selección de las marcas consistió en elegir aquellas que pudieran reconocerse fácilmente en todos los otolitos y que estuvieran en el mismo plano. Empleando este criterio, solo pudieron ubicarse tres marcas naturales (Fig. 2A). Para tener una buena representación de la forma, estas tres marcas naturales fueron utilizadas para generar una gradilla de referencia con distancias radiales angularmente equidistantes. Con base en esto, se pudo asignar y ubicar cada marca a partir de la intersección de cada distancia radial con el contorno (Fig. 2B). Las referencias fueron creadas en el programa MakeFan (IMP, <http://www2.canisius.edu/~sheets/morphsoft.html>). Una vez construidas las referencias se digitalizaron las marcas para tener la configuración de cada otolito (Fig. 3). Todas las digitalizaciones fueron realizadas empleando el programa TpsDig (Rohlf, 2004).

Los efectos ajenos a la variación propia de la forma como la posición, escala y rotación de las configuraciones de los puntos que definen el contorno del otolito fueron eliminados de la siguiente manera. El efecto de los dos primeros se eliminó poniendo todas las configuraciones sobre un mismo origen y escalándolas a un

mismo tamaño del centroide. El efecto de la rotación, fue eliminado mediante el proceso de superimposición de Procrustes Generalizado el cual consiste en minimizar las diferencias entre los puntos homólogos, ajustándolos a través del procedimiento de mínimos cuadrados.

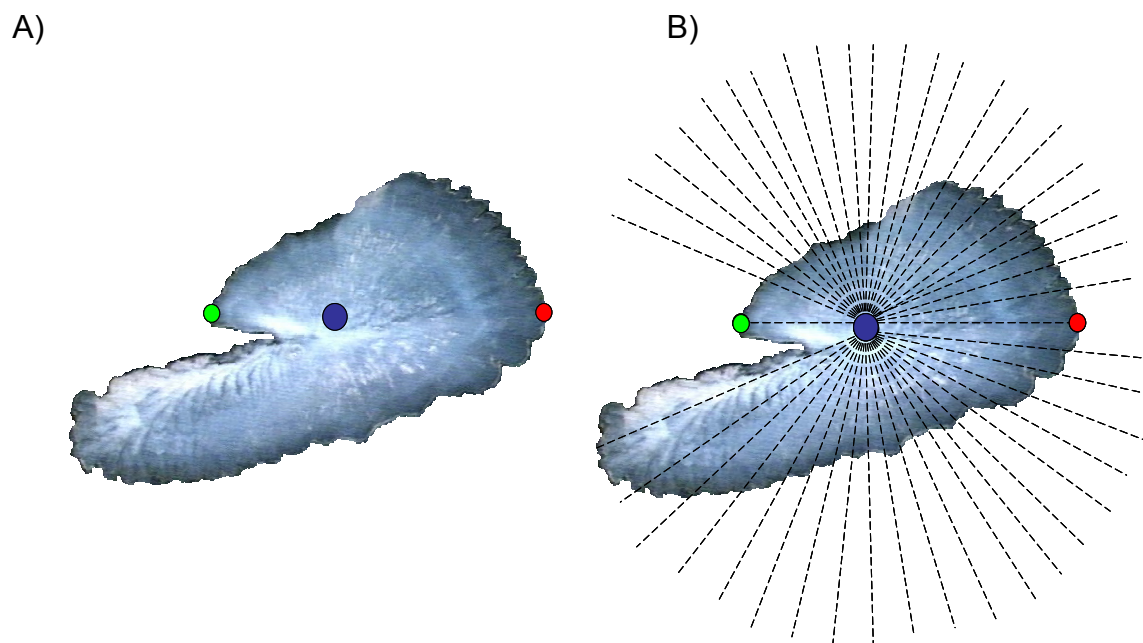


Figura 2. A) Puntos homólogos que señalan las marcas naturales en el otolito de la sierra del Pacífico de izquierda a derecha. ● Punta del anti-rostrum, ● foco del otolito y ● parte superior derecha del otolito. B) Referencia construida sobre el otolito a partir de las marcas naturales.

Análisis de los datos de forma con estadística multivariada

Las coordenadas obtenidas mediante el método de Procrustes Generalizado fueron transformadas mediante un eigenanálisis que consiste en ajustar una función de interpolación (gradillas de deformación “thin plate spline” de Bookstein) a las coordenadas X, Y de los puntos homólogos para cada otolito en una muestra. La variación entre los otolitos dentro de una muestra es descrita en términos de la varianza de los parámetros de las funciones de ajuste, expresado en una matriz de forzamiento basada sobre las coordenadas de los puntos homólogos de una configuración de referencia. La referencia será la configuración promedio de los puntos homólogos después del alineamiento apropiado de algunos otolitos. Las

deformaciones parciales son simplemente los vectores de los componentes principales en este espacio y son utilizados para describir la tendencia en la variación de la forma entre otolitos dentro de una muestra y las deformaciones en forma (Rohlf, 1993).

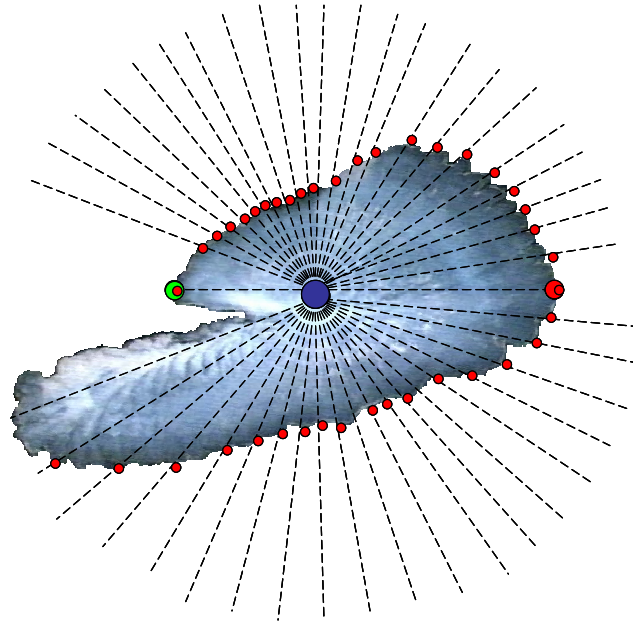


Figura 3. Puntos digitalizados sobre la referencia construida en el otolito de la sierra del Pacífico con la finalidad de representar la forma del otolito.

Los scores de las deformaciones parciales (obtenidos mediante el análisis de componentes principales) fueron usados para realizar los análisis estadísticos. En primer lugar se realizó un Análisis de Variables Canónicas (AVC), el cual describe la variación entre grupos. El AVC produce un nuevo juego de variables que son las combinaciones lineales de las variables originales que buscan la mayor posibilidad de discriminar grupos. Las diferencias en los grupos se observó al graficar los valores (scores) producidos del AVC. Estadísticamente, la diferencia entre grupos fue revisada mediante un Análisis de Varianza Multivariado (MANOVA, por sus siglas en inglés), y probada a partir del valor de Lambda de Wilks (Λ) cuyo límite inferior (cero) indica una discriminación perfecta.

Se obtuvo también una matriz de asignación empleando las distancias de Mahalanobis sobre los scores producidos por el AVC. La asignación se basa en considerar la distancia existente entre cada individuo y la media del grupo más cercano. En este análisis, la configuración de los puntos digitalizados sobre cada otolito, es transformada a valores de distancias, con la finalidad de hacerlos comparables. Los resultados del AVC y de las distancias de Mahalanobis fueron obtenidos con el programa CVAGen6m (IMP, <http://www2.canisius.edu/~sheets/morphsoft.html>).

Con la finalidad de probar las diferencias entre las localidades se comparó la distancia Procrustes (prueba F-Procrustes) entre cada par de las configuraciones promedio de los grupos. La significación de la prueba fue basada en la comparación del valor de F (razón de varianzas) obtenido de los valores observados con aquellos valores obtenidos mediante 900 remuestreos. La significación de la prueba se obtuvo del porcentaje de veces que el valor de F fue igual o mayor que el valor de F obtenido de los datos observados. Estos análisis fueron realizados en el programa TwoGroup (IMP, <http://www2.canisius.edu/~sheets/morphsoft.html>).

Finalmente, la tendencia en la variación de la forma entre los grupos, fue visualizada graficando los vectores producidos del análisis de las deformaciones parciales e interpolando la variación ocurrida entre las marcas homólogas (Thin Plate Spline).

Identificación de stocks fenotípicos

Previo a la comparación morfométrica entre localidades, se realizó una revisión del poder de discriminación de los otolitos dañados. La justificación de realizar esta prueba fue debido a que comúnmente durante su extracción los otolitos pueden romperse y disminuir considerablemente el tamaño de la muestra empleada para los análisis.

Se seleccionaron 210 otolitos izquierdos, correspondientes a la zonas de pesca de Bahía Magdalena, Baja California Sur (BM= 70); Guaymas, Sonora (GYM= 70) y

Mazatlán, Sinaloa (MZT= 70). Treinta y cinco otolitos de cada localidad estuvieron quebrados y 35 completos.

Se ubicaron y digitalizaron 41 marcas sobre los otolitos completos (OC), una de las cuales fue ubicada en el foco y el resto sobre el contorno (Fig. 4A). Con el fin de evaluar la consistencia de los resultados y posible pérdida de resolución, se eliminaron diez marcas de la región ventral hacía el *rostrum* de los otolitos en donde generalmente se rompen. A este conjunto de medidas se les denominó “otolitos virtualmente rotos” (OVR). Para complementar el análisis se digitalizaron 31 marcas (similares a las marcas de los OVR) en la periferia de 35 otolitos realmente rotos (ORR) (Fig. 4B). La digitalización y el análisis de los datos morfométricos se hizo de acuerdo a la metodología previamente mencionada.

Con base en los resultados del anterior análisis (respecto al potencial de los otolitos quebrados para la discriminación de stocks fenotípicos) se justificó y se seleccionó el número de marcas que se empleó para el análisis general, en donde se incluyeron ejemplares de todas las zonas de pesca. Para este análisis se utilizó un tamaño de muestra de hasta 50 otolitos para cada sitio de pesca.

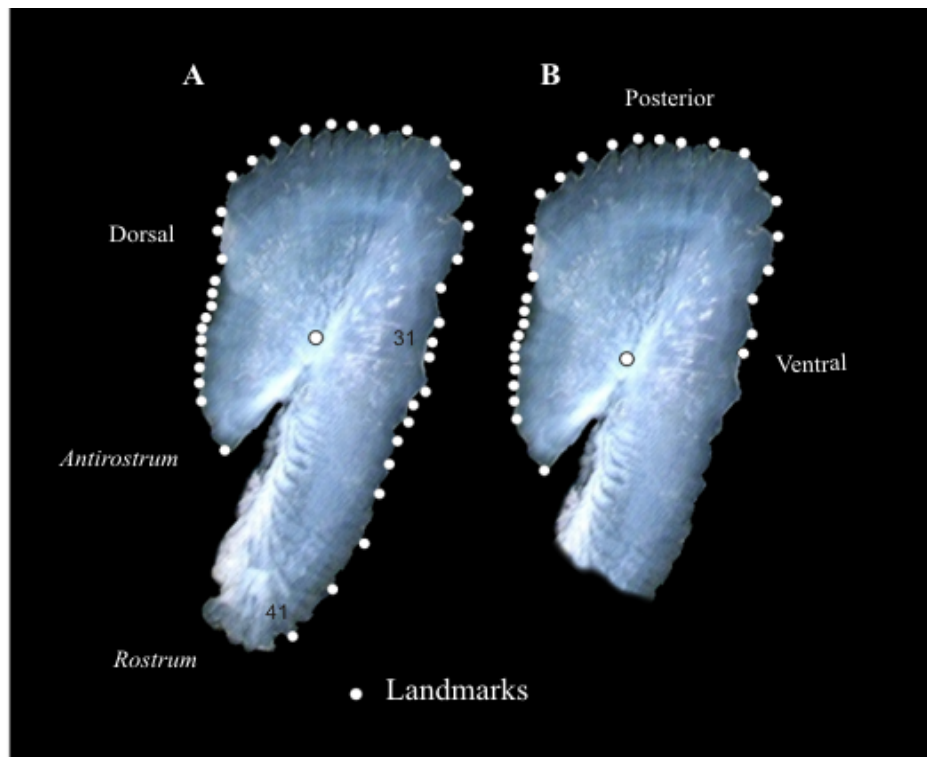


Figura 4. A) otolito completo de *Scomberomorus sierra* (41 marcas). B) otolito quebrado (31 marcas).

Definición de grupos genotípicos

Análisis genético con ADNmt

Se obtuvieron muestras de tejido muscular preservadas en alcohol al 96% de todas las localidades contempladas en el presente trabajo. Sin embargo, el análisis genético se hizo sobre un número menor de localidades, las cuales fueron seleccionadas como representativas del área de distribución de la especie en México. Los sitios incluidos en el análisis fueron: BM, LrT, GYM, MZT, CH y COL correspondientes al año de 2007, y ACA y CHI corresponde a muestras de 2008 (Fig. 1).

Extracción de ADN.

El ADN genómico fue extraído a partir de 5 mg de tejido de cada individuo, usando un Kit comercial (DNeasy®Tissue-QIAGEN), siguiendo las especificaciones del fabricante. La calidad del ADN fue verificada mediante geles de agarosa al 1%

teñidos con SybrGold y visualizados en un fotodocumentador de luz ultravioleta BioDoc-It™ (UVP).

Identificación molecular de especies

Como se mencionó en el apartado de material y métodos, Guaymas, Sonora, es la región donde *S. sierra* se mezcla con su congénere *S. concolor*. Ambas especies son diferenciadas con base en el número de branquiespinas presentes en el primer arco branquial. El reconocimiento de ambas especies, por tal motivo, está sustentado en una diferenciación morfológica limitada. Debido a ello, factores asociados a la poca experiencia de quien identifica, al empleo de individuos dañados y/o a un posible reducido valor taxonómico de los criterios hasta hoy empleados, la diferenciación entre ambas especies, podría no ser correcta en todas las ocasiones.

Considerando lo anterior, se realizó una identificación molecular de todos los individuos empleados en el análisis genético. Para esto, se eligió el gen codificante 16S ARN ribosomal el cual ha mostrado ser un buen marcador para diferenciar especies, debido a que es una región del ADNmt altamente conservada. Por tal motivo, previo al análisis poblacional, muestras correspondientes de *Scomberomorus sierra* representativas de siete localidades (BM-16, LrT-1, GYM-2, GYM-4, GYM-5, GYM-6, GYM-7, COL-1, ACA-2 y CHI-1) y tres muestras provenientes de ejemplares reconocidos como *S. concolor* (SC 1, SC 2 y SC 3) recolectados al norte del Golfo de California en San Felipe, B.C., fueron empleadas para caracterizar las secuencias del 16S de ambas especies. Una vez determinadas éstas, y relacionándolas con las características de las secuencias de la región control, se determinó si la variación y diferencias encontradas eran causadas por un polimorfismo o por la inclusión en el análisis poblacional, de individuos mal identificados provenientes de *S. concolor*.

Amplificación del gen 16S y región control

Los marcadores moleculares de la sierra fueron amplificados por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés). Usando un

termociclador (iCycler, Biorad). Un fragmento de aproximadamente 592 pb del 16S, fue amplificado empleando los iniciadores 16Sar-L (5' CGCCTGTTTATCAAAAACAT) y 16Sar-H (5' CCGGTCTGAACTCAGATCACGT) reportados por Palumbi *et al.* (1991). Las reacciones fueron realizadas en volúmenes de 35 µl conteniendo: Buffer de PCR 1X (Invitrogene), 0.2 mM de dNTP mix, 0.48 µM de cada iniciador, 4.0 mM de MgCl₂, y 2.5 U de Taq DNA polymerase (Invitrogene). Los parámetros del termociclador fueron: 2 min a 94°C, seguido de 35 ciclos, cada uno de los cuales con tres segmentos (94°C durante 1 min, 58°C durante 1 min y 72° C durante 1 min). Se realizó una extensión final de 4 min a 72°C.

Para el análisis poblacional se amplificó un fragmento de la región control del ADNmt, de aproximadamente 410 pb con los iniciadores ScomRc (5' ATTGAAGGTGAGGGACAA) y ScomPhe (5' CGGAGCTTTCTAGGGCTCAT) los cuales fueron diseñados en este trabajo a partir de la secuencia completa de la región control de *Scomberomorus cavalla* (No. Acceso en GenBank NC_008109). La amplificación (PCR) se realizó en un volumen total de 35 µl empleando las mismas concentraciones que las empleadas en la amplificación del 16S. Los parámetros del termociclador comprendieron una desnaturalización a 94°C durante 2 min y 35 ciclos, cada uno de los cuales con tres segmentos (94°C durante 1 min, 54°C durante 1 min y 72°C durante 1 min). Una extensión final fue realizada a 72° C durante 4 min.

