



CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL PERICO (*Coryphaena hippurus*) DEL OCÉANO PACÍFICO ORIENTAL



Gozzer, R^{1.}, Vélez-Zuazo, X^{2.}, Menéndez, F^{3.}, Amorós, S^{1.}, Goyert, W^{4.}, Bayona, N^{5.}, Díaz-Jaimes, P^{5.}



UNAM

1. WWF Perú
2. Center for Conservation and Sustainability, Smithsonian Institution
3. Genomic Research Unit – Universidad Peruana Cayetano Heredia
4. WWF US
5. Universidad Nacional Autónoma de México - UNAM



Comisión Interamericana
del Atún Tropical

Inter-American Tropical
Tuna Commission



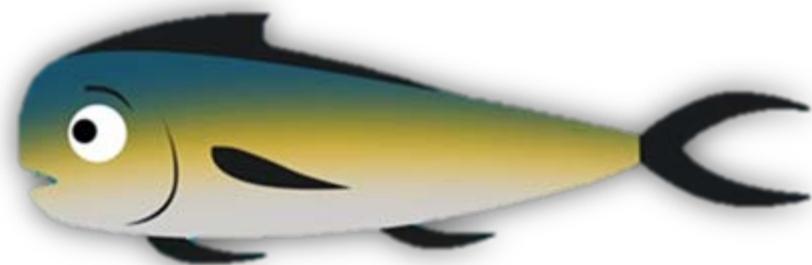
[2ª Reunión Técnica sobre el dorado](#)

Octubre - 2015



El Perico

- Predador tope oportunista
- Cosmopolita
- Rápido crecimiento
- Rápida madurez
- Alta fecundidad





Definición del stock o los stocks

¿Por qué es importante?

Porque **para realizar una evaluación y manejo de una pesquería**, primero **debe conocerse la unidad a manejar y/o conservar**

¿Qué se quiere lograr?

Contribuir con el **conocimiento poblacional** de esta especie **en Perú**, en contexto con su distribución a lo largo del **pacífico oriental**

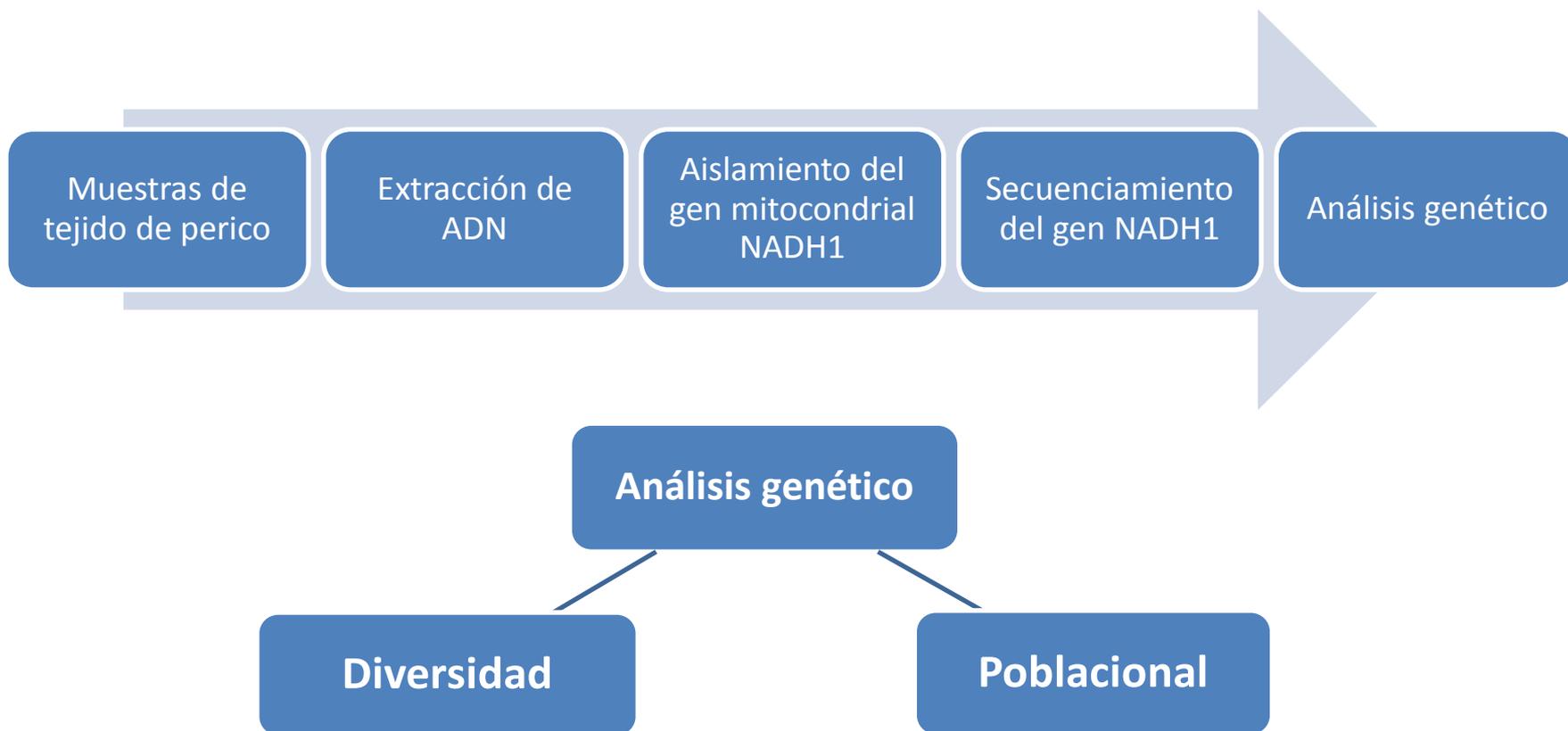
Ayudar a **delimitar el objeto de estudio** para realizar un manejo pesquero del recurso

¿Por qué usar métodos genéticos?

