

**Informe final\* del Proyecto G008**  
**Genética y taxonomía de los robalos (Centropomus spp) del Gof de California, México**

**Responsable:** Dr. Albert Maurits van der Heiden Joris  
**Institución:** Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C.  
Unidad Mazatlán en Acuicultura y Manejo Ambiental  
**Dirección:** Av Sábalo Cerritos s/n Estero del Yugo, Mazatlán, Sin, 82010 , México  
**Correo electrónico:** [albert@ciad.mx](mailto:albert@ciad.mx)  
**Teléfono/Fax:** Tel: 01(66)9988 0157 ext 247, 01(66)9988 0158 ext 247 Fax: 01(66)9988 0159  
**Fecha de inicio:** Agosto 15, 1995  
**Fecha de término:** Enero 4, 2000  
**Principales resultados:** Base de datos, Informe final  
**Forma de citar\*\* el informe final y otros resultados:** Van der Heiden, A. M., Ruiz Guerrero, M. y A. Abreu Grobois. 1998. Genética y taxonomía de los robalos (Centropomus spp) del golfo de California, México. Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C. Unidad Mazatlán en Acuicultura y Manejo Ambiental. **Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. G008.** México, D.F.

**Resumen:**

Con la finalidad de resolver la problemática taxonómica de los robalos del Golfo de California originada por las descripciones poco convincentes y ambiguas, se realizó un análisis morfológico, merístico y cualitativo (coloración) de 214 individuos pertenecientes a cuatro especies: Centropomus robalito, C. medius, C. viridis y C. nigrescens. Si bien ha sido reportada para el área una quinta especie, C. armatus, la presencia de ésta no pudo ser corroborada aún después de haber revisado especímenes catalogados como tal en colecciones de referencia de la región. Para complementar el presente estudio se caracterizaron genéticamente las cuatro especies colectadas con base en un total de 370 individuos mediante el análisis de los polimorfismos de los fragmentos de restricción examinándose la variación en el ADN mitocondrial. El presente trabajo permitió la separación interespecífica a nivel molecular con las enzimas RsaI y HinfI. Se aportan además combinaciones de un mayor número de caracteres diagnósticos, como son el número de radios blandos dorsales y de branquiespinas, diámetro de la órbita, distancia entre inserciones de la primera aleta dorsal y la aleta anal, distancia del hocico al hueso supraoccipital, longitud de la maxila, aletas y segunda espina anal, así como de la coloración. Dichas combinaciones de caracteres permitieron elaborar una clave dicotómica mediante la cual se logra distinguir inequívocamente entre las especies. Se elaboró además una base de datos en FoxPro vers. 2.6 para Windows, compuesta de 50 campos con 91 registros (incluyendo información sobre el material tipo de C. medius y C. nigrescens) acerca de 5 especies de robalo (C. robalito, C. medius, C. viridis, C. nigrescens y C. unionensis) provenientes de 29 localidades de muestreo diferentes y 69 fechas distintas.

- 
- \* El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en [www.conabio.gob.mx](http://www.conabio.gob.mx)
  - \*\* El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.

**PROYECTO**

**GENÉTICA Y TAXONOMÍA DE LOS RÓBALOS  
(*CENTROPOMUS* SPP.) DEL GOLFO DE  
CALIFORNIA, MÉXICO**

**CONABIO (G008)**

**INFORME FINAL (SEGUNDA PARTE: GENÉTICA)**

JULIO DE 1999

Responsable:

Dr. Albert M. van der Heiden  
Laboratorio de Ictiología y Biodiversidad  
Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C.  
Unidad Mazatlán en Acuicultura y Manejo Ambiental Av.  
Sábalo-Cerritos s/n  
"Estero del Yugo"  
C. P. 82010 Apartado Postal 711  
Mazatlán, Sin.

Tel. (69) 88-01-57/58 ext. 127  
Fax. (69) 88-01-59  
e-mail: avdhj@servidor.unam.mx  
e-mail: albert@victoria.ciad.mx

# GENÉTICA Y TAXONOMÍA DE LOS RÓBALOS (*Centropomus* spp.) DEL GOLFO DE CALIFORNIA, MEXICO INFORME FINAL (SEGUNDA PARTE: GENÉTICA)

## 1. ÁREAS DE CONOCIMIENTO

Por ser de carácter interdisciplinario, el presente proyecto está relacionado tanto con el área de taxonomía-biogeografía como de ecología-genética.

## 2. DURACIÓN DEL PROYECTO

El proyecto G008/95 "Genética y taxonomía de los róbalo (*Centropomus* spp.) del Golfo de California, México" se inició oficialmente el día 1° de septiembre de 1995 y finalizó el 1° de julio 1999 (período que comprende un total de 46 meses).

## 3. PERSONAL PARTICIPANTE

*Responsables del proyecto:*

- **Dr. Albert M. van der Heiden J.**, Investigador titular "C" en el Laboratorio de ictiología y Biodiversidad de la Unidad Mazatlán del CIAD, responsable de la parte taxonómica del proyecto.
- **Dr. Alberto Abreu Grobois**, Investigador asociado "C", T.C. en el Laboratorio de Genética de la Estación Mazatlán, ICMYL-UNAM, responsable de la parte genética del proyecto.

*Técnico del proyecto:*

- **Biól. Marcela Ruiz Guerrero**, colaborador en la realización de todos los aspectos del proyecto desde el inicio del mismo y hasta la fecha. Fue contratada inicialmente con recursos financieros del proyecto durante el periodo septiembre 1995 - diciembre de 1996. y posteriormente con recursos propios de la Unidad.