Los productos de las amplificaciones fueron confirmados mediante electroforesis en geles de agarosa al 1%. Los productos fueron teñidos con SybrGold y visualizados en un fotodocumentador de luz ultravioleta BioDoc-It™ (UVP).

Una vez confirmado el éxito de la amplificación, los productos fueron secuenciados (Secuenciador automático ABI 3730XL), haciendo uso de los servicios de la compañía MacroGen Inc. (Corea) en ambas direcciones empleando los mismos iniciadores utilizados en la amplificación.

Análisis de datos

Todas las secuencias fueron alineadas y arregladas empleando el programa Sequencher Ver 4.5 (GeneCode, Inc.). Las secuencias del 16S fueron empleadas para construir un árbol de genes basado en el modelo de sustitución nucleotídica de Kimura-2 parámetros y en el método de construcción Neighbor-Joining. Estos análisis fueron realizados en el programa MEGA Ver. 4 (Kumar *et al.* 2004).

Las secuencias obtenidas de la región control fueron empleadas para estimar la diversidad genética ó haplotípica (h ; Nei, 1987) y la diversidad nucleotídica (π ; Nei, 1987). La primera es una medida de la probabilidad de que dos haplótipos seleccionados al azar en una muestra sean diferentes. La segunda, la diversidad nucleotídica, evalúa la probabilidad de que dos nucleótidos homólogos seleccionados al azar sean diferentes. La diferenciación genética entre poblaciones fue revisada mediante un Análisis de Varianza Molecular, AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992) y la significación estadística fue probada mediante el estadístico Φ_{ST} (análogo a F_{st}). Las divergencias genéticas pareadas entre poblaciones fueron estimadas utilizando F_{st} (Excoffier *et al.*, 1992). Cuando fueron encontradas diferencias, los valores de significación se ajustaron utilizando correcciones secuenciales de Bonferroni (Rice, 1989). Todas las estimaciones de diversidad y los análisis estadísticos fueron calculados con el programa Arlequin 3.1 (Kumar *et al.*, 2004).

La región control mostró una elevada diversidad haplotípica. Para disminuirla y poder generar haplótipos frecuentes para un análisis filogeográfico, se consideraron los sitios parsimoniosos que contenían cuando menos tres o cuatro estados. Con estos haplótipos se construyó también un árbol de relaciones genéticas empleando el número de diferencias promedio entre pares de secuencias y bajo el algoritmo de Neighbor-joining (Saitou & Nei, 1987). Este último análisis fue realizado con el programa MEGA ver. 4 (Kumar *et al.*, 2004).

Para determinar si los haplótipos se encontraban distribuidos de manera homogénea se realizó una prueba de Chi-cuadrada basada en 1000 simulaciones realizadas a partir del procedimiento de Monte Carlo (Roff y Bentzen, 1989), este análisis fue realizado utilizando la rutina Monte del programa REAP (McElroy *et al.*, 1991).

7. RESULTADOS

Definición de grupos fenotípicos

Estructura de tallas y edades

La distribución de frecuencia de tallas del total de organismos registrados desde Bahía Magdalena, B.C.S., hasta Puerto Arista, Chiapas, varió de 190 a 830 mm LF, estando el 65% de los organismos distribuidos en los intervalos de 310 a 430 mm LF (Fig. 5). La prueba de normalidad de Kolmogorov Smirnov (K-S) detectó que la estructura de tallas no es normal ($D= 0.094$, $p<0.05$).

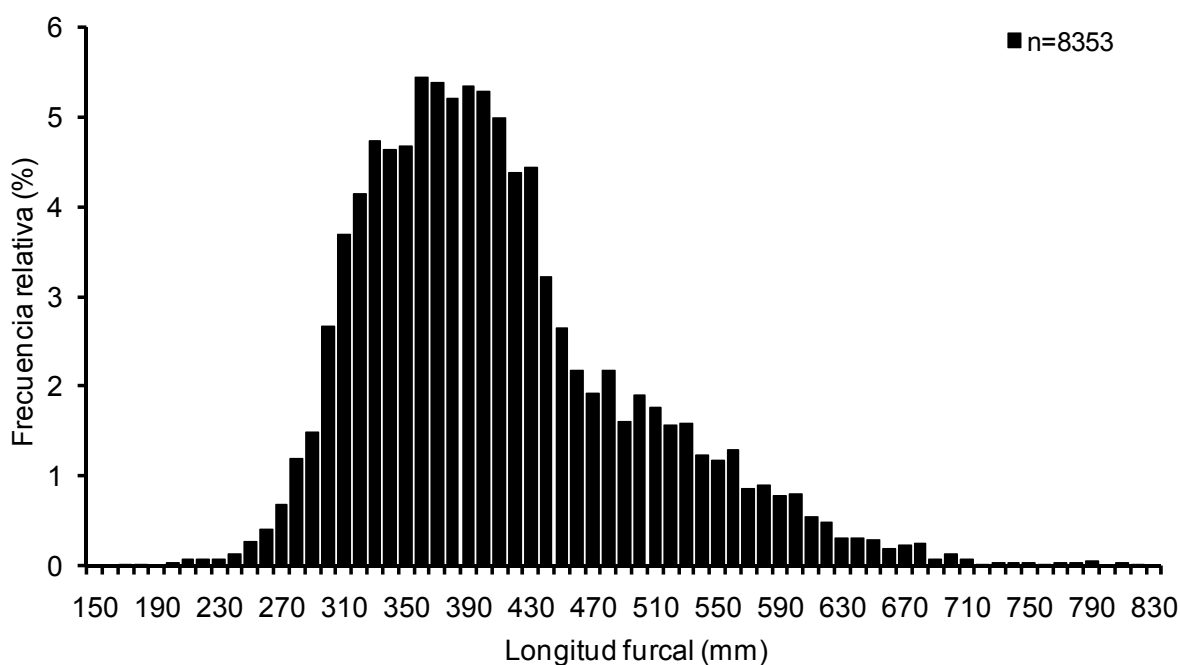


Figura 5. Distribución de frecuencia de tallas del total de sierra registrada en el Pacífico mexicano.

Al evaluar el efecto del sexo en la longitud, se contrastaron las estructuras de tallas por sexo mediante una prueba no paramétrica de K-S. Las diferencias en longitud fueron significativas ($p < 0.05$), encontrándose que las hembras son más grandes ($LF_{prom} = 449$ mm) con respecto a los machos ($LF_{prom} = 411$ mm), y más representadas en los intervalos de tallas > 450 mm LF, mientras que los machos dominan en los intervalos de menor talla (Fig. 6).

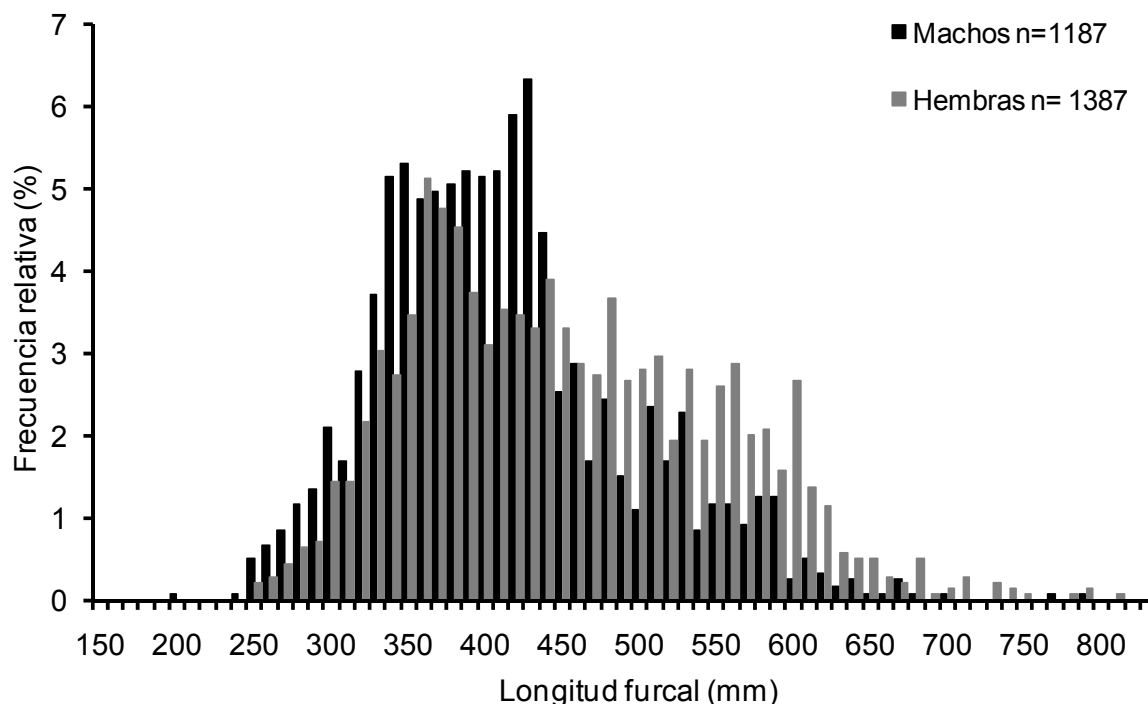


Figura 6. Distribución de frecuencia de tallas por sexo del total de sierra registrada en el Pacífico mexicano.

Al detectar estas diferencias en la talla por sexo, se evaluaron las diferencias de la estructura de talla entre los sitios de pesca por sexo. Los machos mostraron diferencias significativas ($X^2 = 267.5$, $p < 0.05$), y las diferencias en talla más notorias se debieron a los organismos recolectados en BLP, GYM, COL y CHI (prueba *Post Hoc* análisis de comparación múltiple de medias) (Tabla 1). Este resultado es evidente al observar los promedios de la talla por sitio de pesca (Fig. 7). Los machos muestreados en CHI presentan la talla promedio más alta (526 mm LF), mientras que los machos con la talla promedio más baja se encontraron en GYM (342 mm LF).

Tabla 1. Valores de significación del análisis de comparación múltiple de medias de talla para machos recolectados en el Pacífico mexicano.

	BM	BLP	LRT	GYM	TOP	MZT	CH	COL	LZR	ACA	OAX	CHI
BM		√	√	*	*	*	*	√	*	-	*	√
BLP	√		*	√	*	√	√	*	√	-	√	√
LRT	√	√		√	√	√	√	*	√	-	√	*
GYM	*	√	√		√	√	√	√	√	-	√	√
TOP	*	*	√	√		*	*	√	*	-	*	√
MZT	*	√	√	√	*		*	√	√	-	*	√
CH	*	√	√	√	*	*		√	*	-	*	√
COL	√	√	*	√	√	√	√		√	-	√	√
LZR	*	√	√	√	*	√	√	√		-	*	√
ACA	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-
OAX	*	√	√	√	*	*	*	√	*	-	-	√
CHI	√	√	*	√	√	√	√	√	√	-	√	√

√ = significativos, $p < 0.05$; * no significativos, $p > 0.05$; - no sexados

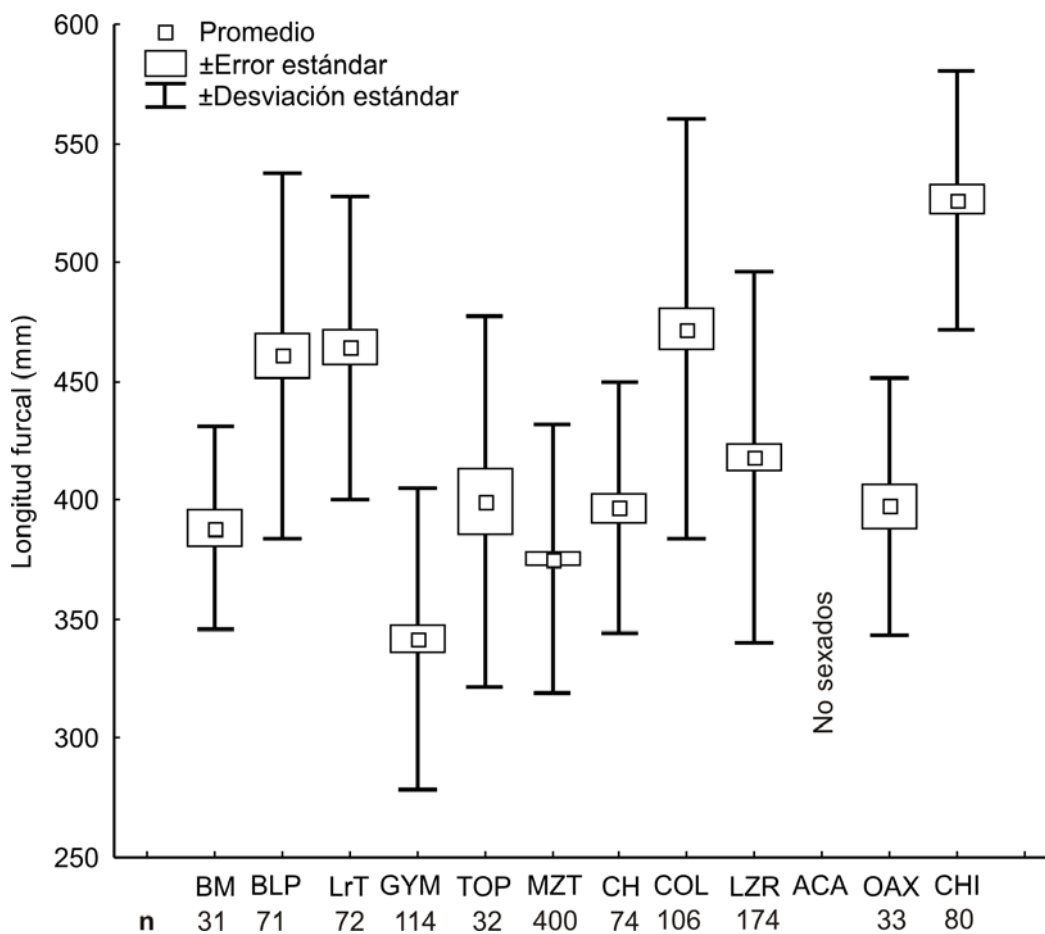


Figura 7. Distribución del promedio de talla de machos de *S. sierra* por sitio de pesca en el Pacífico mexicano. Valores debajo de cada sitio de pesca = tamaño de muestra.

Al comparar la distribución de tallas para hembras entre los sitios de pesca, se detectaron diferencias significativas (ANOVA de Kruskal-Wallis, $X^2= 351.2$, $p<0.05$), y la fuente de variación proviene de BLP, GYM, COL y CHI. Las hembras recolectadas en CHI presentan la talla promedio más alta (536 mm LF), mientras que las hembras recolectadas en GYM presentan la talla promedio más baja (365 mm LF) (Fig. 8) (Tabla 2). Los resultados sugieren, con base a las diferencias en talla, la presencia de hasta cinco grupos poblacionales (stocks) de *S. sierra* en el Pacífico mexicano, asociado con las zonas de pesca de 1-BLP; 2-GYM; 3-COL; 4-CHI y 5-BM, LrT, TOP, MZT, CH, LZR, ACA, OAX.

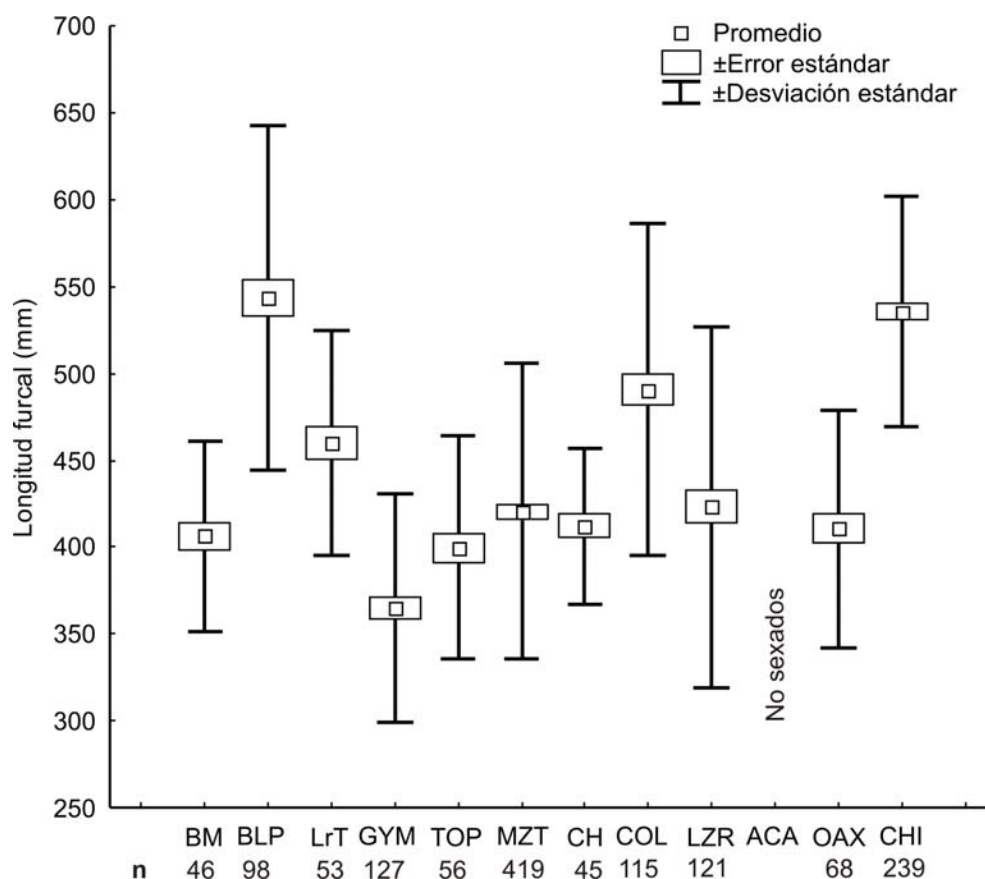


Figura 8. Distribución del promedio de la talla para hembras de *S. sierra* por sitio de pesca en el Pacífico mexicano. Valores debajo de cada sitio de pesca = tamaño de muestra.