Se necesita usar un **método indirecto** debido a que la distribución del perico no es identificable a simple vista, la especie tiene una movilidad amplia y las barreras geográficas en el océano son poco claras



Metodología





Muestreo en Perú

n = 25

Sechura

n = 56

Ancash-Libertad:
(1.- Chimbote,
2.- Casma y 3.-
Huanchaco)

n = 28

Végueta

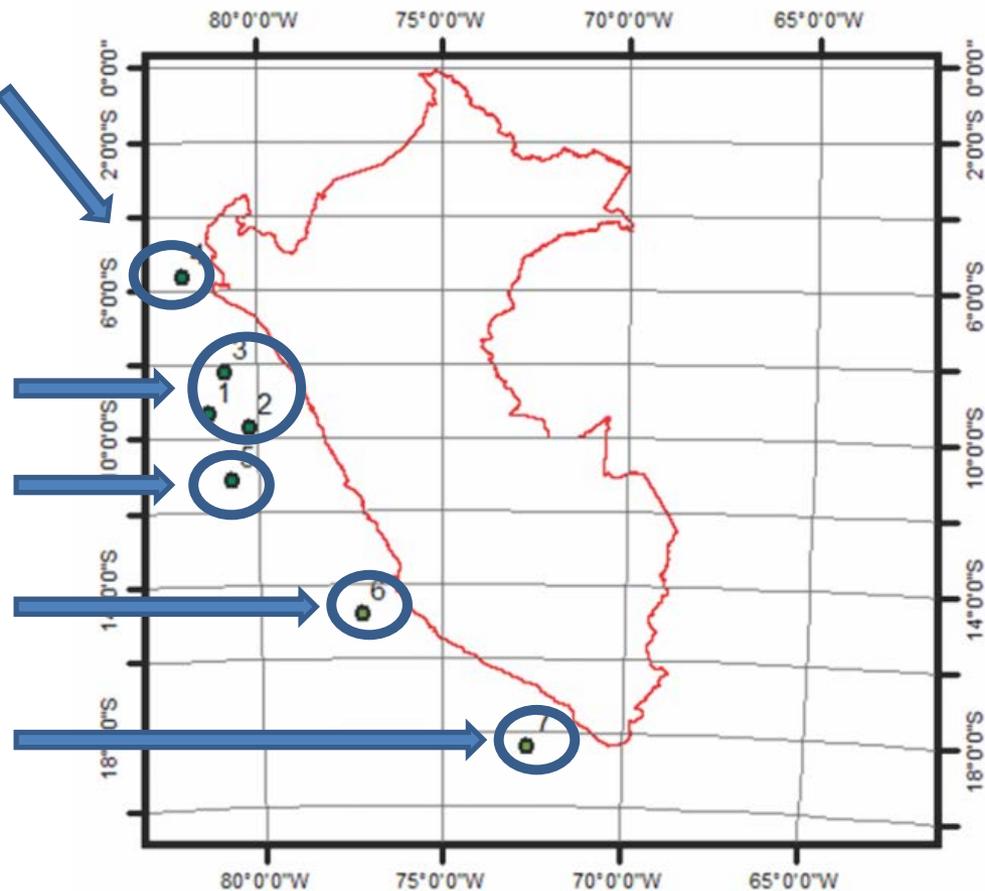
n = 38