## 4. OBJETIVOS DEL PROYECTO

### 4.1. Objetivo General

Caracterizar taxonómica- y genéticamente a las especies del género *Centropomus* del Golfo de California, con el fin de aclarar la sistemática de éstas y definir las poblaciones de las mismas en el área de estudio.

### 4.2. Objetivos particulares

- Esclarecer las ambigüedades existentes en la taxonomía de las cinco especies del género *Centropomus* registradas en el Golfo de California: *C. armatus*, *C. medius*, *C. nigrescens*, *C. robalito* y *C. viridis*.
- Describir la variabilidad fenética de cada una de las especies por medio de métodos tradicionales (morfometría y merística) y analíticos (análisis multivariado de componentes principales).
- Seleccionar las variables morfológicas que permitan discriminar las especies.
- Caracterizar a cada especie y a sus distintas poblaciones por medio de un análisis de la composición genética mitocondrial.
- Hacer recomendaciones sobre el manejo óptimo de las poblaciones naturales con base en la identificación de las unidades genéticas (unidades demográficas reproductivamente aisladas) de cada especie, su ubicación geográfica en el área de estudio y el grado de migración detectado.
- Identificar las poblaciones con mayor variabilidad genética que podrían ser recomendadas como pie de cría para futuros programas de aprovechamiento acuicultural.

## 5. ANTECEDENTES

Para el Pacífico Este han sido reportadas 6 especies de róbalo, *Centropomus armatus* Gill, 1863, *C. medius* Günther, 1864, *C. nigrescens* Günther, 1864, *C. robalito* Jordan y Gilbert, 1882, *C. viridis* Lockington, 1877, y *C. unionensis* Bocourt, 1868. Todas estas especies ocurren en el Golfo de California con excepción de la última cuya distribución se encuentra restringida entre El Salvador y el norte de Perú (Rivas, 1986; van der Heiden y Findley, 1988).

La mayoría de las especies de róbalo se parecen mucho entre sí. En cuanto a las especies del Golfo de California, sobre todo sigue existiendo una gran confusión acerca de la identidad de *C. nigrescens* y *C. viridis*; prueba de ello es que desde que ambas especies fueron descritas, han sido sinonimizadas una y otra vez (Boulenger, 1895; Gilbert y Starks, 1904; Castro-Aguirre, 1978). A pesar de contar con una revisión taxonómica reciente del género *Centropomus* (Rivas, 1986), la separación de las dos especies mencionadas sigue siendo difícil y poco convincente. La combinación propuesta en este proyecto de un análisis multivariado de caracteres morfométricos y merísticos con la caracterización genética de las especies y sus poblaciones proporcionará una base sólida para la determinación de las especies (Avisé, 1994).

Con respecto a los estudios genéticos de róbalo, no existen antecedentes para las especies del Golfo de California. Sin embargo, en estudios usando especímenes de *Centropomus undecimalis* provenientes de Florida, E.U.A., se ha analizado el DNA mitocondrial con el fin de definir la estructura y diferenciación de las poblaciones de dicha especie (Tringali y Bert, 1996).

## 6. JUSTIFICACIÓN

En México, la producción de róbalo tiene por único origen la pesca ribereña, debido a que el cultivo de estas especies es virtualmente inexistente. Sin embargo, las estadísticas más recientes indican que la producción no satisface la demanda del mercado nacional y que ésta presenta una clara disminución a lo largo del tiempo. Además, la pesca del róbalo es estacional, ya que la afectan las variaciones de la distribución y abundancia del róbalo, existiendo ciertos períodos en los cuales este pez es escaso o inexistente (Anón., 1994).

Las lagunas costeras y esteros del Sur de Sinaloa y Nayarit sostienen una intensa pesca de róbalo que aporta ingresos importantes a las comunidades de la región. No obstante lo intensivo de su captura, se carece de información básica (biología, genética, ecología, parámetros poblacionales, etc.) para diagnosticar el efecto de dicha extracción sobre las poblaciones naturales. La obtención de róbalos para efectuar dichos estudios se ve limitada ya que los pescadores e intermediarios no siempre están dispuestos a ofrecerlos para su venta directa en los campos pesqueros. Tal es el caso de *C. nigrescens* y *C. viridis* que son las especies que alcanzan las mayores tallas de los róbalos del Pacífico y que son bien comercializadas en el mercado nacional. Sin esta información no es posible generar lineamientos que conduzcan a la conservación de estas especies ni al manejo adecuado de su pesquería y/o su cultivo. Cabe resaltar que este último aliviaría la creciente presión pesquera que se ejerce sobre las poblaciones naturales. Por lo tanto, se generarán lineamientos para la conservación de las especies de róbalos con base en el análisis de los datos del proyecto. Por otro lado, la Unidad Mazatlán del CIAD tiene como socios fundadores al Gobierno del Estado de Sinaloa y la Secretaría de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Pesca, entre otros, con los que adquirió el compromiso de transferirles conocimiento generado en nuestros proyectos.