Tabla 2. Valores de significación del análisis de comparación múltiple de medias de la talla para hembras recolectadas en el Pacífico mexicano.

	BM	BLP	LRT	GYM	TOP	MZT	CH	COL	LZR	ACA	OAX	CHI
BM		√	*	*	*	*	*	√	*	-	*	√
BLP	√		√	√	√	√	√	√	√	-	√	*
LRT	*	√		√	√	*	*	*	*	-	*	√
GYM	*	√	√		*	√	*	√	√	-	*	√
TOP	*	√	√	*		*	*	√	*	-	*	√
MZT	*	√	*	√	*		*	√	*	-	*	√
CH	*	√	*	*	*	*		√	*	-	*	√
COL	√	√	*	√	√	√	√		√	-	√	√
LZR	*	√	*	√	*	*	*	√		-	*	√
ACA	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-
OAX	*	√	*	*	*	*	*	√	*	-		√
CHI	√	*	√	√	√	√	√	√	√	-	√	√

√ = significativos, $p < 0.05$; * no significativos, $p > 0.05$; - no sexados

Determinación de edad

Se recolectaron 2,632 pares de otolitos; sin embargo, se descartó el 30% debido a su mal estado (fragmentados y/o cristalizados). Basados en el número de marcas se identificaron hasta 9 grupos de edad (1 a 9), de los cuales, los más abundantes fueron los ejemplares de los grupos 3, 4 y 5 años en todas las zonas, con excepción de BLP y CHI, donde predominaron las edades 4, 5 y 6 años (Fig. 9).

El índice del porcentaje promedio de error (IAPE) entre lectores, fue de 4.3%, el cual está dentro del rango que propone Beamish y Fournier, (1981) como una buena precisión entre ambos lectores.

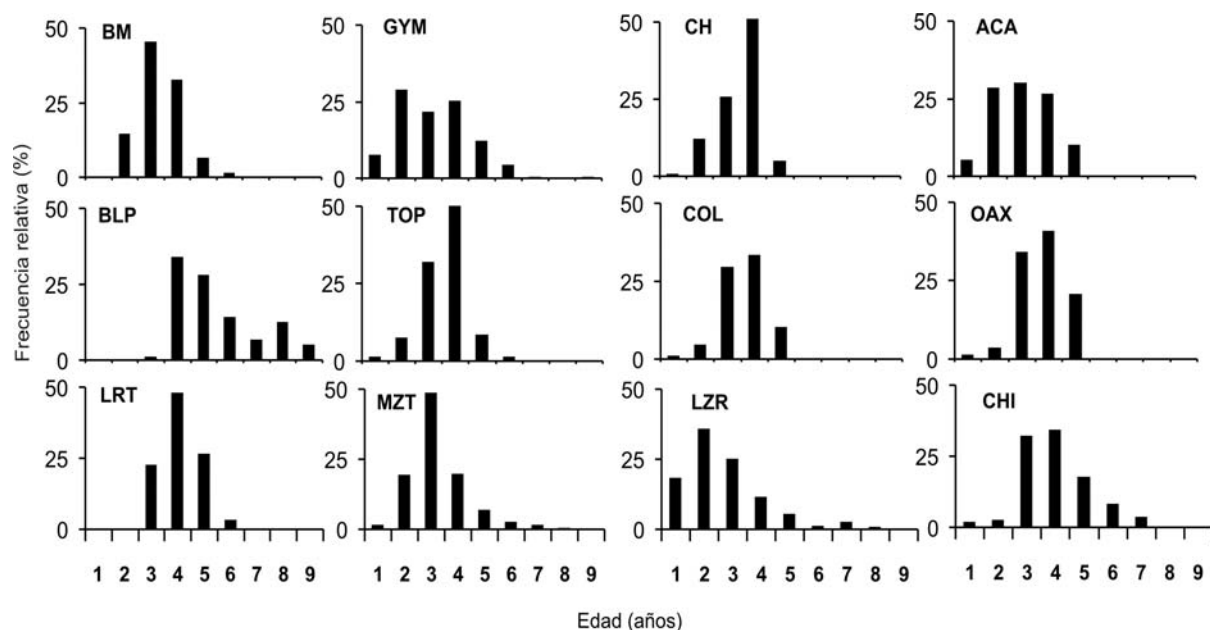


Figura 9. Estructura de edades de la sierra del Pacífico *S. sierra* por sitio de pesca en la costa mexicana del Pacífico.

No se detectaron diferencias significativas por sexo por grupo de edad (ANOVA, $F=0.12$, $p>0.05$). Para el análisis de comparación de talla a la edad, se seleccionó el grupo de edad 4, debido a que estuvo presente en todos los sitios de muestreo y fue de los más representativos. La prueba Kruskal-Wallis detectó diferencias significativas ($X^2=260.8$, $p<0.05$) en la talla a la edad 4 entre los sitios de pesca (Fig. 10). La comparación múltiple de medias identificó que las diferencias las generan la talla de los organismos muestreados en GYM, COL y CHI (Tabla 3), que presentan promedios de talla menor, intermedio y mayor respectivamente.

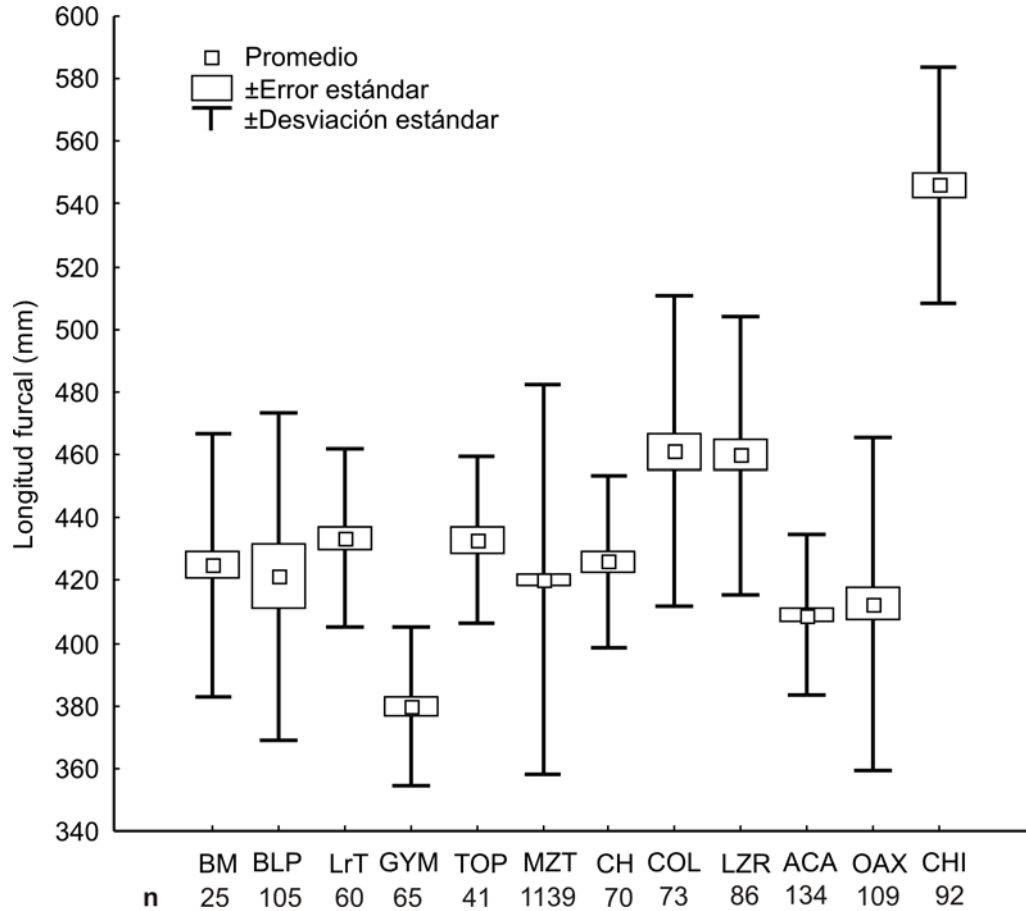


Figura 10. Distribución del promedio de cada sitio de recolecta para ejemplares de talla a la edad 4 de sierra en el Pacífico mexicano. Valores debajo de cada sitio de recolecta = tamaño de muestra por sitio).

Tabla 3. Valores de significación del análisis de comparación múltiple de medias para los ejemplares de talla a la edad 4 recolectados en el Pacífico mexicano.

	BM	BLP	LRT	GYM	TOP	MZT	CH	COL	LZR	ACA	OAX	CHI
BM		*	*	√	*	*	*	*	*	*	*	√
BLP	*		*	√	*	*	*	√	√	*	*	√
LRT	*	*		√	*	√	*	*	*	√	√	√
GYM	√	√	√		√	√	√	√	√	√	√	√
TOP	*	*	*	√		*	*	*	*	*	*	√
MZT	*	*	√	√	*		*	√	√	*	*	√
CH	*	*	*	√	*	*		*	*	*	*	√
COL	*	√	*	√	*	√	*		*	√	√	√
LZR	*	√	*	√	*	√	*	*		√	√	√
ACA		*	√	√	*	*	*	√	√		*	√
OAX	*	*	√	√	*	*	*	√	√	*		√
CHI	√	√	√	√	√	√	√	√	√	√	√	

√ = significativos, $p < 0.05$; * no significativos, $p > 0.05$; - no sexados

A este nivel de resolución (considerando el grupo de edad de 4 años por sitio de pesca) se detectaron hasta cuatro grupos poblacionales (stocks): 1-GYM; 2-COL; 3-CHI y 4-BM, BLP, LrT, TOP, MZT, CH, LZR, OAX.

Morfometría de los otolitos

Durante el proceso de evaluación del poder de discriminación de otolitos para la identificación de grupos fenotípicos y el potencial de los otolitos rotos, el análisis de variables canónicas para los datos correspondientes a los otolitos completos (OC) detectó diferencias significativas (CV1, $\Lambda = 0.11$, $p < 0.05$; CV2, $\Lambda = 0.43$, $p < 0.05$). La distribución de los scores de la CV1 y CV2 indicó una clara separación de los tres grupos (BM, GYM y MZT), sugiriendo una diferenciación morfológica de los otolitos procedentes de las tres localidades (Fig. 11). Las diferencias pareadas basadas en las distancias Procrustes fueron estadísticamente significativas en todos los casos ($F = 9.52$, $p < 0.05$ para BM vs GYM; $F = 5.09$, $p < 0.05$ para BM vs MZT; $F = 13.03$, $p < 0.05$ para GYM vs MZT). De acuerdo a las distancias de Mahalanobis, el porcentaje promedio de asignación correcta fue del 88.6% (Tabla 4). Al observar las gradillas de deformación se aprecia que la variación de los otolitos de GYM ocurrió principalmente hacía la parte dorsal, mientras que los recolectados en BM y MZT se presentó en la zona posterior del otolito (Fig. 11).

Tabla 4. Resultados de la asignación correcta basada en la distancia de Mahalanobis (dados en porcentaje). Los renglones representan los grupos originales y las columnas los grupos sugeridos por el modelo. La diagonal, representa los individuos correctamente identificados.

Tipos de otolitos	BM	GYM	MZT	Promedio
Otolitos completos (OC)				
BM	94	0	6	88.6
GYM	3	86	11	
MZT	11	3	86	
Otolitos virtualmente rotos (OVR)				
BM	91	3	6	89.3
GYM	3	86	11	
MZT	3	6	91	
Otolitos realmente rotos (ORR)				
BM	89	0	11	80.3
GYM	0	80	20	
MZT	14	14	72	

El análisis de variables canónicas de los datos obtenidos de los OVR, mostró resultados muy similares al obtenido con OC. Se detectaron dos variables canónicas estadísticamente diferentes (CV1, $\Lambda = 0.13$, $p < 0.05$; CV2, $\Lambda = 0.48$, $p < 0.05$) y la dispersión de los scores de CV1 y CV2 también indicó una clara separación de los otolitos de las tres localidades (Fig. 12).

Se encontraron diferencias significativas en todas las comparaciones pareadas ($F = 11.36$, $p < 0.05$ para BM vs GYM; $F = 5.58$, $p < 0.05$ para BM vs MZT; $F = 13.47$, $p < 0.05$ para GYM vs MZT) y el porcentaje promedio de organismos correctamente asignados fue de 89.3%. El menor valor de asignación (86%) se encontró en GYM (Tabla 4). Las variaciones en la forma de los otolitos muestran que la variación ocurre principalmente en la parte dorsal, ventral y posterior, y no en la parte del *rostrum* donde comúnmente se rompen (Fig. 12).

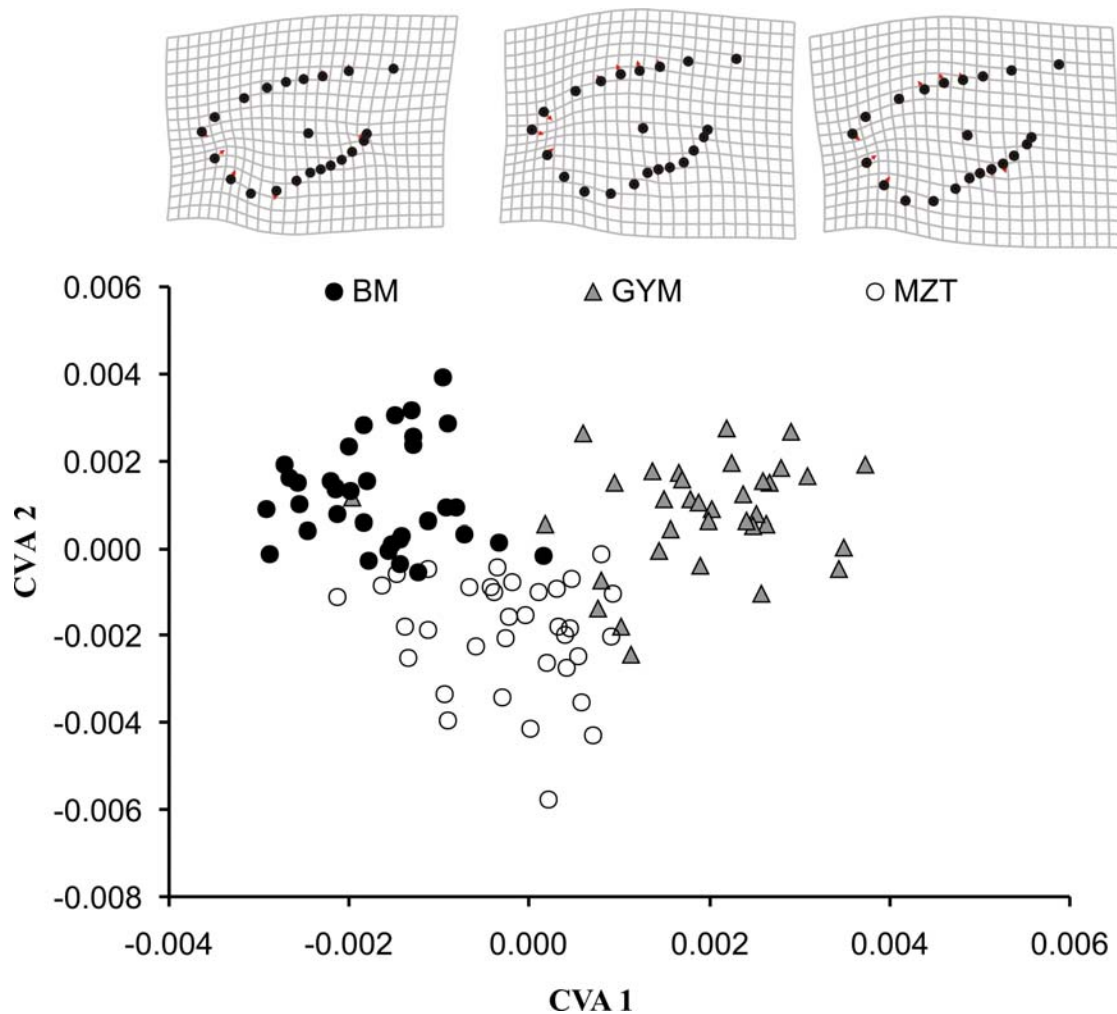


Figura 11. Dispersión de scores del análisis de variables canónicas de la forma de otolitos completos. La parte superior representan las gradillas de deformación para cada localidad.