Ica Sur

n = 45

Tacna Sur

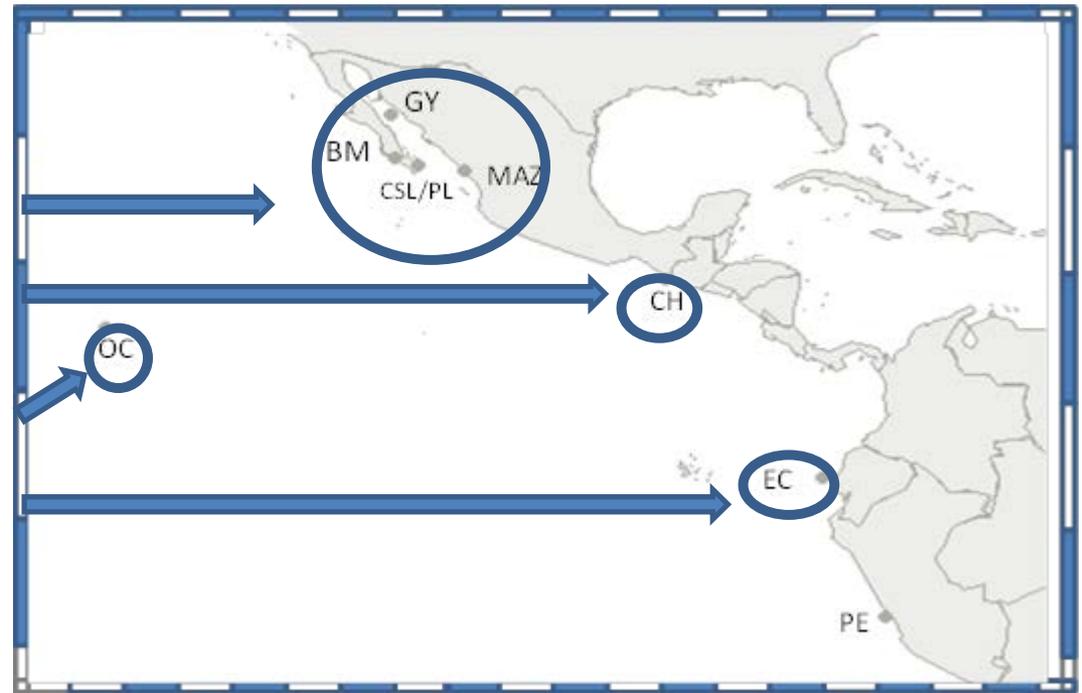
*Muestras colectadas durante
enero y febrero de 2014





Muestreo de la UNAM

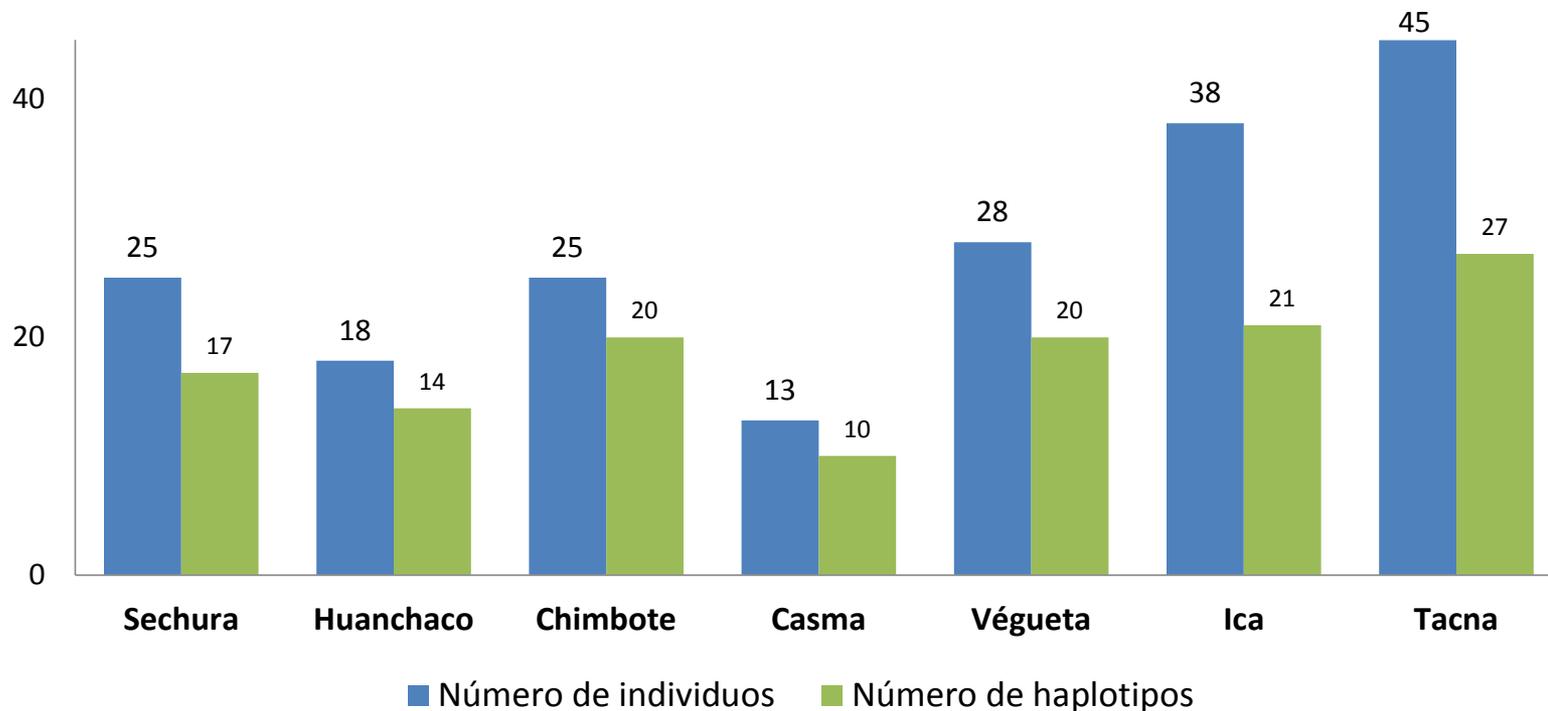
n = 184	México
n = 45	Chiapas
n = 48	Océánicas
n = 48	Ecuador



*Se recibieron secuencias del gen mitocondrial NADH1 por parte del Dr. Píndaro Diaz-Jaimes de la UNAM. Muestras tomadas entre el 2003 y 2007.