La información adecuada permitiría definir las posibilidades de un uso sustentable de este recurso por parte de cooperativas, particulares o del sector gubernamental. En otras regiones del mundo, (p. ej. en Florida, E.U.A., con *C. undecimalis*), se han desarrollado proyectos para criar juveniles de róbalos bajo condiciones artificiales con el fin de repoblar los estuarios y ríos en donde se practica una pesca deportiva muy activa (Shafland y Koehl, 1979). Asimismo, en Brasil, México, Colombia y Venezuela, se han hecho pruebas de engorda de juveniles en estanques de camarón de varias especies del género *Centropomus*, lo que demuestra que poseen un potencial acuícola importante. Lo anterior ha estimulado a diversas instituciones del país (Anón., op. cit.) a compilar la información existente relevante para el cultivo de róbalo.

Recientemente, el Área de Acuicultura de la Unidad Mazatlán del CIAD ha mostrado interés en generar la biotecnología conducente al cultivo del róbalo, y el presente proyecto representa el inicio formal de dicha línea de investigación. El primer paso para lograr estos objetivos consiste en poder identificar correctamente no solo a las diferentes especies de róbalo de la región sino también a sus respectivas unidades demográficas básicas ("stocks") para conocer la magnitud del intercambio genético que ocurre entre éstas. Los resultados de este proyecto y los trabajos subsecuentes relacionados con el tema impulsarán el desarrollo de la biotecnología de su cultivo la cual además tendrá un papel importante en la conservación de los róbalos a través de la revitalización genética de sus poblaciones naturales.

## 7. MATERIAL Y MÉTODOS

La descripción del análisis biométrico y merístico así como los resultados obtenidos de éste se expusieron en el Informe Final (Primera Parte: Morfometría) del presente proyecto. Asimismo, anexo a la primera parte se entregó la base de datos final del proyecto. En esta segunda parte, "Genética", del Informe Final se desarrolla el análisis genético de las especies recolectadas *Centropomus viridis*, *C. robalito*, *C. nigrescens* y *C. medius*.

### 7.1. Análisis genético

Para caracterizar genéticamente las especies y poblaciones de róbalo se llevó a cabo el análisis de los polimorfismos de los fragmentos de restricción (RFLP) examinándose la variación en el ADN mitocondrial (ADNmt) de los especímenes que fueron recolectados y depositados en la colección de referencia del CIAD. También se incluyeron en este análisis genético tejidos de individuos de talla comercial que no pudieron ser llevados al laboratorio y por lo tanto no fueron considerados en el análisis morfométrico y merístico, sin embargo, fueron identificados con certeza.

Primeramente se efectuó la extracción de ADN total por medio del método tradicional de aislamiento con fenol-cloroformo y precipitación con alcohol. Se tomaron diferentes tejidos tales como hígado (L, liver), corazón (H, heart), gónada (Gn, gonad), músculo somático (M, muscle) y arco branquial (G, gill) aplicando en estos la técnica de Hillis *et al.* (1990), y una porción de la aleta pélvica (F, fin-clip) siguiendo el protocolo de Chapman (com. pers.). También se aisló ADN total de músculo de especímenes fijados en formalina por medio de la técnica de Shedlock *et al.* (1997).

Posteriormente, secciones del ADN mitocondrial fueron amplificadas por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), utilizando cebadores ("primers") específicos. Las regiones amplificadas fueron aquellas para el gen del ARN ribosomal 16S (Chow *et al.*, 1993), que es útil para diferenciar a nivel interespecífico, y la del locus ND-1 y parte del ND-2, que es más eficiente para realizar comparaciones intraespecíficas. A pesar de que los cebadores han sido utilizados anteriormente para ADN proveniente de peces, fue necesario adecuar las condiciones de la reacción en la PCR (cantidad y concentración de los reactivos, temperatura, etc.).

Los productos de la amplificación fueron digeridos con endonucleasas para determinar los polimorfismos en los fragmentos de restricción por medio de electroforesis y tinciones específicas (Hillis *et al.*, 1996). Se utilizaron las siguientes enzimas de restricción que reconocen secuencias de nucleótidos de 4, 5 ó 6 pares de bases: *RsaI*, *CfoI*, *MspI*, *TaqI*, *HaeIII*, *HinfI*, *PvuII*, *AvaII*, *XbaI*, *SacI*, *EcoRV*, *PstI*, *BamHI*, y *ApaI*.

Todas las muestras de los diferentes tejidos, de ADN aislado, de productos PCR, y de productos de las digestiones con las enzimas se mantuvieron en congelación (-20°C).

## 8. RESULTADOS

### 9. 8.1. Diferenciación interespecífica

Se extrajo ADN de un total de 428 muestras de los diferentes tejidos tomados de las cuatro especies. Los resultados obtenidos demostraron que el músculo es el tejido que aporta las mayores cantidades de ADN de acuerdo con el protocolo de aislamiento utilizado, de ahí que la gran mayoría de las muestras correspondan a este tejido (Anexo 1 y 2). Sin embargo, de éstas solo 264 muestras de ADN aislado resultaron de buena calidad mediante el análisis electroforético, las cuales corresponden a 214 peces de las cuatro especies estudiadas y fueron suficientes para ser empleadas a su vez en la amplificación de la región 16S del ADN mitocondrial por medio de la PCR. El número de especímenes (181 en total) de los cuales se obtuvieron buenos productos de la PCR se mencionan en el anexo 3.

Cabe mencionar que el resultado del aislamiento de ADN de tejidos provenientes de especímenes de museo fijados en formol no fue satisfactorio ya que se obtuvo una pequeña cantidad de ADN fragmentado que no permitió la obtención de productos PCR. De igual manera se obtuvieron resultados negativos de la técnica de extracción de ADN de fin-clips.