El análisis de variables canónicas de la forma de los otolitos rotos, también detectó diferencias significativas (CV1, $\Lambda = 0.17$, $p < 0.05$). La dispersión de los scores de CV1 y CV2 indica una separación de la forma de los otolitos de los tres sitios de colecta (Fig. 13). Se encontraron diferencias significativas en todas las comparaciones pareadas ($F = 8.31$, $p < 0.05$ para BM vs GYM; $F = 2.68$, $p < 0.05$ para BM vs MZT; $F = 3.89$, $p < 0.05$ para GYM vs MZT) y el porcentaje promedio de organismos correctamente asignados fue de 80.3%, y el menor valor fue encontrado en MZT (72%) (Tabla 4). Al analizar las gradillas de deformación puede notarse como existe una mayor variación intra específica en la forma de los otolitos quebrados (Fig. 13).

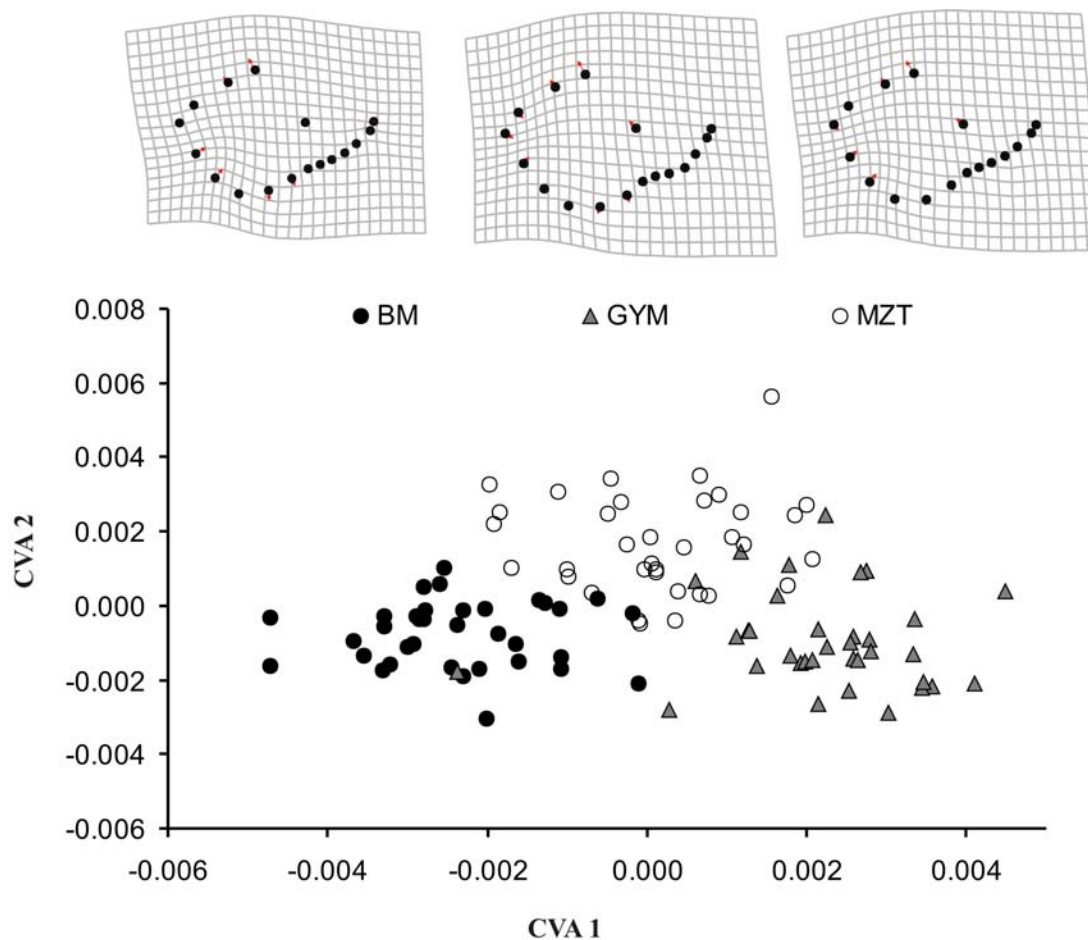


Figura 12. Dispersión de los scores del análisis de variables canónicas de la forma de los otolitos virtualmente rotos (OVR). La parte superior representan las gradillas de deformación para cada localidad.

Con base en estos resultados, la forma del otolito se considera adecuada para detectar distintos morfotipos de la sierra del Pacífico, aun y cuando los análisis sean basados en otolitos quebrados.

Estos resultados nos permiten sugerir que se puede utilizar de manera indistinta cualquier tipo de otolito (completo o roto) para evaluar la existencia de grupos de sierra en el Pacífico mexicano.

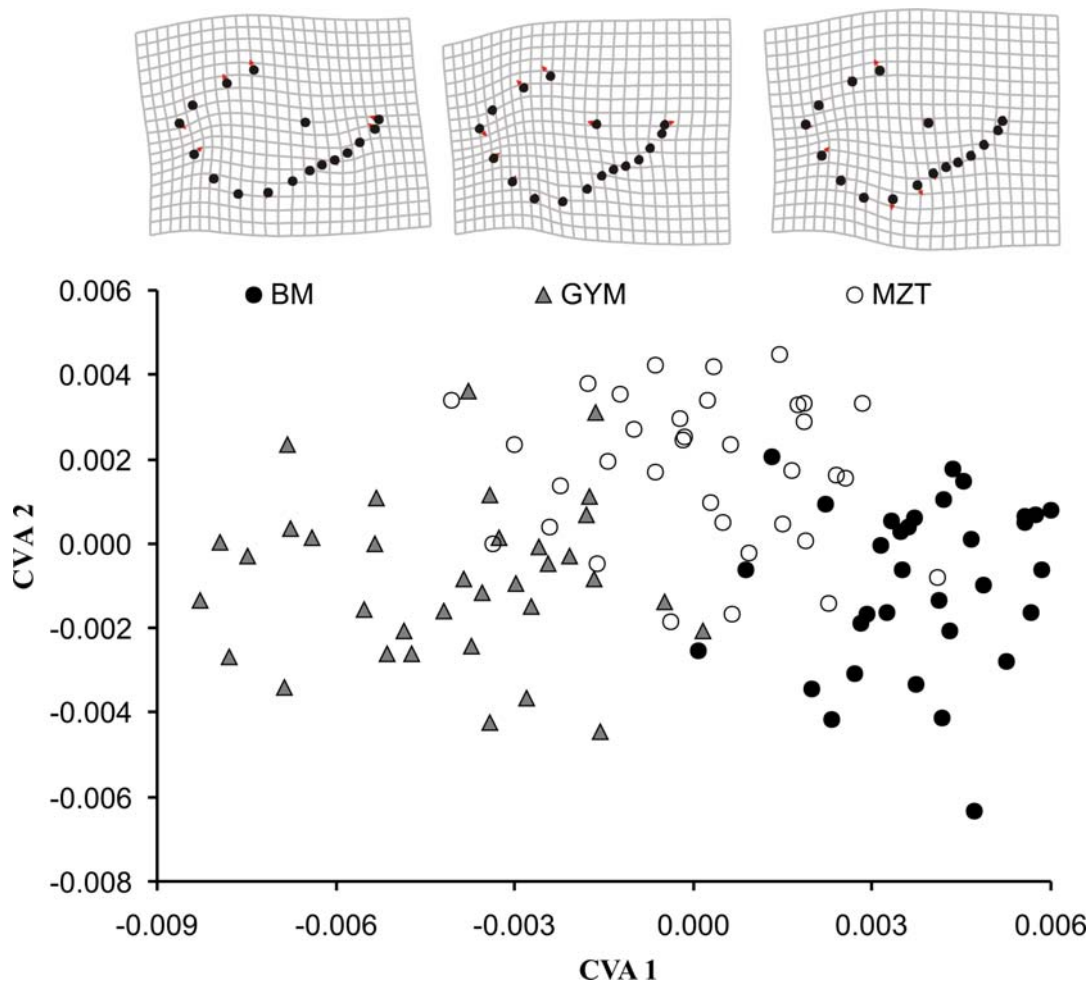


Figura 13. Dispersión de los scores del análisis de variables canónicas de la forma de los otolitos rotos (ORR). La parte superior representan las gradillas de deformación para cada localidad.

El resultado del análisis de variables canónicas considerando todas las muestras, nos indicó diferencias significativas en cinco variables canónicas (CV1, $\Lambda = 0.22$, $p < 0.05$; CV2, $\Lambda = 0.35$, $p < 0.05$; CV3, $\Lambda = 0.45$, $p < 0.05$; CV4, $\Lambda = 0.54$, $p < 0.05$; CV5, $\Lambda = 0.63$, $p < 0.05$). La dispersión de los scores de las CV's sugiere una diferenciación morfológica de los otolitos (Fig. 14). Al estimar las distancias de Mahalanobis, los mayores porcentajes de asignación correcta fueron los sitios de pesca BM (57%), BLP (54%), GYM (59%), CH (57%), COL (45%) y CHI (50%) (Tabla 5). Además, las comparaciones pareadas (distancias Procrustes) fueron estadísticamente significativas (Tabla 6). Los resultados de la matriz de asignación y la prueba F-

Procrustes permitieron detectar la presencia de hasta cinco grupos morfológicamente discretos de sierra en el Pacífico mexicano (Fig. 15). De acuerdo con esta comparación, los organismos muestreados en BM representan un grupo (Tabla 6), el cual presenta diferencias con el resto de las zonas; de igual manera, los organismos en GYM son diferentes y un tercer grupo estaría formado por los sitios ubicados en la boca del Golfo de California (BLP, LRT, TOP, MZT y CH). Se detectó que los sitios CH y COL mantuvieron una alta discriminación, sugiriéndose como una zona de transición donde se mezclarían los individuos del norte y del sur. CH no fue diferente con MZT y con TOP, pero si mostró diferencias significativa con COL por lo cual CH se agrupó con el grupo tres. De igual forma COL se mantuvo diferente a todos a excepción con LZR y con ACA, estos sitios definieron el cuarto grupo poblacional. Finalmente, OAX fue diferente con todas las zonas a excepción con CHI y viceversa, formando entre ellos el quinto grupo (Fig. 15).

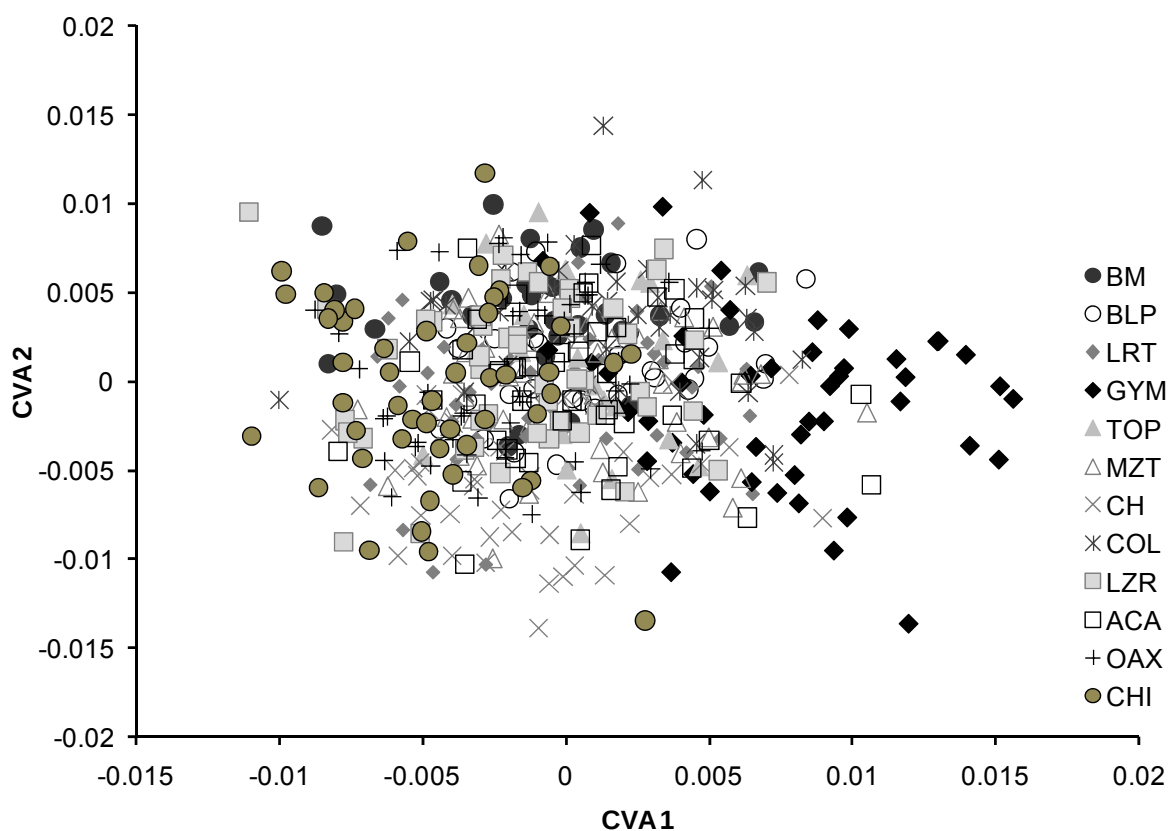


Figura 14. Dispersión de los scores del análisis de variables canónicas generado para todas las zonas de recolecta en el Pacífico Mexicano.

Tabla 5. Porcentaje de clasificación de grupos, basado en las distancias de Mahalanobis.

	BM	BLP	LRT	GYM	TOP	MZT	CH	COL	LZR	ACA	OAX	CHI	n
BM	57	0	3	6	3	0	6	11	6	3	0	6	35
BLP	6	54	3	6	6	3	11	3	0	3	0	6	35
LRT	8	12	10	8	2	4	18	8	2	6	6	16	50
GYM	4	12	0	59	2	2	6	4	0	8	0	2	49
TOP	23	8	0	8	12	4	8	8	0	19	8	4	26
MZT	8	4	2	14	8	16	10	4	12	8	6	8	50
CH	2	9	4	4	0	0	57	0	2	7	0	15	46
COL	5	14	0	7	5	7	0	45	0	0	5	14	44
LZR	10	6	0	2	6	14	10	8	6	16	4	18	50
ACA	14	8	6	8	4	14	14	6	2	20	2	2	50
OAX	18	2	0	6	0	14	10	18	6	2	2	22	50
CHI	4	0	2	0	2	4	16	8	8	2	4	50	50
													535

Tabla 6. Valores de significación de la prueba F-Procrustes a través de 900 re-muestreos.

	BM	BLP	LRT	GYM	TOP	MZT	CH	COL	LZR	ACA	OAX	CHI
BM		√	√	√	√	√	√	√	*	√	√	√
BLP	√		*	√	*	*	√	√	√	√	√	√
LRT	√	*		√	*	*	√	√	*	√	√	√
GYM	√	√	√		√	√	√	√	√	√	√	√
TOP	√	*	*	√		*	√	√	*	*	√	√
MZT	√	*	*	√	*		*	√	*	√	*	√
CH	√	√	√	√	√	*		√	√	√	√	√
COL	√	√	√	√	√	√	√		√	√	√	√
LZR	*	√	*	√	*	*	√	*		*	√	√
ACA	√	√	√	√	*	√	√	√	*		√	√
OAX	√	√	√	√	√	*	√	√	√	√		*
CHI	√	√	√	√	√	√	√	√	√	√	*	

√ = significativos, $p < 0.05$; * no significativos, $p > 0.05$

Al observar las gradillas de deformación que representan la forma del otolito promedio de cada uno de los grupos poblacionales (stocks), puede apreciarse que la variación está dirigida hacia diferentes direcciones en cada uno de los stocks, producto de la variación fenotípica de la especie (Fig. 15).