Diversidad en Perú



Las poblaciones de *Coryphaena hippurus* en Perú muestran un alto número de haplotipos, señal de diversidad alta.



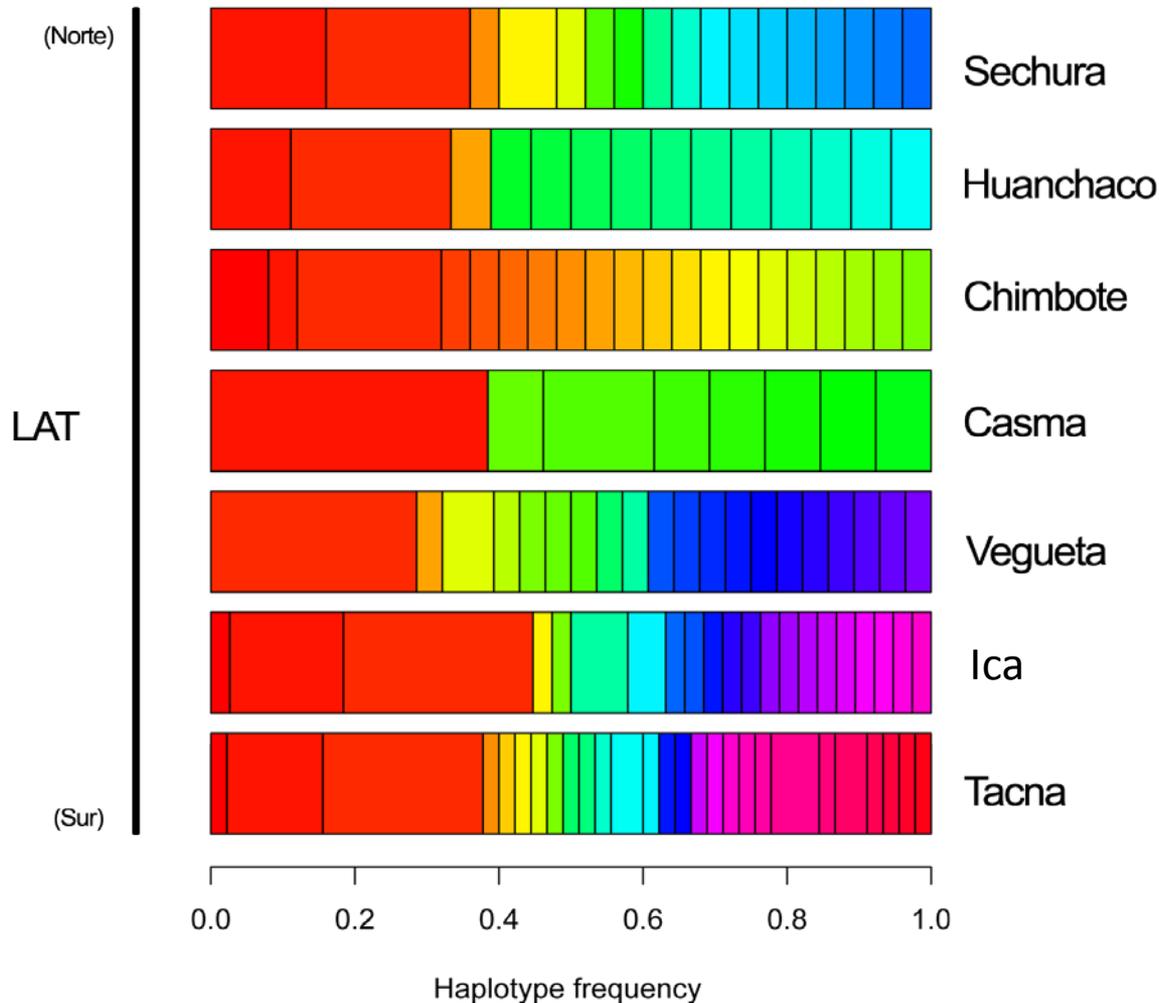
Diversidad en Perú

Población	Número de individuos	Número de haplotipos	h
Sechura	25	17	0,930
Huanchaco	18	14	0,961
Chimbote	25	20	0,973
Casma	13	10	0,910
Végueta	28	20	0,950
Ica	38	21	0,871
Tacna	45	27	0,911

Las poblaciones de *Coryphaena hippurus* en Perú exhiben muy alta y similar diversidad genética



Diversidad en Perú



Las poblaciones de *Coryphaena hippurus* en Perú exhiben perfiles genéticos similares



Análisis poblacional de Perú

Φ_{st}

	Ancash-libertad	Sechura	Végueta	Ica Sur	Tacna
Ancash-libertad	*	1.000	1.000	0.988	1.000
Sechura	-0,051	*	1.000	1.000	1.000
Vegueta	-0,039	-0,070	*	0.771	1.000
Ica Sur	-0,011	-0,025	-0,005	*	1.000
Tacna	-0,027	-0,044	-0,030	-0,024	*