Se llevaron a cabo las digestiones de productos PCR de las cuatro especies utilizando las 14 enzimas de restricción mencionadas. De las enzimas empleadas, solamente cinco cortan la porción del ADN mitocondrial amplificado (*Rsa* I, *Msp* I, *Cfo* I, *Hinf* I y *Hae* III), el resto deja intacto el material (anexo 4). De las cinco enzimas que realizan cortes, solo dos (*Rsa* I y *Hinf* I) generan fragmentos con información útil para la distinción entre especies. Aún así, con estos resultados, se obtuvieron distintos patrones de bandeo compuesto (anexo 4) que permiten distinguir con certeza entre las especies por medio de este procedimiento. En el anexo 6 se muestran las diferencias de los patrones de bandeo obtenidas con la enzima *Hinf* I, para las cuatro especies de *Centropomus*.

Se llevó a cabo la confirmación de las diferencias observadas entre especies mediante digestiones con las 14 enzimas mencionadas, empleando para ello diez especímenes de cada una de las especies. Los haplotipos compuestos que se obtuvieron se presentan en el anexo 5. La especie *C. medius* presentó dos patrones distintos de corte con la enzima *Hinf* I. La muestra CN-001 de un róbalo piedra (*C. nigrescens*), de manera singular entre las muestras de esta especie, exhibió un patrón de corte con la enzima *Hinf* I igual al observado para la especie *C. viridis*. Este es el único espécimen del cual se obtuvo esta diferencia genotípica y solamente con esta enzima. Cabe mencionar que este róbalo, recolectado en Lag. Agua Brava, Nay., también es el único espécimen dentro de nuestra colección que presentó un conteo excepcional en el número de radios blandos en la segunda aleta dorsal (DR). Se contabilizaron en éste 9 radios, el valor normal en *viridis*, cuando lo común para la especie *nigrescens* son 10.

Esta confirmación sirvió además para seleccionar tres muestras de cada especie para ser purificadas y posteriormente enviadas para su secuenciación al Instituto de Fisiología Celular.

## 8.2. Diferenciación intraespecífica

Para el análisis de la diferenciación intraespecífica, el trabajo se concentró en una de las especies, *C. viridis*. Esta especie fue seleccionada por tener una amplia distribución

geográfica y por ser común. Además alcanza tallas grandes (como el ejemplar más grande de este estudio de 925 mm TL) y es de mayor comercialización, obteniendo precios altos (alrededor de 70 pesos/kg). Por lo tanto, *C. viridis* tiene características muy interesantes y merece ser considerada como una especie con potencial acuícola. Por lo contrario, *C. medius* y *C. robalito* son especies muy chicas que descalifican para el cultivo, mientras que *C. nigrescens*, que alcanza tallas grandes (el ejemplar mas grande colectado para este proyecto fue de 880 mm U) y precios altos (alrededor de 70 pesos/kg), es desafortunadamente poco común por lo que seria difícil conseguir suficientes reproductores, y con la frecuencia requerida para sostener un cultivo.

Se amplificó el segmento de la región control (d-loop) del ADN mitocondrial de los ejemplares de *C. viridis* recolectados en las 3 zonas del Golfo de California. En un análisis experimental preliminar se utilizaron los primers universales para esta región (Hillis *et al.*, 1996):

**Pro-L : 5' CTACCTCCAACCTCCCAAAGC 3'**  
**Phe-H : 5' GTGACTTTTACGGATCTTCT 3'**

en un intento de amplificar dicha región. Sin embargo, ninguna amplificación fue posible probablemente porque estos primers no son adecuados. Se hizo una búsqueda en el GenBank (Anexo 7) y se encontró la secuencia de una especie cercana: *C. undecimalis* (núm. acceso al GenBank: AF037446, de Wilson, R.R. Jr. *et al.*, 1997). Cuando se comparó la alineación de los primers universales con la secuencia del ADNmit, se encontró una adecuada correspondencia con el primero, que se inserta en la región del gen Pro-L:

CTACC CAACTCCC AAAGC <secuencia del primer  
 ctacc caactccc aaagc <sección objeto del ADNmit  
 = posiciones sin correspondencia

En el otro extremo, sin embargo, las diferencias entre las secuencias son significativas por lo cual se podría explicar la infructuosa amplificación:

CTGAAAA CC A <secuencia del primer  
 ctgaaaa cc a <sección objeto del ADNmit

Para el siguiente paso, se mandaron sintetizar nuevos primers diseñados con base en la secuencia de *C. undecimalis*:

**CuProDL-F : AACTCCTACCGTCAACTCCC**  
**CuPheDL-R: CGTCTTAACGGCTTCAGTGT**

Estos primers fueron empleados para amplificar la región control obteniéndose productos positivos de la PCR pero de un bajo peso molecular, se obtuvo un fragmento de 136 bp cuando se esperaba un producto de alrededor de los 800 bp. Aún con este resultado, esta amplificación fue sujeta a digestión con el mismo conjunto de enzimas de restricción. Este análisis se aplicó a un total de 45 róbalo garabato provenientes de las 3 zonas de captura. Solamente la enzima *RsaI* corta la porción de ADN produciendo al menos dos fragmentos visibles, uno de 57 bp y otro de 17 bp (Anexo 8). Sin embargo, no se observó



variación entre haplotipos lo que arroja un resultado negativo para los propósitos aquí descritos.

## 9. ASPECTOS FINANCIEROS Y APOYO ADMINISTRATIVO

El saldo actual del proyecto es de \$ 20,068 pesos. Las compras se realizan en función de las necesidades que surgen en genética. Se adjunta el estado financiero que guarda el proyecto hasta finales de junio de 1999 (Anexo 9).