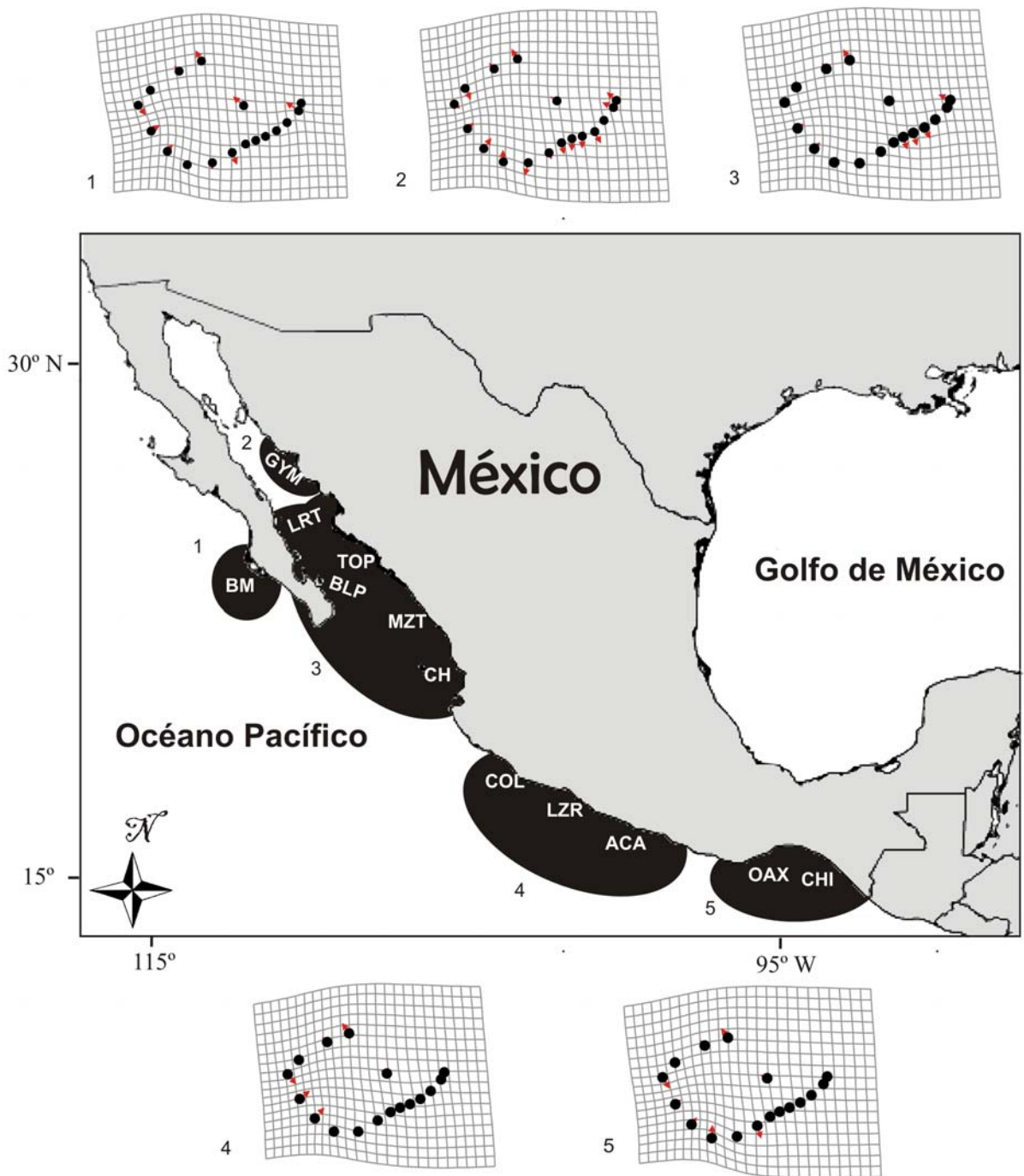


Figura 15. Ubicación geográfica de los stocks de sierra en el Pacífico mexicano, detectados con el análisis de la forma de sus otolitos. La parte superior e inferior representan las gradillas de deformación para cada stock detectado con morfometría geométrica.

Definición de grupos genotípicos

Identificación molecular de especies

El árbol de genes generado a partir de las secuencias de la región del 16S de los diez organismos correspondientes a *S. sierra* y de las tres secuencias de *S. concolor* generó claramente dos clados, cada uno de los cuales asociadas a cada especie. Dos muestras (GYM2 y GYM4) quedaron incluidas en el clado de *S. concolor* (Fig. 16), indicando su inadecuada identificación original basada en los criterios morfológicos. Con base en lo anterior, estas dos secuencias (una vez identificadas molecularmente como *S. concolor*) fueron utilizadas como referencia para identificar mediante la región control los demás individuos posibles de *S. concolor* presentes en la muestra.

De todas las secuencias obtenidas, 12 (incluyendo GYM2 y GYM4) fueron reconocidas como *S. concolor*. Todas fueron provenientes de Guaymas. Las 147 secuencias restantes fueron incluidas en el clado de *S. sierra*. La figura 17 muestra los dos clados existentes. En esta figura solo se incluyeron para fines representativos algunas de las secuencias de *S. sierra* y las 12 secuencias identificadas como *S. concolor*.

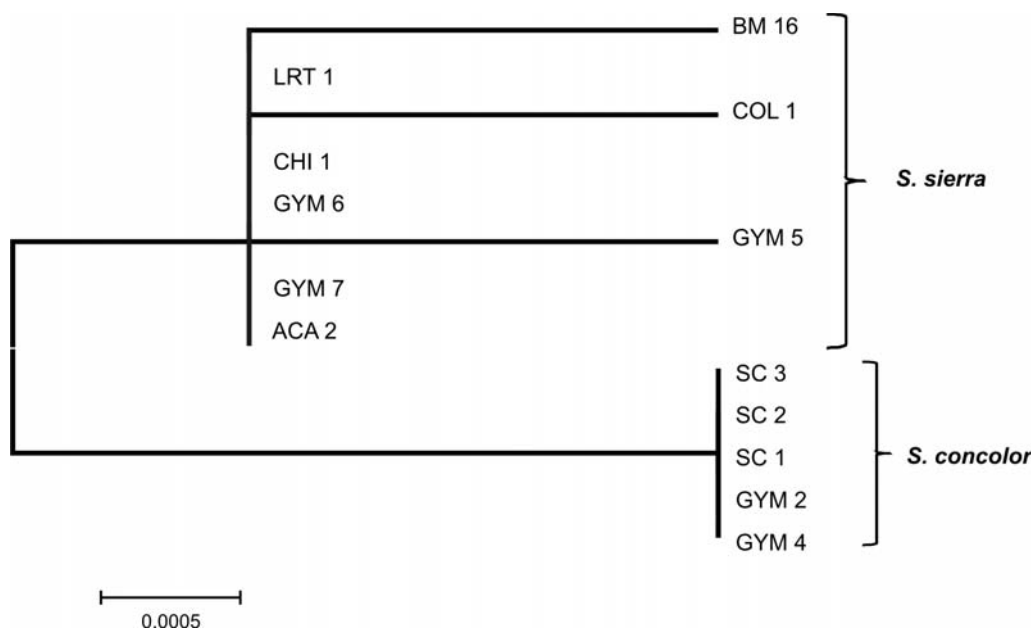


Figura 16. Árbol de relaciones genéticas construido de las secuencias del 16S ARN ribosomal de *S. sierra* y *S. concolor*. El valor de la regla indica el número de sustituciones nucleotídicas.

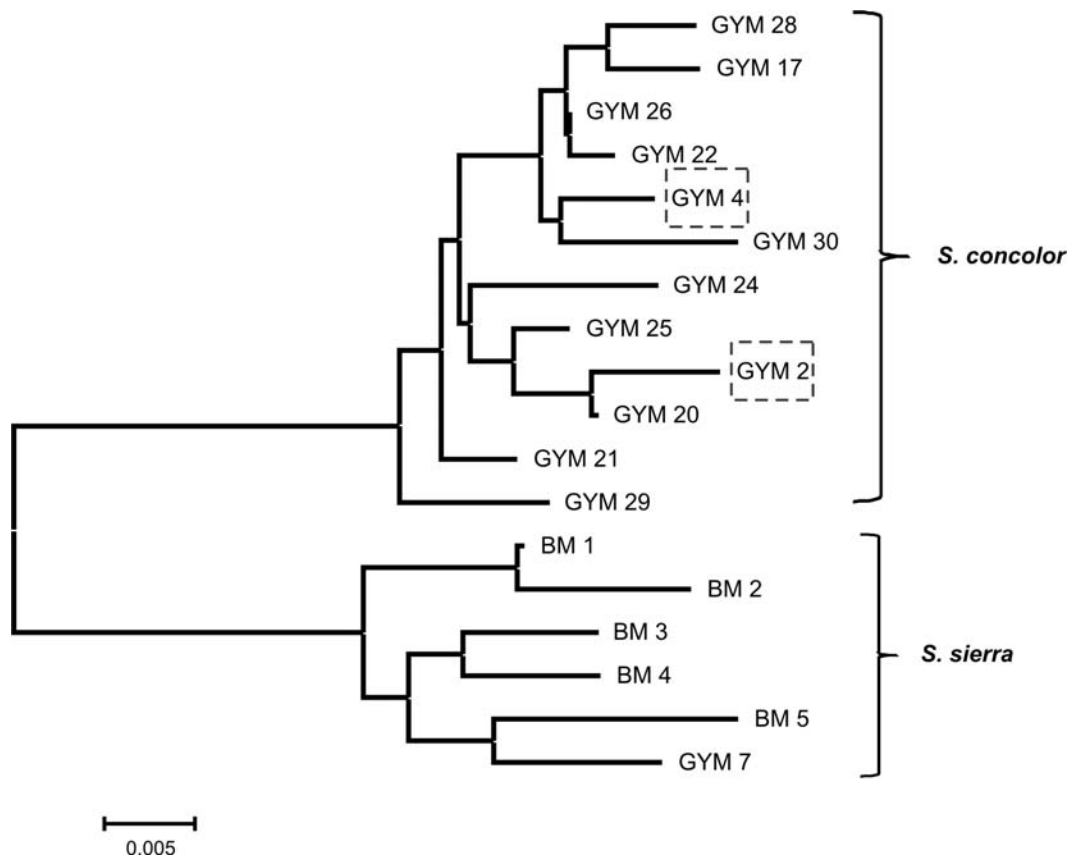


Figura 17. Árbol de relaciones genéticas empleando las secuencias de la región control de ejemplares de Guaymas y de Bahía Magdalena. Se indican en un recuadro las secuencias de GYM2 y GYM4. El valor de la regla indica el número de sustituciones nucleotídicas.

Análisis poblacional de la sierra en el Pacífico Mexicano

Diversidad genética

Se extrajo ADN de un total de 240 muestras; sin embargo, solo el 66.3% (159) de éstas fueron amplificadas y secuenciadas correctamente. Una posible causa pudo haber sido el hecho de emplear iniciadores diseñados con base en la secuencia de otra especie. Alternativamente, debido a que ninguna de las muestras provenientes de Mazatlán amplificó correctamente, el problema pudo haber sido la mala preservación de algunas muestras.

Un fragmento de 410 pb correspondiente a la región control de 147 muestras de *S. sierra* permitieron reconocer 139 haplótipos. En cada localidad se encontró un

haplótipo por cada individuo (Tabla 7). La diversidad haplotípica (h) fue alta para todas las poblaciones, indicando que cada haplótipo seleccionado en la población fue diferente. Los valores de la diversidad nucleotídica (π) estuvieron entre los 0.024 (BM) y 0.028 (LrT) (Tabla 7).

Los resultados del AMOVA no indicaron diferencias significativas entre las localidades (Φ_{ST} = 0.00932, P = 0.11). Los valores de Φ_{ST} pareados fueron significativos en tres comparaciones (CH vs LrT; COL vs CH; ACA vs CH), sin embargo, al realizar el ajuste secuencial de Bonferroni al nivel de significación de $p < 0.016$ no fueron significativos (Tabla 8).

Tabla 7. Variabilidad genética de la sierra a partir de la diversidad haplotípica y nucleotídica.

Zona	n	n_h	h	π	Diferencias pareadas
BM	19	19	1.0 ± 0.0171	0.024 ± 0.0130	10.029 ± 4.7977
LrT	22	22	1.0 ± 0.0137	0.028 ± 0.0147	11.484 ± 5.4138
CH	24	24	1.0 ± 0.0120	0.025 ± 0.0132	10.268 ± 4.8568
COL	28	28	1.0 ± 0.0095	0.026 ± 0.0139	10.933 ± 5.1247
ACA	28	28	1.0 ± 0.0095	0.027 ± 0.0141	11.121 ± 5.2074
CHI	26	26	1.0 ± 0.0107	0.026 ± 0.0141	11.036 ± 5.1826

n = tamaño de muestra; n_h = número de haplótipos; h = diversidad haplotípica; π = diversidad nucleotídica. $\pm$ Desviación estándar.

Tabla 8. Valores de Φ_{ST} pareados (bajo diagonal) entre las seis localidades de la zona de estudio. Localidades de norte a sur. Sobre la diagonal los valores de significación estadística (p).

	BM	LrT	CH	COL	ACA	CHI
BM		0.80	0.05	0.19	0.51	0.30
LrT	-0.013		0.03	0.51	0.73	0.74
CH	0.045	0.0358		0.03	0.03	0.25
COL	0.010	-0.0035	0.0343		0.36	0.17
ACA	-0.004	-0.0078	0.0390	0.0003		0.46
CHI	0.003	-0.0098	0.0038	0.0099	0.0025	

Los haplótipos más frecuentes encontrados a partir de 50 sitios parsimoniosos con más de tres estados fueron el 2 y 1 con el 19% y 12% respectivamente (Tabla 9). El análisis de Chi-cuadrada basado en la simulación de Monte Carlo no reveló diferencias significativas en la frecuencia de los haplótipos de las seis localidades estudiadas ($\chi^2= 255.4$, $p= 0.216$). Los resultados obtenidos del AMOVA tampoco indicaron diferencias significativas ($\Phi_{ST}= 0.00341$, $P= 0.33$). No se observó ningún patrón filogeográfico del árbol filogenético (Fig. 18).

Tabla 9. Distribución de los haplótipos en las seis poblaciones.

Haplotipos	Posición/Sitios	Frecuencia de Haplotipos					
		BM	LrT	CH	COL	ACA	CHI
	111122222223						
	6777801144550						
	9467646846245						
H_1	TTCAACCCTATCA	3	1	5	3	1	3
H_2	C.....T.G...	6	6	2	5	4	5
H_3	C.TG...T.G...	2		1			
H_4	T.	1					
H_5	..T....T.G...	1			1		
H_6	C...G..T....T	2			1	2	
H_7	C...G..T.G..T	1			1		
H_8	C.A....T.G...	1					
H_9	C.....T.....	1	2	3		1	4
H_10	G...	1	3	3	1	3	
H_11	C.....G...		1	1		1	1
H_12	T..C..		1				
H_13	C.A..G.T.G...		1				
H_14	C.....T.C..T		1				1
H_15	C..T...T.....		1				
H_16	C..T....G...		1		2		
H_17	CA.....T..A..		1				
H_18	T.C...		1				
H_19	CA.....T.....		1			1	
H_20	..A...ATG...AT		1				
H_21	.C.....			1			
H_22	CCT....T.G...			1			
H_23	C..G...TCG...			1	1		
H_24	C..T...TCG...			1			
H_25	T.....			1	1	2	2
H_26	C.T.....			1			
H_27	G.....			1			
H_28	C.....			1	2		1
H_29	CC.....T.G...			1			
H_30	T.G...				2	1	2
H_31	..A...AT...AC				3		
H_32	C.T....T.G...				2	2	1
H_33	C.....T.G..T				1		
H_34	C.....G.A.				1		
H_35	C.....A.....C				1		
H_36	C....G.T.G..T				1		
H_37	C.A..GAT.....					1	
H_38	C.....T.T...					1	
H_39	C.AG...T.G...					1	
H_40	C.A...AT....C					1	
H_41	...G...G.G...					1	
H_42	C..G...T.....					1	
H_43	C.A..G.T.....					1	
H_44	..A...TT.....					1	
H_45	C..G.....G...					1	
H_46	A.....T.G...						1
H_47	CG...						2
H_48	C.A..A.T.G...						1
H_49	C.....T.GC..						1
H_50	TCG...						1



Figura 18. Árbol construido de los haplótipos de la sierra del Pacífico. Los cuadros negros indican la localidad donde cada haplótipo fue encontrado.

8. DISCUSION

La sierra es un recurso de importancia comercial distribuido en el Pacífico Oriental, particularmente en la costa mexicana se extrae la mayor parte de la captura. La serie histórica de capturas en los anuarios estadísticos de pesca en México (1992-2008) sitúan al estado de Sonora (38,287 t) como el principal productor, seguido de los estados de Sinaloa (18,168 t), Baja California Sur (8,938 t), Nayarit (8,306) y Baja California (7,159 t). En la región sur destaca solo Chiapas (3,752 t) y Jalisco (3,320 t). Resulta evidente cómo el esfuerzo pesquero es más elevado en la región norte, argumentándose que en la región sur el recurso tiene menos demanda por el mercado nacional a pesar de su abundancia (Espino-Barr, *et al.*, 1990; Espino-Barr, *et al.*, 2006).