AMOVA

Variación	Φ	Porcentaje de la variación
Entre poblaciones asumidas	-0,003	-0,23%
Entre individuos	1,494	100,23%
Total	1,490	100,00%

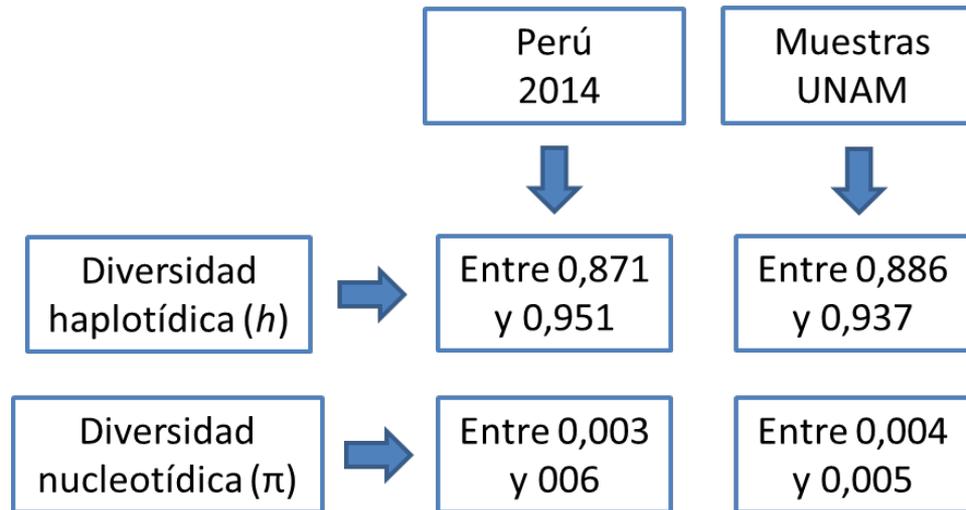
No se detectó estructuración entre sitios en Perú



¿Un solo stock?



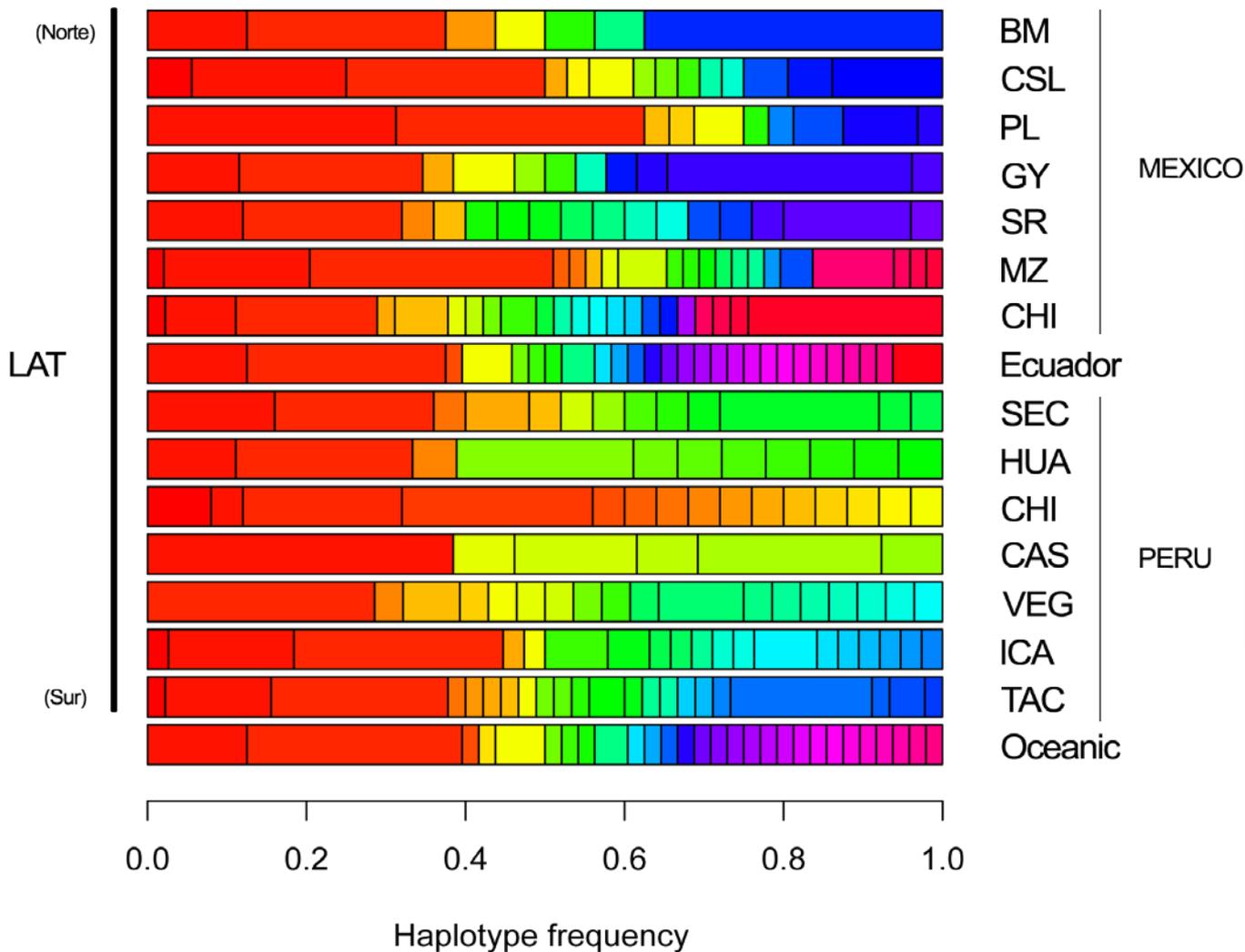
Diversidad en el Pacífico Oriental



Las poblaciones de *Coryphaena hippurus* del pacífico oriental muestran una alta diversidad.