## 10. UTILIZACIÓN DE LOS DATOS

Se restringe el uso de la información por un período de tres años a partir del inicio del proyecto. Sin embargo, conforme se publiquen los resultados del análisis de ésta, se informará a la CONABIO sobre el levantamiento progresivo de la restricción en el uso de los datos. Cabe aclarar que siempre existe la posibilidad de hacer uso de la información restringida antes de que se levante de manera automática la restricción (después de tres años) o que salga publicada, mediante una solicitud al responsable del proyecto para obtener una autorización por escrito.

## 11. LITERATURA CITADA

- Anónimo. 1994. Convenio SEPESCA-CIBNOR. Desarrollo Científico y Tecnológico del Cultivo de Róbalo. 65 pp.
- Awise, J.C. 1994. Molecular markers. natural history and evolution. Chapman & Hall, New York.
- Bocourt, M.F. 1868. Note sur les poissons percoides appartenant au genre *Centropome*, provenant du Mexique et de l'Amérique centrale. Ann. Sci. Nat. (Zool.), sér. 5, 9: 90-91.
- Boulenger, G.A. 1895. Catalogue of the fishes in the British Museum. Catalogue of the perciform fishes in the British Museum. Second edition. Vol. 1. 1: 1-394.
- Castro-Aguirre, J.L. 1978. Catálogo sistemático de los peces marinos que penetran a las aguas continentales de México con aspectos zoogeográficos y ecológicos. Dir. Gral. del Inst. Nal. de Pesca. Ser. Cient. 19: 1-298.
- Chow. S., M. E. Clarke, and P.J. Walsh. 1993. PCR-RFLP analysis on thirteen western Atlantic snappers (subfamily Lutjanidae): a simple method for species and stock identification. Fish. Bull. 91: 619-627.
- Gilbert, C.H. and E.C. Starks. 1904. The fishes of Panama Bay. Mem. Calif. Acad. Sci. v. 4: 1-304.

- Gill, T.N. 1863. Descriptive enumeration of a collection of fishes from the western coast of Central America, presented to the Smithsonian Institution by Capt. John M. Dow. Proc. Acad. Nat. Sci. Phila. v. 15: 162-174.
- Günther, A. 1864. Report of a collection of fishes made by Messrs. Dow, Godman. and Salvin in Guatemala. Proc. Zool. Soc. Lond. 1864(pt 1): 144-154.
- Hillis, D.M., A. Larson, S.K. Davis and E.A. Zimmer. 1990. Nucleic Acids III: Sequencing. pp. 318-370. *In*: Hillis, D.M. and C. Moritz (eds.). Molecular Systematics. Sinauer Associates, Sunderland. Mass. U.S.A.
- Hillis, D.M., C. Moritz and B.K. Mable (eds.). 1996. Molecular Systematics (2da edición). Sinauer Associates, Sunderland, Mass. U.S.A.
- Jordan, D.S. and C.H. Gilbert 1882. Description of five new species of fishes from Mazatlan. Mexico. Proc. U.S. Natl. Mus. v. 4: 458-463.
- Lockington, W.N. 1877. Notes on California fishes. Proc. California Acad. Sci. 7: 108-110.
- Rivas. L.R. 1986. Systematic Review of the perciform fishes of the genus *Centropomus*. Copeia. 1986 (3): 579-611.
- Shafland. P.L. and D.H. Kochl. 1979. Laboratory rearing of the common snook. Proc. Ann. Conf. S.E. Assoc. Fish & Wild. Agencies 33: 425-431.
- Shedlock, A. M., M.G. Haygood. T.W. Pietsch and P. Bentzen. 1997. Enhanced DNA extraction and PCR amplification of mitochondrial genes from formalin-fixed museum specimens. Biotechniques.
- Tringali. M.D. and T.M. Bert. 1996. The genetic stock structure of common snook (*Centropomus undecimalis*). Can. J. Fish. Aquat. Sci. 53: 974-984.
- van der Heiden, A.M. and L.T. Findley. 1988. Lista de los peces marinos del sur de Sinaloa, México. An. Inst. Cienc. del Mar y Limnol. Univ. Nal. Autón. México, 15(2): 209-224.
- Wilson, R.R. Jr., K.A. Donaldson, M.E. Frischer and T.B. Young. 1997. Mitochondrial DNA control region of common snook and its prospect for use as a genetic "tag". Trans. Am. Fish. Soc. 126, 594-606.

## 12. AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la B.P. María de los Ángeles Herrera Vega (ICMyL-UNAM, Estación Ma7atlán) por el apoyo técnico durante los análisis genéticos. Al Dr. Brian Bowen (Universidad de Florida) por ser el asesor externo de los estudios de genética. Biól. Ernesto Briones (SEMARNAP) por el contacto realizado con los pescadores del campo pesquero el Chirimoyo en Nayarit. Dr. Trevor Telfer (Universidad de Stirling, Escocia)