Estructura fenotípica de la población

La sierra del Pacífico tiene una estacionalidad muy marcada en el Pacífico mexicano. Es posible observarla en las capturas de la pesca ribereña de octubre a julio. El intervalo de tallas analizado en el presente trabajo varió entre 190 y 830 mm LF, siendo el más amplio reportado para la especie (Verdi-Lara, 1981; Arámburo-Páez, 1985; Espino-Barr *et al.*, 1990; Pérez-Ramos, 1994; Cervantes-Escobar, 2004; Medina-Gómez, 2004, 2006; Aguirre-Villaseñor *et al.*, 2006). Este intervalo representa la estructura del recurso en el Pacífico Mexicano, donde la luz de malla del principal arte de pesca, el chinchorro agallero, varía de 3 a 3.5 pulgadas en la zona norte y de 3.5 a 4 en la zona sur. Los pescadores aprovechan principalmente la fracción de la población entre 300 y 450 mm LF (60% de la captura).

Las diferencias en la estructura de tallas entre sexos de la sierra del Pacífico, coinciden con lo reportado por Cervantes-Escobar (2004) y Medina-Gómez (2004 y 2006). Al parecer es una característica de las especies del género *Scomberomorus*. Diferencias en talla entre sexos han sido reportadas para *S. commerson* (Ballagh *et al.* 2006, Claereboudt *et al.*, 2004, McIlwain *et al.*, 2005; Grandcourt *et al.*, 2005); para *S. cavalla* (Sturm *et al.*, 1983; Schaefer *et al.*, 1994; Arreguín-Sánchez *et al.*,

1995; DeVries *et al.*, 2002) y para *S. maculatus* (Fable *et al.*, 1987; Schmidt *et al.*, 1993; Peters y Schmidt, 1996).

Debido a esta variación en la talla por sexos fue posible estructurar la población de sierra *Scomberomorus sierra* en el Pacífico mexicano en cinco grupos o stocks, destacando a GYM como la zona donde se encuentran los organismos de tallas más pequeñas coincidiendo con lo encontrado por Cervantes-Escobar, (2004) y Medina-Gómez, (2006) y resaltando las zonas de BLP, COL y CHI como las regiones donde fueron abundantes los ejemplares de tallas grandes (>450 mm LF).

La periodicidad anual de las marcas de crecimiento en la sierra del Pacífico, se ha confirmado a través del porcentaje de bordes opacos y del incremento del ancho del borde del otolito (incremento marginal) (Medina-Gómez, 2006; López-Murúa, 2010). Los valores más bajos en el porcentaje de bordes opacos y el máximo en el incremento marginal coinciden con el período reproductivo de la especie (julio-septiembre) cuando los organismos se alejan de la costa para realizar el desove (Klawe, 1966) y reducen significativamente su presencia en las capturas. De igual manera, la temporalidad anual en la depositación de las marcas de crecimiento ha sido probada para *S. cavalla*, *S. maculatus* y *S. commerson* (Johnson *et al.*, 1983; Schmidt *et al.*, 1993; Ballagh *et al.*, 2006).

Se leyeron satisfactoriamente 1,816 otolitos (70% del total), a los cuales se les asignó una edad de 1 a 9 años. En BLP y CHI se recolectaron los ejemplares de mayor edad. En contraparte en GYM una mayor abundancia de organismos de menor edad fue similar a lo reportado en estudios anteriores (Medina-Gómez, 2006).

Al comparar la talla entre organismos de la misma edad (talla a la edad) no se detectaron diferencias entre sexos, y para reducir la variación de la talla se seleccionaron solo los organismos de cuatro años de edad. Con estos organismos se evaluó la consistencia de la estructura poblacional identificada utilizando la talla sin referencia de la edad. El análisis se hizo partiendo del supuesto que la variación de

la talla sería minimizada al analizar organismos de un mismo grupo de edad. Los resultados fueron consistentes en detectar hasta cuatro grupos poblacionales o stocks y a diferencia del análisis de tallas, donde se encontraron cinco stocks, BLP se unió con el grupo en la boca del Golfo de California. Resaltando la gran variabilidad en la talla en la zona de GYM, COL y CHI, detectada también por otros autores (Espino-Barr *et al.*, 1990; Medina-Gómez, 2006). Semejantes diferencias en la zona de GYM podrían deberse a la inclusión en el análisis de ejemplares de *S. concolor* erróneamente identificados como *S. sierra*, y en la región sur (COL y CHI) la diferencia en talla no puede ser atribuible al efecto de la selectividad, debido a que se utilizan similares artes de pesca, pudiendo ser la primera evidencia de distintos stocks como fue detectado en la región norte del país por Medina-Gómez, (2006).

Los cambios en la forma de los organismos son resultado del crecimiento somático y del proceso de maduración gonadal. El análisis de la forma de los organismos y/o estructuras se basa en métodos de puntos homólogos y de contorno. La principal distinción entre los dos enfoques, es que la metodología basada en puntos homólogos analiza datos derivados de puntos discretos, distancias lineales entre puntos y relaciones geométricas entre puntos; mientras que los métodos de contorno tratan con el perímetro de la estructura (Cadrin *et al.*, 2005).

Durante las últimas dos décadas, se ha discutido sobre la dificultad de evaluar las diferencias en la forma de los otolitos utilizando morfometría geométrica, debido a la dificultad para definir puntos homólogos a causa de la irregularidad que presentan estas estructuras, por ello era más común la aplicación de la morfometría tradicional y de contorno, basada esta última en análisis de Fourier (Campana y Casselman, 1993; Tuset *et al.*, 2006).

Ponton (2006) evaluó la eficiencia de la morfometría geométrica para comparar la forma de otolitos de diferentes especies. Su estudio evidenció, la dificultad señalada anteriormente respecto a la ubicación de puntos homólogos sobre los otolitos. Los resultados fueron prometedores para distinguir las diferencias en la forma, además

de que es posible a través de este método visualizar la dirección y magnitud de la variación a nivel inter-específico. El análisis de la forma de los otolitos a partir de un reducido número de puntos homólogos puede complementarse con información de las curvas existentes a lo largo del contorno del otolito. Estas son definidas como semi-marcas que son ubicadas tomando en cuenta referencias naturales en el otolito. El alineamiento de estas curvas mediante el proceso de gradillas de deformación “Thin Plate Spline”, permite posteriormente emplear las semi-marcas como puntos homólogos y tener bien representada la forma de la estructura (Bookstein, 1991).

Independientemente de los métodos empleados para distinguir las diferencias en la forma, Tuset *et al.* (2006) mencionan que el porcentaje de clasificación varía entre el 70% y 95%, indicando que la forma de los otolitos, puede ser utilizada para la identificación y separación de especies. En el presente trabajo se estimó una clasificación promedio correcta del 88.6% empleando la forma de los otolitos completos (OC). Esta información indica que la forma del otolito de la sierra del Pacífico es robusta para discriminar individuos que incorporan diferencias fenotípicas a causa de la variación en el ambiente donde habitan. Los resultados obtenidos reduciendo el número de marcas (OVR) no mostraron pérdida de resolución en la discriminación de los tres grupos. El porcentaje promedio de clasificación correcta fue del 89.3%. Una explicación de estos hallazgos puede ser debido a que la parte ventral del otolito, zona donde se eliminaron las marcas para generar los OVR, no presenta cambios importantes. Lo anterior es soportado por las gradillas de deformación, las cuales indican que la región dorsal y posterior fueron las más importantes para distinguir las variaciones de la forma de los otolitos de las tres localidades (BM, GYM y MZT).

Los resultados anteriores se fortalecieron analizando la información obtenida de los ORR, la discriminación fue significativa validando la utilización de otolitos rotos de la región del *rostrum*. Se considera que el menor porcentaje promedio de clasificación correcta (80.3%) respecto a los otolitos completos es atribuible a la variación entre muestras, ya que en ambos casos la clasificación fue >80%.

Los resultados muestran que el empleo de la morfometría geométrica en otolitos tiene un potencial considerable para el análisis de su forma y consecuentemente, como en la sierra del Pacífico, para la delimitación de grupos fenotípicos. Además, constituye también una referencia importante para aquellos trabajos basados en otolitos, los cuales por su fragilidad comúnmente se rompen durante su extracción y manipulación. Trabajos previos han empleado otolitos quebrados o manipulados (quemados), sin embargo, su aplicación ha sido enfocada a reconocer su eficiencia para las determinaciones de edad y comparación con otras estructuras como escamas (Blood, 2003; Edwards *et al.*, 2005; Polat *et al.*, 2005).

Cambios sutiles en la forma de los otolitos de la sierra del Pacífico permitieron reconocer la ubicación y la dirección de estos cambios. Las diferencias, pueden ser el reflejo de la plasticidad fenotípica de la especie o consecuencia de la expresión genotípica (Borges, 2005). La variación fenotípica puede ser resultado de una variedad de factores ambientales como la temperatura, salinidad, oxígeno disuelto y profundidad (Winberger, 1992). Esta respuesta incluye también cambios en: comportamiento, fisiología, mortalidad, crecimiento, ciclo de vida y demografía; de los cuales algunos pueden ser expresados a nivel individuo y otros a nivel generacional (Miner *et al.*, 2005). Una explicación más profunda de las causas y de las posibles implicaciones de estas diferencias requiere de estudios más específicos.

La evaluación de stocks utiliza diferentes fuentes de información las cuales son complementarias para la definición del estado del recurso. Esto sirve de base para evaluar distintos escenarios de explotación y diseñar las acciones para un manejo sustentable de las poblaciones de peces; haciendo rentable la industria pesquera. Para alcanzar estas metas los administradores disponen de una serie de herramientas, que incluyen cuotas de captura, tallas mínimas, restricciones a las artes de pesca, vedas y áreas protegidas (Quiñonez-Velázquez *et al.*, 2009).

El término de evaluación de stock tiene varias definiciones, a menudo dependiendo de objetivos. Sparre y Venema (1992) propusieron que el objetivo básico de la

evaluación de stocks es “asesorar sobre la explotación óptima de los recursos acuáticos”. Probablemente, la mejor definición proviene de Hilborn y Walters (1992), que plantean que la evaluación de stock envuelve el uso de varios cálculos estadísticos y matemáticos para hacer predicciones cuantitativas (capturas) acerca de las reacciones de las poblaciones de peces a opciones alternativas de manejo. Las anteriores definiciones son especialmente relevantes porque de manera explícita mencionan dos importantes aspectos: que las predicciones cuantitativas son necesarias en el proceso de evaluación de stocks; y que el objetivo es proporcionar asesoría con respecto a las opciones de manejo.

El análisis de la estructura poblacional de una especie, es de gran importancia en el desarrollo de una estrategia óptima para su eficiente explotación. Si los administradores pesqueros incluyeran variaciones intra-específicas en sus consideraciones, podrían necesitar información sobre las diferencias biológicas entre los grupos de especies locales y comprender los procesos tanto genéticos como ecológicos que estén influenciando en la separación (MacLean y Evans, 1981). Por lo tanto, la identificación de los stocks es un requisito previo a la evaluación, debido a que se tienen que delimitar los stocks (Cadrin *et al.*, 2005).

Es importante resaltar, que en el presente trabajo se aborda por primera vez el uso de la morfometría geométrica en la identificación de stocks. Ponton (2006) demostró la utilidad de la forma del otolito para distinguir la variación entre especies, pero no resaltó la variación intra-específica, variación que también ha sido detectada en otros escómbridos con diferentes métodos morfométricos (DeVries *et al.*, 2002; Patterson *et al.*, 2004; Tzeng, 2004).

Las interrogantes ante tal estructuración detectada en *S. sierra*, ahora giran en torno a evaluar si las condiciones ambientales a lo largo del rango de distribución de la especie que influyen en la formación de grupos poblacionales, pudiesen ser tan fuertes como para ser una barrera al flujo genético y si esas diferencias pudiesen reflejarse en sus parámetros de vida. La respuesta permitiría aportar las

recomendaciones necesarias para el manejo de la pesquería de sierra en el Pacífico mexicano.

Estructura genotípica de la población

La disminución de las pesquerías alrededor del mundo ha creado un gran interés en conocer la estructura genética de peces comercialmente importantes con respecto a la identificación de stocks y al manejo de pesquerías (Gauldie, 1991; Sotelo *et al.*, 1993). De hecho, una consecuencia de la intensa pesca de las especies con un alto valor comercial ha causado una proliferación de sustituciones fraudulentas con especies de bajo valor (Sotelo *et al.*, 1993). En muchos casos, los caracteres morfológicos (tamaño, forma y apariencia) de las especies de peces son suficientes para identificarlas adecuadamente. Sin embargo, cuando estos caracteres diagnósticos son removidos por procesos industriales (ej. filetes de pescado o en conserva), resulta de gran importancia disponer con métodos eficientes para la identificación de especies (Hastein *et al.*, 2001).

Diferentes aproximaciones han sido aplicadas para discriminar entre especies de peces, incluyendo análisis de variación geográfica en caracteres merísticos y morfométricos, electroforesis y diversos métodos que se basan en la detección de proteínas específicas de peces. Sin embargo, la aplicación de tecnología basada en el ADN para la identificación y autenticación de especies ha crecido enormemente durante la última década (Mackie *et al.*, 1999). Entre las ventajas prácticas se encuentra el hecho de que el ADN es más termoestable que muchas proteínas y la misma información está presente en todas las células de los organismos haciendo por consiguiente a todos los tejidos adecuados para los análisis (Mackie *et al.*, 1999).

A pesar de que tanto el ADN mitocondrial como nuclear están teóricamente disponibles para la identificación de especies, los genes mitocondriales representan una buena alternativa ya que tienen una alta tasa de mutación, la cual permite la discriminación incluso de especies estrechamente relacionadas (Kocher *et al.*, 1989). Una consideración relevante para el empleo del ADNmt es la identificación de

especies, misma que justifica su empleo para análisis filogenéticos. Esta es basada en el hecho de que en general, el ADNmt es de herencia maternal y en consecuencia lo que refleja son los cambios de linajes evolutivos. En particular, los genes del 16S ribosomal y el citocromo b han sido utilizados para resolver problemas de identificación de especies, por ejemplo en el arenque *Clupea pallasii* (Grant y Utter, 1984), en salmonidos (Patarnello *et al.*, 1993) y en Gadidos (Di Finizio *et al.*, 2007). Muchos otros trabajos han reflejado el esfuerzo por la identificación robusta de especies mediante el empleo de distintos marcadores moleculares. Recientemente ha cobrado mucha atención el uso del gen de la subunidad I del citocromo oxidasa (COI) como marcador útil para la identificación y definición de especies bajo un concepto conocido como Código de barras del ADN (Hebert *et al.*, 2003).

La comparación del 16S ribosomal de secuencias de *S. concolor* de la localidad de San Felipe, B.C., con ejemplares identificados morfológicamente como *S. sierra* detectó en principio que dos ejemplares de la región de GYM estaban incorrectamente identificados. Con base en lo anterior y teniendo la certeza que dichos ejemplares pertenecían a *S. concolor* se evaluaron las secuencias de la región control de todos los ejemplares y se detectó que las 12 secuencias de Guaymas pertenecían a *S. concolor*.

El resultado anterior, fue robusto al demostrar el problema de identificación incorrecta en la localidad de GYM. Los reportes de Valdovinos-Jacobo (2006) sugieren que en la parte Oriental del Golfo de California la distribución más sureña de *S. concolor* es la región de GYM, mientras que en la parte occidental del Golfo de California se ha reportado en Bahía Concepción (Rodríguez *et al.*, 1992, 1994) e incluso en Bahía de La Paz, Baja California Sur (Colección ictiológica CICIMAR-IPN: registros 386, 6650; http://coleccion.cicimar.ipn.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=54), en ambas regiones también *S. sierra* se encuentra presente. Los resultados del presente análisis muestran que el problema de identificación se encuentra en los individuos procedentes de Guaymas, ya que el resto de los especímenes revisados fueron correctamente identificados como *S. sierra*. Este hallazgo resulta altamente

relevante debido a que implica que en la localidad de GYM previamente analizada mediante datos fenotípicos pudiera estar en su mayor parte representada por individuos de *S. concolor*. Esto podría explicar porque fue el grupo más distante, en cuanto a tallas menores y en cuanto a su morfología (observada por su mayor separación estimada del CV1). Un esfuerzo adicional deberá ser enfocado a identificar los porcentajes de mezcla y los límites de distribución de cada especie asistiéndose en el uso de marcadores moleculares.

Con base en lo anterior las secuencias empleadas para el análisis de la estructura genética poblacional de *S. sierra* en el presente trabajo, deberán ser consideradas indudablemente como procedentes de dicha especie y los resultados obtenidos de su diversidad genética deberán reflejar el polimorfismo no confundido por valores de divergencia entre especies.