Diversidad en el Pacífico Oriental



Existen dos haplotipos dominantes y presentes en todas las poblaciones muestreadas



Estructuración poblacional: AMOVA

Todas las
muestras

Perú
2014

Variación	Φ	Porcentaje de la variación
Entre poblaciones asumidas	0,002	0,22%
Entre individuos	1,202	99,78%
Total	1,204	100,00%

Variación	Φ	Porcentaje de la variación
Entre poblaciones asumidas	-0,003	-0,23%
Entre individuos	1,494	100,23%
Total	1,490	100,00%

- Mas variación al interior de las poblaciones que entre poblaciones
- Ningún indicio de estructuración entre poblaciones en el Pacífico Oriental



Conclusiones

A nivel local (Perú)

1. Alta diversidad: proxy de buena salud del *C. hippurus*
2. Dos haplotipos dominantes (ancestrales)
3. Un solo stock pesquero

A nivel regional

1. Alta diversidad: proxy de buena salud del *C. hippurus*
2. Dos haplotipos dominantes (ancestrales)
3. Perfil genético de Perú es similar al del Pacífico oriental

**El *Coryphaena hippurus* del Pacífico oriental
representa una sola población**



Recomendaciones

PARA EL PRESENTE TRABAJO el *Coryphaena hippurus* del Pacífico oriental representa una sola población. **SIN EMBARGO...**

- 1.- Las muestras de Perú y las de la UNAM pertenecen a diferentes años y los datos podrían ampliarse realizando nuevos muestreos, tomando en cuenta la estacionalidad y temporalidad del recurso.**
- 2.- A futuro, se podrían utilizar otros marcadores moleculares (otros genes mitocondriales, microsatélites, SNPs, etc.)**
- 3.- Se podrían realizar trabajos complementarios como marcajes, análisis merísticos, entre otros.**



Para mayor información contactarse con:

Renato Gozzer Wuest

renato.gozzer@wwfperu.org

WWF Perú - www.wwfperu.org



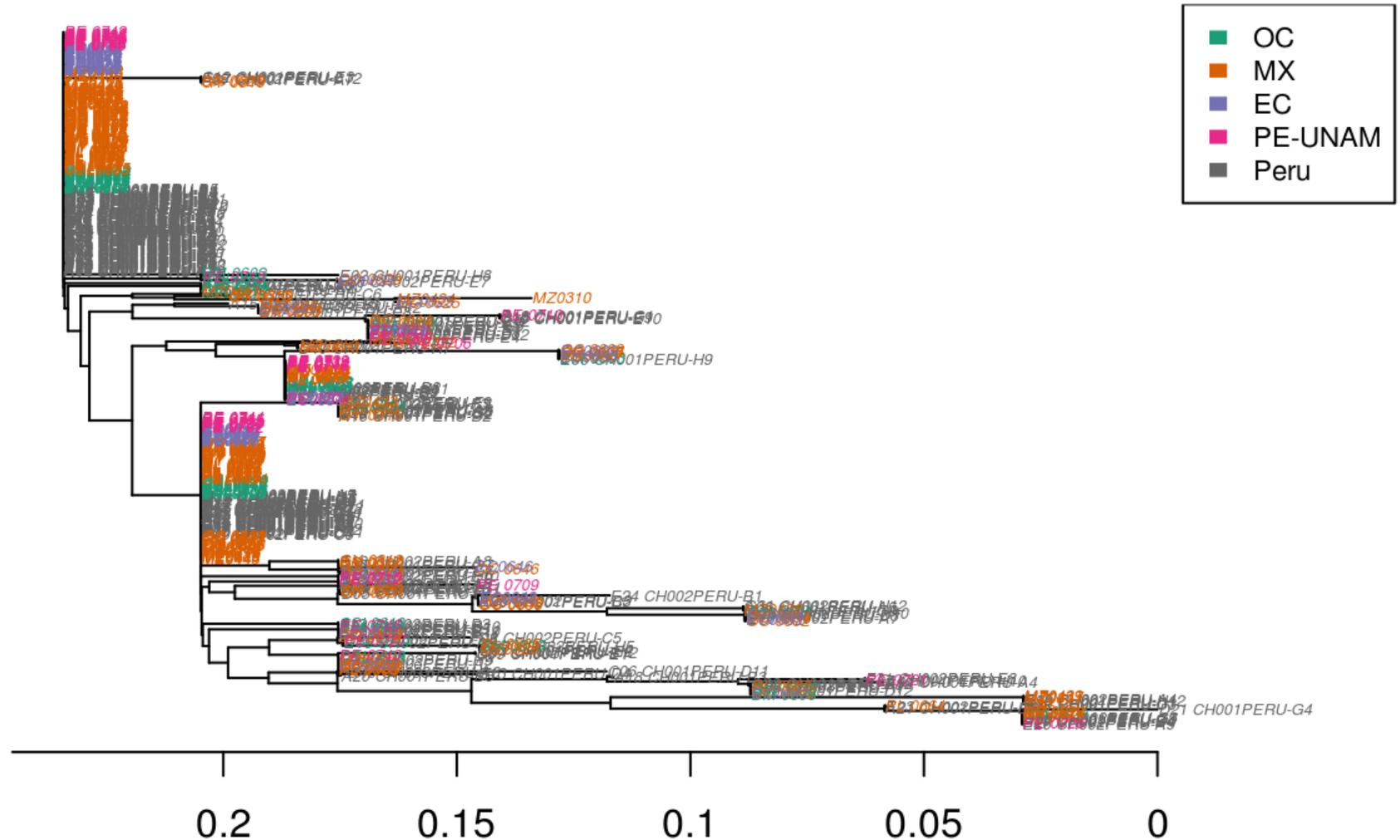
Diversidad (esto no iría en la exposición)