quien procesó algunos datos iniciales mediante el uso del programa MVSP. Quím. Humberto Bojorquez Ley-va (ICMyL-UNAM, estación Mazatlán) por su valiosa ayuda para la preparación de soluciones químicas y préstamo del equipo del Lab. de Química Marina. M. en C. Claudia Marmolejo (Escuela de Ciencias Marinas. UAS) por su asesoría brindada a inicios del proyecto en el análisis estadístico. M. en C. José Mariscal Romero (Universidad de Guadalajara) por su apoyo para el análisis estadístico de los datos. Sr. Ignacio Ortega (campo pesquero El Ostial) por su cooperación y entusiasmo para la captura de peces. Dr. Lloyd Findley (ITESM-campus Guayanas) y al personal del BM(NH) por permitir la consulta de las respectivas colecciones ictiológicas de estas dos instituciones. Dr. William Bussing (Universidad de Costa Rica) quien hizo una donación especial de especímenes (*C. unionensis*) para la colección ictiológica del CIAD. M. en C. Héctor Plascencia González y el Sr. Felipe Hernández (CIAD-Mazatlán) por la gran ayuda en salidas de colecta en los campos pesqueros del sistema Huizache-Caimanero, Sin. Dr. Eduardo Balart (CIBNOR) por facilitarnos la información del catálogo de la colección del ITLM. Biol. Patricia Sánchez, Biol. Jesús Díaz y Biol. Ernestina Preciado (ITLM) por sus atenciones y facilidades brindadas para la consulta y revisión de la colección ictiológica de esta institución.

### 13. ANEXOS

Se incluye la siguiente información:

- Anexo 1. Número de muestras de ADN aislado de diferentes tejidos de *Centropomus* spp.
- Anexo 2. Relación del número de muestras de tejidos analizadas para aislamiento de ADN por especie y localidad de recolecta del proyecto CONABIO G008/95.
- Anexo 3. Relación del número de especímenes con productos PCR por zona y por especie.
- Anexo 4. Patrones electroforéticos obtenidos de la digestión del ADN, región 16S, con enzimas de restricción para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 5. Variabilidad de haplotipos compuestos obtenidos con las 14 enzimas de restricción.
- Anexo 6. Resultados de la digestión con *Hinf* I para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 7. Análisis de la Secuencia original (*C. undecimalis*) y características de los primers diseñados.
- Anexo 8. Resultados de la digestión de la región control con *Rsa* I de especímenes de *C. viridis*.
- Anexo 9. Estado financiero del proyecto.

## A n e x o 1

### Número de muestras de ADN aislado de diferentes tejidos de *Centropomus spp.*

ESPECIE	F	G	H	L	M	Gn	TOTAL
<i>Centropomus robalito</i>	25	3	0	0	131	0	159
<i>Centropomus viridis</i>	8	1	4	2	92	0	107
<i>Centropomus nigrescens</i>	1	0	0	0	29	0	30
<i>Centropomus medius</i>	14	7	7	7	90	7	132
<b>TOTAL</b>	48	11	11	9	342	7	428

F=finclip, porción de aleta

pélvica

G=gill, branquia

H=heart, corazón,

L=liver, hígado

M=muscle, músculo

Gn=gonad, gónada

# Anexo 2

Relación del número de muestras de tejidos analizadas para aislamiento de ADN por especie y localidad de recolecta del proyecto CONABIO G008/95

ESPECIE	LOCALIDAD	TEJIDOS					
		G	H	L	M	Gn	F
<i>Centropomus medius</i>	Bahía Bacoichampo. Son.	0	0	0	2	0	0
	Estero El Rancho. Las Guásimas, Son.	0	0	0	4	0	0
	Estero Tortuga. Las Guásimas, Son.	0	0	0	1	0	1
	Cercanías de Culiacán, Sin.	0	0	0	8	0	1
	Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.	7	7	7	64	7	12
	Teacapán. Sin.	0	0	0	4	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	0	0	3	0	0
	San Blas. Nay.	0	0	0	4	0	0
	Chiapam, Guatemala*	0	0	0	0	0	0
<i>Centropomus robalito</i>	San José de Guaymas, Son.	0	0	0	0	0	0
	Estero Tortuga-río Muerto, Son.	0	0	0	7	0	7
	Desembocadura río Yaqui, Son.	0	0	0	0	0	0
	Arroyo Tojahui, Huatabampo, Son.	0	0	0	5	0	0
	Bahía Topolobampo, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Cerro Cabezón, bahía Navachiste, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Bahía Santa María, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Zona Mármol-Piaxtla. Sin.	0	0	0	6	0	0
	Frente a Mazatlán. Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo Botadero. lag. Huizache-Caimanero. Sin.	0	0	0	0	0	0
	Tapo el Ostial, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Tapo Caimanero, lag. Huizache-Caimanero, Chametla, Sin.	3	0	0	68	0	17
	Huerta de Escutia, cerca de Teacapán, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	0	0	32	0	1
	San Blas, Nay.	0	0	0	12	0	0
	<i>Centropomus viridis</i>	Guaymas, Son.	0	0	0	1	0
Estero Miramar, Guaymas, Son.		0	0	0	0	0	0
Bahía Bacoichampo, Son.		0	0	0	1	0	0
Estero Tortuga. Son.		0	0	0	1	0	1
Arroyo Tojahui, Huatabampo, Son.		0	0	0	0	0	0
Bahía Topolobampo, Sin.		0	0	0	0	0	0
Cercanías de Culiacán, Sin.		1	0	0	7	0	3
Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.		0	0	0	3	0	2
<i>Centropomus viridis</i>	Cercanías de Mazatlán. Sin.	0	0	0	4	0	0
	Boca estero del Yugo. playa Brujas, Mazatlán,	0	0	0	8	0	0
	Frente al río Presidio, Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo Botadero, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo el Ostial, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	3	0	0
	Teacapán, Sin.	0	0	0	2	0	0
	Laguna Agua Brava. Nay.	0	4	2	57	0	2
	San Blas, Nay.	0	0	0	3	0	0
<i>Centropomus nigrescens</i>	Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.	0	0	0	3	0	1
	Tapo Caimanero, lag. Huizache-Caimanero. Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo el Ostial, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	2	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	0	0	23	0	0
	Chiapam, Guatemala *	0	0	0	0	0	0
<i>Centropomus unionensis</i>	Puntarenas. Costa Rica	0	0	0	0	0	0
	Guanacaste, Costa Rica	0	0	0	0	0	0
<b>TOTAL: 5 especies</b>	29 localidades	11	11	9	342	7	48