Los resultados encontrados a partir del análisis genético indican que no hay evidencia de una estructura que sugiera el establecimiento de diferentes poblaciones de sierra a lo largo del Pacífico mexicano. Resultados similares han sido encontrados para *S. commerson* en el Golfo Pérsico, Golfo de Oman y Mar de Arabia detectando una alta diversidad haplotípica tanto en las zonas dentro y fuera del Golfo Pérsico (Hoolihan *et al.*, 2006). El AMOVA mostró que la mayor variación en las frecuencias de los haplótipos es atribuida a la varianza dentro de las zonas (99.04%), seguido por la variación entre zonas (0.74%) y finalmente entre poblaciones (0.22%) y no detectaron evidencia de aislamiento por distancia. La estimación de flujo genético usando F_{ST} , fue suficientemente baja para sugerir al menos migración ocasional o flujo genético recíproco entre poblaciones. La panmixia no pudo ser confirmada, debido a que las tasas de flujo genético de pocos peces por generación son suficientes para prevenir la diferenciación poblacional por deriva genética (Hauser y Ward, 1998).

La ausencia de barreras notables a la dispersión en ambientes marinos, reduce eficazmente la heterogeneidad entre las poblaciones, a menudo haciendo difícil la

diferenciación de poblaciones discretas. Esto es particularmente cierto en especies migratorias con larvas planctónicas (ej. sierra) y se refleja en los bajos valores de F_{ST} del presente estudio.

Los resultados del presente estudio y similares investigaciones llevadas a cabo en otras partes del mundo, sugieren que los miembros del género *Scomberomorus* comparten características de altas capacidades de dispersión y mezcla dentro de sus respectivas regiones. Por ejemplo, Gold *et al.* (1997) reportó homogeneidad en *S. cavalla* del Atlántico occidental y Golfo de México analizando el ADNmt y alozimas, e identificando una débil divergencia entre el Atlántico y el Golfo de México. En este caso la distribución de alozimas fue consistente con un evento histórico causado por la subdivisión poblacional durante el periodo del Pleistoceno glacial.

Broughton *et al.* (2002) evaluaron a *S. cavalla* del Atlántico occidental y Golfo de México comparando la variación en cinco loci microsatélites. Ellos concluyeron que la falta de heterogeneidad entre regiones refleja el flujo genético consistente con un stock genético entremezclado. Santa-Brígida *et al.* (2007) analizaron la región control del ADNmt de *S. cavalla* en varias localidades de Brasil, no detectando valores significativos de F_{ST} e indicando que existe un intenso flujo genético entre las zonas analizadas.

Existen limitaciones inherentes a los tipos de marcadores moleculares utilizados, y es importante considerar su alta sensibilidad a bajos niveles de flujo genético (Carvalho y Hauser, 1994). Debido a que la mezcla de unos pocos peces por generación es necesaria para prevenir la diferenciación poblacional, una mala interpretación de la estructura genética, nos conduce a inferir panmixia aun cuando esta no exista. Información procedente de marcadores adicionales debería ser considerada en futuros estudios para apoyar los hallazgos encontrados en el presente estudio.

Recomendaciones al manejo de la pesquería de sierra en el Pacífico mexicano.

En la Carta Nacional Pesquera, documento con el cual se regulan las pesquerías en México (DOF-2004) se clasifica a *S. concolor* y a *S. sierra* como unidad pesquera de manejo con el criterio que son especies que tienen una afinidad de hábitat. También se recomienda para *S. concolor* que se debe definir su status biológico actual, mientras que para *S. sierra* menciona que se debe de establecer una talla mínima de captura y una tasa de incidentalidad menor a dicha talla. Los puntos de referencia que indica la CNP están basados en límites en el esfuerzo pesquero; medida insuficiente para garantizar la sustentabilidad de la pesquería.

La búsqueda de indicadores biológicos útiles para el manejo de la pesquería ha sido limitada, debido a que los estudios se han centrado en la región donde se concentra el mayor esfuerzo pesquero, por ejemplo en la región noroeste del Pacífico mexicano. Aguirre-Villaseñor *et al.* (2006), mencionan que la talla mínima de captura y de primera madurez para la especie se da a los 398 mm LF y 443 mm LF respectivamente, y difiere de lo reportado por García-Valdez (2010) quien reporta que las tallas de primera captura con las dos principales redes con que se captura el recurso en la zona noroeste se dan a los 343 mm y 374 mm LF, encontrando la talla de primera madurez a los 386 mm LF. Estas imprecisiones podrían llevar a malas estrategias de extracción del recurso sierra.

Con la investigación realizada hasta el momento sobre el recurso *S. sierra* se han evidenciado las diferencias existentes tanto en tallas y edades (Cervantes-Escobar, 2004; Medina-Gómez, 2004, 2006; López Murúa, 2010). Los resultados del presente trabajo demuestran diferencias importantes en la discriminación de stocks en la población de sierra del Pacífico a distintos niveles de resolución. El análisis genético no demostró la ausencia de intercambio genético, lo cual resulta altamente informativo para sugerir la importancia de llevar a cabo un manejo compartido de la sierra del Pacífico a lo largo de su área de distribución. Los elevados valores de diversidad genética sugieren que la especie no ha sido sujeta a una sobre

explotación intensa, que pudiera reducir los niveles de variabilidad, como el caso detectado para *S. cavalla* en la región de Brasil, donde los bajos valores (π , 0.003-0.005) son atribuidos a sobre pesca (Santa Brígida *et al.*, 2007) y de acuerdo con Grant y Bowen (1998), altos valores de h (arriba de 0.5%) y bajos valores de π (menores de 1%) surgen en poblaciones que han sufrido un cuello de botella seguido por un crecimiento poblacional y acumulación de mutaciones. En contra parte, para cuestiones de manejo pesquero, es necesario considerar, a otro nivel, las variaciones en el fenotipo (Booke, 1981), debido a que es el reflejo del ambiente donde residen las especies y por lo tanto, resulta imprescindible evaluar los parámetros de historia de vida de la especie. Respecto a la resolución aportada por el análisis morfométrico en el presente estudio se demostró la existencia de distintos morfotipos utilizando las características de los otolitos y los datos de tallas. Dichos morfotipos podrían representar grupos con características biológicas distintas y consecuentemente permitir definir stocks idóneos para un manejo adecuado.

Tomando como referencia los resultados recientes (estructura de tallas del presente trabajo, tallas de madurez reportadas en la literatura y capturas registradas en anuarios estadísticos) sobre la sierra del Pacífico, el 79% del total de organismos capturados en la región norte se encontrarían por debajo de la talla de primera madurez, mientras que en la región sur el 75% se encuentra por debajo de la talla de primera madurez. Estas diferencias en la intensidad de pesca entre la región norte y sur de México, podrían tener diferentes respuestas de la especie y modificar sus estrategias de crecimiento en cada región. Por lo tanto, se hace de interés primordial a la pesquería considerar un porcentaje de escape del 50% para garantizar la sustentabilidad pesquera del recurso sierra en México.

Con respecto a los sitios de reproducción de la especie, no se tiene conocimiento de las zonas exactas. Sin embargo, los análisis de ictioplancton reportados en Klawe (1966), Moser *et al.* (1994), Ambrose (1996), Zárate-Villafranco *et al.* (2009) proveen información puntual respecto a la localización del evento reproductivo, coincidiendo

en aguas oceánicas, en la costa occidental de la península de Baja California, Islas Marías y en Acapulco, Guerrero, y con una temporalidad de julio a septiembre

En lo que respecta a la zona de Guaymas, es necesario evaluar la variación estacional del porcentaje de mezcla entre las especies, lo cual permitirá diseñar estrategias específicas de manejo.

Finalmente, los resultados anteriores sugieren que *S. sierra* y *S. concolor* no deben ser consideradas como UPM, ya que presentan áreas distintas de distribución y están sometidas a diferentes presiones ambientales y de aprovechamiento.

9. CONCLUSIONES

Estructura fenotípica de la población

- La distribución de frecuencia de tallas entre hembras y machos fue significativamente diferente. Las hembras fueron en promedio más grandes (449 mm LF) que los machos (411 mm LF).
- La estructura de talla evidenció la presencia de 5 stocks de sierra del Pacífico que se asocian a los sitios de pesca: 1. La Paz; 2. Guaymas; 3. Colima; 4. Chiapas; 5. Bahía Magdalena, Loreto, Topolobampo, Mazatlán, Chacala, Lázaro Cárdenas, Acapulco y Oaxaca.
- La talla-edad (4 años) evidenció la presencia de 4 stocks de sierra del Pacífico que se asocian a los sitios de pesca: 1. Guaymas; 2. Bahía Magdalena, La Paz, Loreto, Topolobampo, Mazatlán, Chacala, Lázaro Cárdenas, Acapulco, Oaxaca; 3. Colima y 4. Chiapas.
- Los otolitos representan estructuras importantes que permiten la discriminación de stocks fenotípicos, su uso es inclusive apoyado por el empleo de otolitos rotos, debido a que su variación morfológica ocurre en la parte dorsal del otolito.
- La forma de otolitos (morfometría geométrica) evidenció igualmente la presencia de 5 stocks de sierra del Pacífico con un orden geográfico: 1. Bahía Magdalena; 2. Guaymas; 3. La Paz-Loreto-Topolobampo-Mazatlán-Chacala; 4. Colima-Lázaro Cárdenas-Acapulco; y 5. Oaxaca-Chiapas.

Estructura genotípica de la población

- La diversidad genética fue alta en todos los stocks fenotípicos, lo cual sugiere que la especie no ha sido sujeta a niveles intensos de sobre explotación.

- No se detectó evidencia de estructura genética poblacional, lo cual permite demostrar la importancia de un manejo compartido a lo largo de su área de distribución.

10. REFERENCIAS

- Aguirre-Villaseñor, H., E. Morales-Bojórquez, R. E. Morán-Angulo, J. Madrid-Vera & M. C. Váldez-Pineda. 2006. Biological Indicators for the Pacific Sierra (*Scomberomorus sierra*) fishery in the southern Gulf of California, Mexico. *Cienc. Mar.*, 32(3): 471-484.
- Al-hosni, A. H., & S. M. Siddeek. 1999. Growth and mortality of the narrow barred Spanish Mackerel, *Scomberomorus commerson* (Lacepede), in Omani waters. *Fish. Man. Ecol.*, 6: 145-160.
- Ambrose, D. A. 1996. Scombridae: Mackerels and tunas, 1270-1285. In: Moser, H. G. (Ed). *The early stages of fishes in the California current*.
- Arámburo-Paéz, G., J. M. Luna-Garcia, G. Tirado-Estrada, A. Crespo-Dominguez, F. J. Ramírez, M. A. Jasso-Aguirre & E. Peralta-Ramírez. 1984. Breve estudio sobre la sierra *Scomberomorus sierra*, capturada por Pescadores libres de Playa Norte e Isla de la Piedra, Mazatlán. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Sinaloa, 59 p.
- Arreguín Sánchez, F., M. Cabrera, & F. Aguilar. 1995. Population dynamics of the king mackerel (*Scomberomorus cavalla*) of the Campeche Bank, Mexico. *Sci. Mar.*, 59(3-4): 637-645.
- Ballagh, A. C., G. A. Begg, A. Mapleston & A. Tobin. 2006. Growth trends of Queensland's east coast Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) from otolith back-calculations. *Mar. Fresh. Res.*, 57: 383-393.
- Beamish, R. J. & A. Fournier. 1981. A method for comparing the precision of a set of age determinations. *Can. J. Aquat. Sci.*, 38: 982-983.

- Begg, G. A., J. A. Hare, & D. D. Sheehan. 1999. The role of life history parameters as indicators of stock structure. *Fish. Res.*, 43: 141–163. doi:10.1016/S0165-7836(99)00071-5.
- Begg, G. A. 2004. Life history parameters, 119-150. In: Cadrin, S. X., K. D. Friedland y J. R. Waldman (Eds.) *Stock Identification Methods. Applications in Fishery Science*. Elsevier Inc. 375 p.
- Blood, C. L. 2003. I. Age validation of Pacific Halibut. II. Comparison of surface and break-and-burn otoliths methods of ageing Pacific Halibut. International Pacific Halibut Commission. Technical Report: 47. 32 p.
- Booke, H. E. 1981. The conundrum of the stock concept—are nature or nurture definable in fishery science?. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 38:1479-1506.
- Bookstein, F. L. 1991. *Morphometric Tools for Landmark Data: Geometry and Biology*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Borges, R. M. 2005. Do plants and animals differ in phenotypic plasticity? *J. Biosci.*, 30: 41-50.
- Broughton, R. E., L. B. Stewart & J. R. Gold. 2002. Microsatellite variation suggests substantial gene flow between king mackerel (*Scomberomorus cavalla*) in the western Atlantic Ocean and Gulf of Mexico. *Fish. Res.*, 54: 305-316.
- Cadrin, S. X., K. D. Friedland y J. R. Waldman. 2005. Stock identification methods—An Overview, 3-6. In: Cadrin, S. X., K. D. Friedland y J. R. Waldman (Eds.) *Stock Identification Methods. Applications in Fishery Science*. Elsevier Inc. 375 p.
- Campana, S. E. & J. M. Casselman. 1993. Stock discrimination using otolith shape analysis. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 50:1062-1083.
- Carvalho, G. R. & L. Hauser. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries: *Rev. Fish Biol. Fisher.*, 4: 326-350.
- Cervantes-Escobar, A. 2004. Variación estacional de la estructura de tallas y madurez gonadal de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* en la costa

- este del Golfo de California, México. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Sinaloa. Facultad de Ciencias del Mar. 35 p.
- Chávez, E. A. & F. Arreguín Sánchez. 1995. Optimizing yields of the king mackerel *Scomberomorus cavalla* fishery in the western and southern Gulf of Mexico. *Sci. Mar.*, 59: 629-636.
- Claereboudt, M. R. G., H. S. Al-Oufi, J. McIlwain & J. S. Goddard. 2004. Relationships between fishing gear, size frequency and reproductive patterns for the kingfish (*Scomberomorus commerson*) fishery in the Gulf Oman, 1-12. In: Pogue, A.I.L., C.M. O'Brien & S.I. Rogers (Eds). *Management of Shared Fish Stocks*. Blackwell, Oxford. 16 p.
- Collete, B. B. & C. E. Nauen. 1983. *FAO Species catalogue. Vol. 2. Scombrids of the world. An annotated and Illustrated catalogue of tunas, mackerels, bonitos and related species know to date.* FAO Fish. Synop. 137 p.
- DeVries, D. A., C. B. Grimes, K. L. Lang & D. B. White. 1990. Age and Growth of king and Spanish mackerel larvae and juveniles from the Gulf of Mexico and U.S. South Atlantic Bight. *Environ. Biol. Fish.*, 29: 135-143.
- DeVries, D. A. & C B. Grimes. 1997. Spatial and temporal variation in age and growth of king mackerel, *Scomberomorus cavalla*, 1977-1992. *Fish. Bull.*, 95: 694-708.
- DeVries, D. A., C. B. Grimes, M. H. Prager. 2002. Using otolith shape analysis to distinguish eastern Gulf of Mexico and Atlantic Ocean stocks of King Mackerel. *Fish. Res.*, 57: 51-62.
- Di Finizio, A., G. Guerreiro, G. L. Russo & G. Ciarsia. 2007. Identification of gadoid species (Pisces, Gadidae) by sequencing and PCR-RFLP analysis of mitochondrial 12S and 16S rRNA gene fragments. *Eur. Food. Res. Technol.*, 225: 337-344.
- Dudley, R. G., A. P. Aghanashinikar, & E. B. Brothers. 1992. Management of the Indo-Pacific Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) in Oman. *Fish. Res.*, 15: 17-43.

- Edwards, K. R., Q. E. Phelps, J. L. Shepherd & D. W. Willis. 2005. Comparison of scale and otolith age estimates for two south Dakota bluegill populations. In Proc. S. Dakota Acad. Sci., Vol. 84: 181-186.
- Espino-Barr, E., M. Cruz-Romero & A. García-Boa. 1990. Biología pesquera de tres especies de la familia Scombridae en el litoral de Colima, México, 65-74. En: Dailey, M. & H. Bertsch (Eds). Memorias VIII Simp. Biol. Mar. Ensenada, México. 105 p.
- Espino-Barr, E., A. García-Boa, E. G. Cabral-Solis & M. Puente-Gómez. 2006. La pesca ribereña en la costa de Jalisco, México, 514-524. En: Jiménez-Quiroz, M. C., E. Espino-Barr (Eds). Los recursos pesqueros y acuícolas de Jalisco, Colima y Michoacán. 622 p.
- Excoffier, L., P. E. Smouse & J. M. Quattro. 1992. Analysis of Molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics, 131(2): 479-491.
- Fable Jr, W. A., A. G. Johnson & L. E. Barger. 1987. Age and Growth of Spanish Mackerel, *Scomberomorus maculatus*, from Florida and The Gulf of Mexico. Fish. Bull., 85(4): 777-783.
- García Valdez, J. 2010. Selectividad de la red de enmalle sobre la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* Jordan y Starks, 1895, en la Bahía de Topolobampo, Sinaloa. Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma de Sinaloa. 40 p.
- Gauldie, R. W. 1999. Taking stock of genetics concepts in fisheries management. Can. J. Fish. Aquat. Sci., 48: 722-731.
- Grandcourt, E., T. Z. Al Abdessalaam, F. Francis, A. T. Al Shamsi, S. Al Ali, K. Al Ali, S. Hartman & A. Al Suwaidi. 2005. Assessment of the fishery for Kingfish (Kanaad/Khabat), *Scomberomorus commerson*, in the waters off Abu Dhabi Emirate. Final Report. Environ. Res. and Wild. Developt. A., 35 p.
- Grant, W. & F. M. Utter. 1984. Biochemical populations genetics of Pacific Herring (*Clupea pallasii*). Can. J. Fish. Aquat. Sci. 41: 851-864.