Población	n	n de haplotipos	h	π	λ	H_o	H_e
Sechura	25	17	0,930	0,006	0,845	0,102	0,107
Ancash-libertad	56	38	0,951	0,005	0,883	0,090	0,092
Végüeta	28	20	0,950	0,006	0,888	0,109	0,113
Ica	38	21	0,871	0,003	0,78	0,051	0,053
Tacna	45	27	0,911	0,004	0,825	0,062	0,064
Subtotal Perú	192	75	0,787	0,004	0,891	0,083	0,086
México	184	70	0,909	0,004	0,805	0,060	0,061
Oceánicas	48	28	0,937	0,004	0,801	0,061	0,062
Chiapas	45	32	0,925	0,005	0,839	0,086	0,088
Ecuador	48	29	0,886	0,004	0,801	0,061	0,062
Perú	39	19	0,911	0,003	0,835	0,062	0,063
Total	556	148	0,787	0,004	0,836	0,074	0,076



Árbol Filogenético

(esto no iría en la exposición)

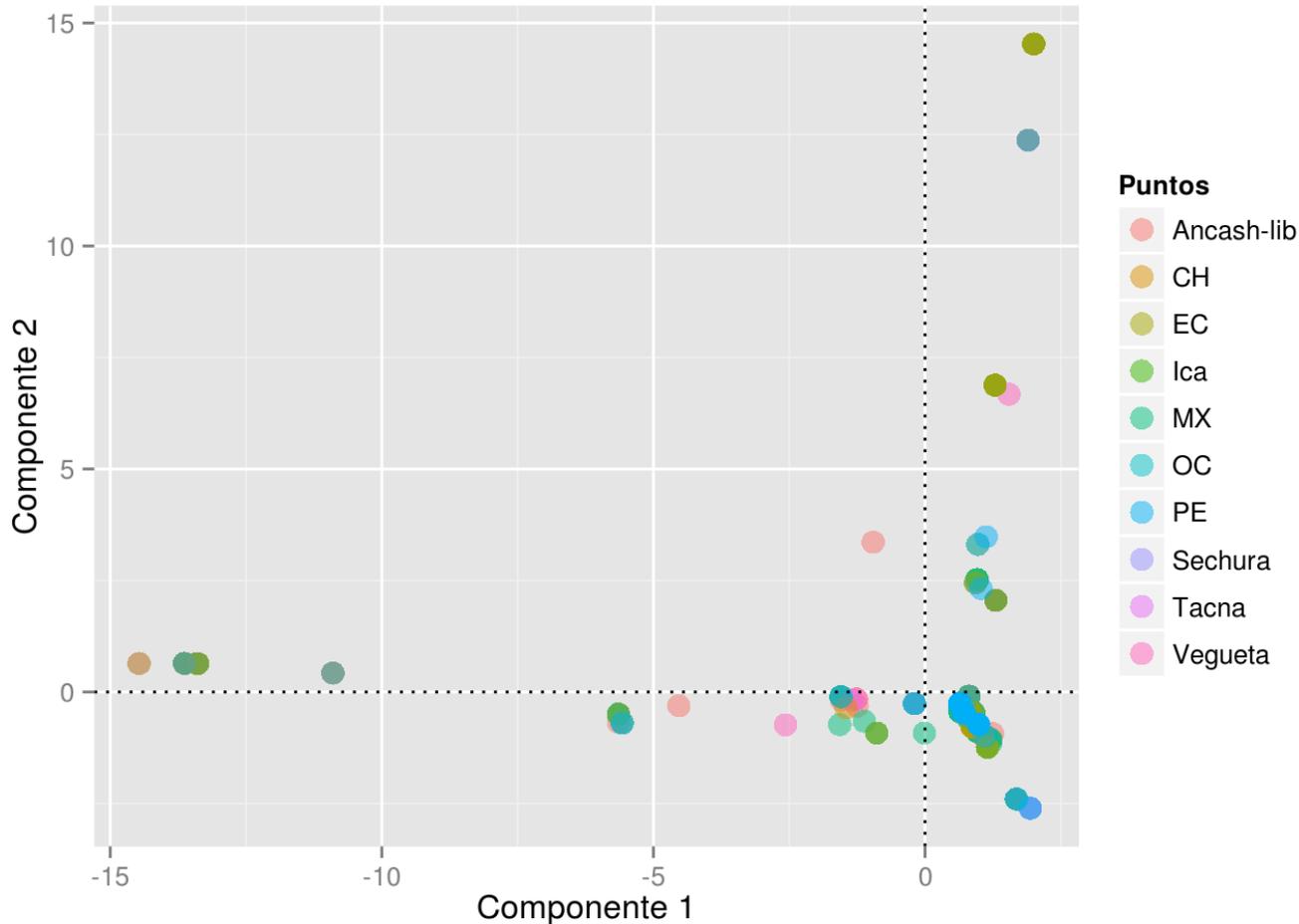




Estructuración poblacional: Análisis de Componentes Principales - PCA

(no va en exposición)

Explica el 8,9% de la variabilidad



No hay una «clusterización» aparente de las poblaciones

Explica el 15,2% de la variabilidad



Estructuración poblacional: Φ_{st}

(esto no iría en la exposición)

	Ancash-libertad	Sechura	Vegueta	Ica Sur	Tacna	México	Oceánicas	Chiapas	Ecuador	Perú