## Anexo 3

**Relación del número de róbalos con productos PCR adecuados,  
por zona y por especie**

### **Amplificación por PCR, región 16S**

ZONA DE CAPTURA	ESPECIE	NUMERO DE ESPECIMENES	TOTAL
NORTE	CM	4	12
	CN	0	
	CR	6	
	CV	2	
CENTRO	CM	38	94
	CN	2	
	CR	26	
	CV	25	
SUR	CM	4	75
	CN	20	
	CR	23	
	CV	28	

Total : 181

**Patrones electroforéticos obtenidos de la digestión de ADN, región 16S, con enzimas de restricción para cuatro especies de *Centropomus***

Especie	Enzima de restricción														genotipo compuesto de RFLP's de ADNmit
	<i>Rsa</i> I	<i>Msp</i> I	<i>Cfo</i> I	<i>Hinf</i> I	<i>Hae</i> III	<i>Xba</i> I	<i>Pst</i> I	<i>Pvu</i> II	<i>Apa</i> I	<i>Ava</i> II	<i>Sac</i> I	<i>Bam</i> HI	<i>EcoRV</i>	<i>Taq</i> I	
<i>C. medius</i>	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A A A A A A A A A A
<i>C. nigrescens</i>	B	D	E	G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B D E G J A A A A A A A A A
<i>C. robalito</i>	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A	C D E H J A A A A A A A A A
<i>C. viridis</i>	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A D E I J A A A A A A A A A

Patrón	Longitudes de los fragmentos
	~651 bp
	345 bp, 304 bp
	383 bp, 279 bp
	489 bp, 184 bp
	540 bp, 145 bp
	585 bp, 78* bp
	367bp, 219bp
	235 bp, 127 bp, 98 bp, 72 bp, 43 bp
	386 bp, 259 bp
	574 bp, 77* bp

\* fragmento no visible en geles de agarosa

# Anexo 5 Variabilidad de haplotipos compuestos obtenidos con las 14 enzimas de restricción

<i>Rsa</i> I	<i>Msp</i> I	<i>Cfo</i> I	<i>Hinf</i> I	<i>Hae</i> III	<i>Xba</i> I	<i>Pst</i> I	<i>Pvu</i> II	<i>Apa</i> I	<i>Ava</i> II	<i>Sac</i> I	<i>Bam</i> H	<i>Eco</i> RV	<i>Taq</i> I
--------------	--------------	--------------	---------------	----------------	--------------	--------------	---------------	--------------	---------------	--------------	--------------	---------------	--------------

## *Centropomus medius*

CM-067R	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A		A	A	A
CM-100	A	D	E	F	J	A								A
CM-064R	A	D	E	A	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CM-093	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CM-098	A	D	E	A	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CM-101	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CM-070R	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CM-089A	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CM-090A	A	D	E	F	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A

## *Centropomus nigrescens*

CN-026	B	D	E	G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CN-027	B	D	E	G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CN-028	B	D	E	G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CN-029	B	D	E	G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CN-001		D	E	I	J	A	A	A	A	A		A	A	A
CN-007	B	D		G	J		A		A		A	A	A	
CN-009	B	D		G	J		A	A	A			A	A	
CN-013	B	D		G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CN-017		D	E	G	J	A	A	A	A	A		A	A	A
CN-019	B	D	E	G	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A

## *Centropomus robalito*

CR-098	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-100	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-101	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-063R	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-104	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-106	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-052R	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-056R	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-088	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CR-091A	C	D	E	H	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A