- Grant, W. S. & B. W. Bowen. 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies lessons for conservation. *J. Hered.*, 89(5): 415-426.
- Gold, J. R., A. Y. Kristmundsdóhir, & L. R. Richardson. 1997. Mitochondrial DNA variation in king mackerel (*Scomberomorus cavalla*) from the western Atlantic Ocean and Gulf of Mexico. *Mar. Biol.*, 129: 221-232.
- Govender, A., H. Aloufi, J. Mcilwain & M. Claereboudt. 2006. A per-recruit assessment of the kingfish (*Scomberomorus commerson*) resource of Oman with an evaluation of the effectiveness of some management regulations. *Fish. Res.*, 77(2): 239-247. doi: 10.1016/j.fishres.2005.08.010.
- Hastein, T., B. J. Hill, F. Berthe & D. V. Lighter. 2001. Traceability of aquatic animals. *Rev. Sci. Tech.*, 20 (2): 564-583.
- Hebert, P. D. N., A. Cywinska, S. L. Ball & J. R. deWaard. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lon. B.*, 270: 313-321.
- Hauser, L. & R. D. Ward. 1998. Population identification in pelagic fish: the limits of molecular markers, 191-224. In: Carvalho, G. R. (Ed) *Advances in Molecular Ecology* (NATO Science series). IOS Press. 318 p.
- Hilborn, R. & K. Walters. 1992. *Quantitative fisheries stock assessment. Choice dynamics and uncertainty*. Chapman and Hall, New York., 570 p.
- Hoolihan, J. P., P. Anandh & L. V. Herwerden. 2006. Mitochondrial DNA analyses of narrow-barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) suggest a single genetic stock in the ROPME sea area (Arabian Gulf, Gulf of Oman, and Arabian Sea). *ICES J. Mar. Sci.*, 1074: 1066-1074. doi: 10.1016/j.icesjms.2006.03.012.
- Ihssen, P. E., H. E. Booke, J. M. Casselman, J. M. McGlade, R. N. Payne, & F. M. Utter. 1981. Stock identification: material and methods. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 38: 1838-1855.

- Johnson, A. G., W. A. Fable Jr., M. L. Williams & L. E. Barger. 1983. Age, Growth, and Mortality of King Mackerel, *Scomeromorus cavalla*, from the southeastern United States. Fish. Bull., 81(1): 97-106.
- Johnson, A. G., W. A. Fable Jr., C. B. Grimes & L. Trent. 1994. Evidence for distinct stocks of king mackerel, *Scomberomorus cavalla*, in the Gulf of Mexico. Fish. Bull., 92: 91-101.
- Klawe, W. L. 1966. Notes on Occurrence of Young and Spawning of *Scomberomorus sierra* in the eastern Pacific Ocean. Pac. Sci., 20: 445-451.
- Kocher, T. D., W. K. Thomas, A. Meyer, S. V. Edwards, S. Paboo, F. Villablanca & A. C. Wilson. 1989. Dynamics of Mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 86: 6196-6200.
- Kumar, S. K., K. Tamura & M. Nei. 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. Brief. Bioinform., 5: 150-163.
- Lester, R. J. G., C. Thompson, H. Moss, & S. C. Barker. 2001. Movement and stock structure of narrow-barred Spanish mackerel as indicated by parasites. J. Fish Biol., 59: 833–842. doi:10.1111/J.1095-8649.2001.TB00154.X
- Lizárraga-Rodríguez, H. 1984. Contribución al conocimiento de la pesquería de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* en la costa del estado de Nayarit. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Sinaloa. 57 p.
- López-Murúa, L. S. 2010. Edad y crecimiento de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* en las costas de Mazatlán, Sinaloa durante octubre de 2006 a julio de 2007. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Sinaloa. 44 p.
- Mackie, I. M., S. E. Pryde, C. Gonzales-Sotelo, I. Medina, R. Pérez-Martin, J. Quintero, M. Rey-Mendez & H. Rehbein. 1999. Challenges in the identification of species of canned fish. Trends. Food Sci. Technol., 10: 9-14.

- Mackie, M. C., P. D. Lewis, D. J. Gaughan & S. J. Newman. 2005. Variability in spawning frequency and reproductive development of the narrow-barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) along the west coast of Australia. *Fish. Bull.*, 103: 344-354.
- Macleay, J. A. & D. O. Evans. 1981. The stock concept, discreteness of fish stocks, and fisheries management. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 38: 1889-1897.
- McElroy, D., P. Moran, E. Bermingham & I. Kornfield. 1991. The restriction enzymes analysis package Ver 4. Department of Zoology Migratory Fish Research Institute and Center for Marine Studies, University of Maine, Orono, Maine.
- McIlwain, J., M. Claereboudt, H. Aloufi, S. Zaki & J. Goddard. 2005. Spatial variation in age and growth of the kingfish () in the coastal waters of the Sultanate of Oman. *Fish. Res.*, 73(3): 283-298. doi: 10.1016/j.fishres.2004.10.020.
- McPherson, G. R. 1992. Age and growth of the narrow-barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson* Lacepede, 1800) in North-eastern Queensland waters. *Aus. J. Mar. Freshwater Res.*, 43: 1269–1282. doi:10.1071/MF9921269
- McPherson, G. R. 1993. Reproductive Biology of the Narrow Barred Spanish Mackerel (*Scomberomorus commerson* Lacepede, 1800) in Queensland Waters. *Asian Fish. Sci.*, 6: 169-182.
- Medina-Gómez, S. P. 2004. Variación estacional de la estructura de tallas y madurez gonadal de *Scomberomorus concolor* (Lockington, 1879) y *Scomberomorus sierra* Jordan y Starks, 1895 en la costa este del Golfo de California, México. Tesis de licenciatura. Universidad Autónoma de Sinaloa. 44 p.
- Medina-Gómez, S. P. 2006. Edad y crecimiento de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra* (Jordan y Starks, 1985) en el Golfo de California México. Tesis de Maestría. Instituto Politécnico Nacional. 62p.
- Miner, B. J., S. E. Sultan, S. G. Morgan, D. K. Padilla & R. A. Relyea. 2005. Ecological consequences of phenotypic plasticity. *Trends Ecol. Evol.* Vol., 20 (12): 685-692.

- Montemayor López G. & M. A. Cisneros Mata. 2000. Sierra del Golfo de California, 261-273. En: Díaz de León-Corral y M. A. Cisneros-Mata. (eds.). Sustentabilidad y Pesca Responsable en México: Evaluación y Manejo, 1999-2000. INP SEMARNAP. 1043 p.
- Moore, B. R., R. C. Buckworth, H. Moss, & R. J. Lester. 2003. Stock discrimination and movements of narrow-barred Spanish mackerel across northern Australia as indicated by parasites. J. Fish Biol., 63(3): 765-779. doi: 10.1046/j.1095-8649.2003.00190.x.
- Moser, H. G., R. L. Charter, P. E. Smith, D. A. Ambrose, S. R. Charter, C. A. Meyer, E. M. Snadknop & W. Watson. 1994. Distributional Atlas of fish larvae in the California current region: Taxa with less than 1000 total larvae, 1951 through 1984. CalCofi Atlas, 32. 181 p.
- Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. New York, USA, Columbia University Press. 512 p.
- Nikolsky, G. V., 1963. The Ecology of Fishes. Academic Press, London.
- Palumbi, S. R., A. Martin, S. Romano, W. O. McMillan, L. Stice & G. Grabowski. 1991. A simple tools guide to PCR, ver. 2.0. Special publication of the University of Hawaii Department of Zoology and Kewalo Marine Laboratory, 46 p.
- Pattarnelo, T., L. Bargelloni, F. Calrada & L. Colombo. 1993. Cychrome b and 16s RNA sequence variation in the *Salmo trutta* (Salmonidae: Teleostei) species complex. Mol. Phylogenet. Evol., 3: 69-74.
- Patterson, W. F., R. L. Shipp & T. R. Clardy. 2004. Discrimination Among U.S. South Atlantic and Gulf of Mexico King Mackerel Stocks With Otolith Shape Analysis and Otolith Microchemistry. Marfin Final Report. 33 p.
- Pérez-Ramos, V. H. 1994. Maduración sexual, hábitos alimenticios, estructura poblacional, variación temporal del esfuerzo y captura de la pesquería de la sierra *S. sierra* en la Bahía de Mazatlán, Sinaloa, durante el periodo 1988-89. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Sinaloa. 45 p.

- Peters, J. S. & D. J. Schmidt. 1997. Daily age and growth of larval and early juvenile Spanish mackerel, *Scomberomorus maculatus*, from the South Atlantic Bight. Fish. Bull., 95 (3): 530-539.
- Polat, N., D. Bostanci & S. Yilmaz. 2005. Differences between whole otolith and broken-burnt otolith ages of red mullet (*Mullus barbatus ponticus* Essipov, 1927) Sampled from the black sea (Samsun Turkey). Turk. J. Vet. Anim. Sci., 29: 429-433.
- Ponton, D. 2006. Is Geometric Morphometric efficient for comparing otolith shape of different fish species? J. Morph., 267: 750-757.
- Quiñonez-Velázquez, C. & G. Montemayor-López. 2002. Biología y Dinámica poblacional de *Scomberomorus concolor* en el Golfo de California. En: Memorias del I foro científico de pesca ribereña, Guaymas, Sonora, 117 p.
- Quiñonez Velázquez, C., R. Félix Uraga, F. N. Melo Barrera & E. Morales Bojórquez. 2009. Manejo pesquero: La pesquería de sardina en Baja California Sur, 197-225. En: Urciaga García, J. I., L. F. Beltrán Morales & D. Lluch Belda (Eds). Recursos Marinos y Servicios Ambientales en el Desarrollo Regional. 350 p.
- Rice, W. R. 1989. Analyzing tables of statistical tests. Evolution, 43: 223-235.
- Rodríguez, R. J., L. A. Abitia-Cárdenas, J. De La Cruz-Agüero & F. Galván-Magaña. 1992. Lista sistemática de los peces marinos de Bahía Concepción, Baja California Sur, México. Cienc. Mar., 18(4): 85-95.
- Rodríguez, R. J., L. A. Abitia-Cárdenas, F. Galván-Magaña & R. H. Chávez. 1994. Composición, abundancia y riqueza específica de la ictiofauna de Bahía Concepción, Baja California Sur, México. Cienc. Mar., 20(3): 321-350.
- Roff, D. A. & P. Bentzen. 1989. The statistical analysis of mitochondrial DNA polymorphisms: X^2 and the problem of small samples. Mol. Biol. Evol., 6(5): 539-545.
- Rohlf, F. J. 1993. Relative warps analysis and an example of its application to mosquito wings, 139-159. In: Marcus, L. F., E. Bello, A. García Valdecasas

- (Eds). Contributions to Morphometrics. Museo natural de ciencias naturales (CSIC). Vol. 8. Madrid, España, 220 p.
- Rohlf, F.J. 2004. TpsDIG. Version 1.40. Department of Ecology and Evolution, State University of New York at Stony Brook, New-York. 60 p.
- Saitou, N. & M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4:406-425.
- Santa Brígida, E. L., D. B. Cunha, P. S. Rego, I. Sampaio, H. Schneider & M. Vallinoto 2007. Population analysis of *Scomberomorus cavalla* (Cuvier, 1829) (Perciformes, Scombridae) from the Northern and Northeastern coast of Brazil. *Braz. J. Biol.*, 4: 919-24.
- Schaefer, H. C. & W. A. Fable Jr. 1994. King Mackerel, *Scomberomorus cavalla* Mark-Recapture studies off Florida's East Coast. *Mar. Fish. Rev.*, 56 (3): 13-23.
- Schmidt, D. J., M. R. Collins & D. M. Wyanki. 1993. Age, growth, maturity, and spawning of Spanish Mackerel, *Scomberomorus maculatus* (Mitchill), From the Atlantic Coast of the Southern United States. *Fish. Bull.*, 91: 526-533.
- Shaklee, J. B., S. R. Phelps & J. Salini. 1990. Analysis of fish stock structure and mixed-stock fisheries by the electrophoretic characterisation of allelic isozymes, 173-196. In: Whitmore, D. H. (Ed). *Applications of Electrophoresis and Isoelectric Focusing Techniques in Fisheries Management*. CRC Press: Boca Raton, FL.
- Shaklee, J. B. & K. P. Currens. 2003. Genetic stock identification and risk assessment, 291-328. In: Hallerman, E. M. (Ed). *Population Genetics e Principles and Applications for Fisheries Scientists*. American Fisheries Society, Bethesda, M. D. 475 p.
- Siddeek, M. S. & A. H. Al-hosni. 1998. Biological reference points for managing kingfish. *Scomberomorus commerson*, in Oman waters. *NAGA, The ICLARM Quarterly*. 32-36.

- Smedbol, R. K., A. McPherson, M. M. Hansen & E. Kenchington. 2002. Myths and moderation in marine 'metapopulations'? *Fish Fish*, 3(1): 20-35. doi: 10.1046/j.1467-2979.2002.00062.x.
- Sotelo, C. G., C. Piñeiro, J. M. Gallardo & R. I Pérez Martín. 1993. Fish species identification in seafoods products. *Trends. Food Sci. Technol.*, 4: 395-401.
- Sparre, P. & S. C. Venema. 1992. Introducción a la evaluación de recursos pesqueros tropicales. FAO Documento técnico de pesca, parte 1. 527 p.
- Sulaiman, Z. H. & J. R. Ovenden. 2010. Population genetic evidence for the east–west division of the narrow-barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*, Perciformes: Teleostei) along Wallace's Line. *Biodivers. Conserv.*, 19: 563-574. <http://www.springerlink.com/index/10.1007/s10531-009-9699-y>.
- Sumpton, W. & M. O'Neill. 2004. Monitoring Requirements for the Management of Spanish Mackerel (*Scomberomorus commerson*) in Queensland. Queensland Department of Primary Industries and Fisheries, Southern Fisheries Centre: Brisbane. 36 p.
- Sutter III, F. C., R. O. Williams & M. F. Godcharles. 1991. Movement patterns and stock affinities of king mackerel in the southeastern United States. *Fish. Bull.*, 89: 315-324.
- Sturm, M. G. & P. Salter. 1983. Age, Growth, and Reproduction of King Mackerel *Scomberomorus cavalla* (Cuvier) in Trinidad Waters. *Fish. Bull.*, 88: 361-370.
- Tobin, A. J. & A. Mapleston. 2004. Exploitation dynamics and biological characteristics of the Queensland East Coast Spanish Mackerel (*Scomberomorus commerson*) Fishery. Technical Report No. 51. CRC Reef Research Centre: Townsville, Australia. 69 p.
- Tzeng, T. D. 2004. Morphological variation between populations of spotted mackerel (*Scomber australasicus*) off Taiwan. *Fish. Res.*, 68: 45-55.
- Tuset, V. M., P. L. Rosin & A. Lombarte. 2006. Sagittal otolith shape used in the identification of fishes of the genus *Serranus*. *Fish. Res.*, 81: 316-325.

- Valdovinos-Jacobo, L. A. 2006. Edad, crecimiento y mortalidad de la sierra del Golfo *Scomberomorus concolor* (Lockington, 1879), en el Golfo de California. Tesis de maestría. Instituto Politécnico Nacional. 72 p.
- Verdi-Lara, A. 1981. Descripción de la unidad de pesquería de la sierra del Pacífico *Scomberomorus sierra*, Jordan y Starks, 1895, en los puertos de Mazatlán y Topolobampo, Sinaloa. Tesis de licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México. 117 p.
- Williams, R. & R. Lester. 2006. Stock structure of Spanish mackerel *Scomberomorus commerson* along the Australian east coast deduced from parasite data. J. of Fish Biol., 68: 1707-1712. doi: 10.1111/j.1095-8649.2006.01026.x.
- Winberger, P. H. 1992. Plasticity of fish body shape. The effects of diet, development, family and age in two species of *Geophagus* (Pisces: Cichlidae). Biol. J. Linn. Soci., 45: 197-218.
- Zárate-Villafranco, A., R. Funes-Rodríguez, M. J. Zetina-Rejón, A. Hinojosa-Medina, G. A. López-Ibarra & A. Hernández-López. 1999. Distribución y abundancia de larvas de peces recolectadas durante la pesquería del camarón entre Sinaloa y Nayarit. VIII International Meeting of the Mexican Society of Planktology.