Ancash-libertad	*	1.000	1.000	0.988	1.000	0.745	0.942	1.000	0.942	0.689
Sechura	-0,051	*	1.000	1.000	1.000	0.999	0.991	1.000	0.991	0.998
Vegueta	-0,039	-0,070	*	0.771	1.000	0.905	0.943	1.000	0.943	1.000
Ica Sur	-0,011	-0,025	-0,005	*	1.000	1.000	1.000	0.988	1.000	0.978
Tacna	-0,027	-0,044	-0,030	-0,024	*	1.000	1.000	1.000	1.000	0.983
México	-0,004	-0,019	-0,010	-0,011	-0,021	*	1.000	0.968	1.000	0.929
Oceánicas	-0,012	-0,023	-0,018	-0,023	-0,030	-0,015	*	0.949	1.000	1.000
Chiapas	-0,024	-0,050	-0,046	-0,014	-0,022	-0,010	-0,012	*	0.949	0.931
Ecuador	-0,012	-0,023	-0,018	-0,023	-0,030	-0,015	-0,043	-0,012	*	1
Perú	-0,006	-0,030	-0,023	-0,018	-0,025	-0,011	-0,024	-0,014	-0,024	*

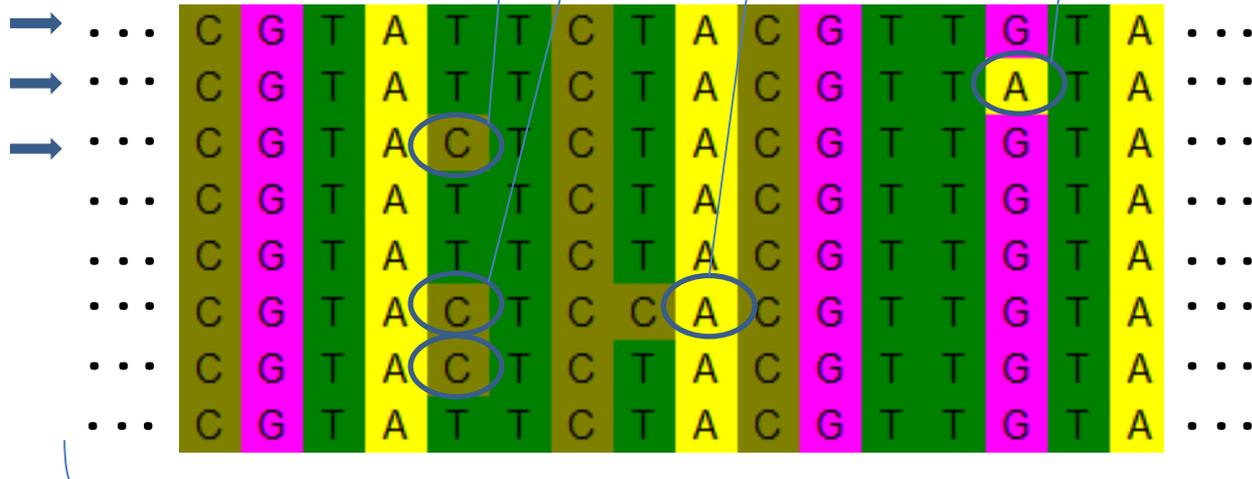


Diversidad

(esto no va en la exposición)

Sitio polimórfico

Individuo 1
Individuo 2
Individuo 3



Haplotipo 1
Haplotipo 2
Haplotipo 3
Haplotipo 1
Haplotipo 1
Haplotipo 4

750 bases nitrogenadas del gen mitocondrial NADH1

556
individuos
analizados

148
haplotipos
encontrados



Señal filogeográfica

(esto no va en la exposición)