## *Centropomus viridis*

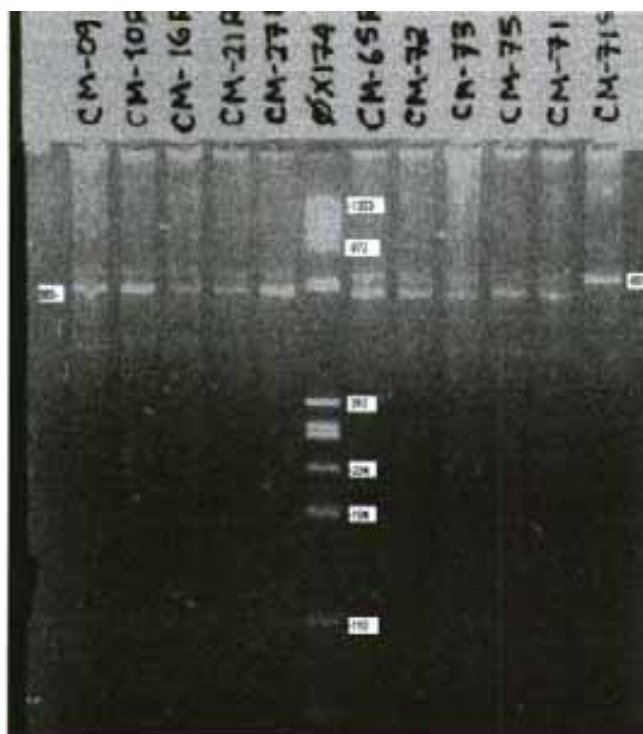
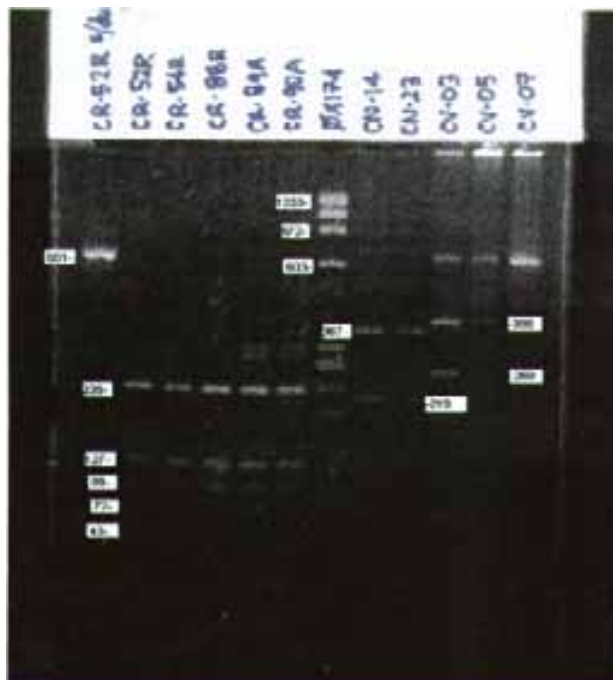
CV-064		D	E	I	J	A								A
CV-089	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	
CV-084	A	D		I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	
CV-091	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CV-095	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CV-096	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CV-101	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CV-104	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CV-005	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A
CV-088	A	D	E	I	J	A	A	A	A	A	A	A	A	A

  Digestiones que no funcionaron



## Anexo 6

Resultados de la digestión con *Hinf* I para cuatro especies de *Centropomus*



Los patrones de restricción que distinguen entre las especies fueron caracterizados por los tamaños de los fragmentos producidos por la enzima de restricción:

<u>especie</u>	<u>fragmentos producidos</u> (valores de tamaño en bp)
<i>Centropomus medius</i> (CM):	585 / 78
<i>Centropomus nigrescens</i> (CN):	367 / 219
<i>Centropomus robalito</i> (CR):	235 / 127 / 98 / 72 / 43
<i>Centropomus viridis</i> (CV):	386 / 259

## Anexo 7

Análisis de la Secuencia original (*C. undecimalis*)

Secuencia base de: 1124 bases

A - 422 (37.54%) C - 249 (22.15%) G - 123 (10.94%) T - 330 (29.36%) N - 0 ( 0.00%)

```

1  AGGAGACTCT AACTCCTACC GTCAACTCCC AAAGCTAACA TTCTATTTAA ACTATTCTCT
   |||||
   TCCTCTGAGA TTGAGGATGG CAGTTGAGGG TTTTCGATTGT AAGATAAATT TGATAAGAGA

61  GATTATACAT TCTATGTATA ATCACCATAT ATATATGTAA GTTATACATT CTATGTATAA
   |||||
   CTAATATGTA AGATACATAT TAGTGGTATA TATATACATT CAATATGTAA GATACATATT

121  TCACCATATA TATATGTAAG TTATACATTC TATGTATAAT CACCATATAT ATATGTAAGT
   |||||
   AGTGGTATAT ATATACATTC AATATGTAAG ATACATATTA GTGGTATATA TATACATTCA

181  TATACATTCT ATGTATAATC ACCATATATA TATGTAAGTT ATACATTCTA TGTATAATCA
   |||||
   ATATGTAAGA TACATATTAG TGGTATATAT ATACATTCAA TATGTAAGAT ACATATTAGT

241  CCATATATAT ATGTAAGTTA TACATTCTAT GTATAATCAC CATATATATA TGTAAGTTAT
   |||||
   GGTATATATA TACATTCAAT ATGTAAGATA CATATTAGTG GTATATATAT ACATTC AATA

301  ACATTCATG TATAATCACC ATATATATAT GTAAGTTATA CATTCTATGT ATAATCACCA
   |||||
   TGTAAGATAC ATATTAGTGG TATATATATA CATTCAATAT GTAAGATACA TATTAGTGGT

361  CGTTACATAA CAGAGAGACC CCCAAATAAA TGATACTAGC GCATAAACGT TGG AATAAAT
   |||||
   GCAATGTATT GTCTCTCTGG GGGTTTATTT ACTATGATCG CGTATTGCA ACCTTATTTA

421  CAAAGGCTAG GAAACACTCA AACCCCCAAA TCAACCTCAA TAACACATAC GTGTATACAC
   |||||
   GTTTCCGATC CTTTGTGAGT TTGGGGGTTT AGTTGGAGTT ATTGTGTATG CACATATGTG

481  ACTTTTGCAA ATTTTAAGTA TAGGTGGAAA CCATGAGAAT GTGTTACCTG ACATGCC TAG
   |||||
   TGAAAACGTT TAAAATTCAT ATCCACCTTT GGTACTCTTA CACAATGGAC TGTACGGATC

541  CATTATTTCC AGAGGGCAGT TTGTTGTCTC TTATTTTTTTA GTTTCTCTTT CATCATACAT
   |||||
   GTAATAAAGG TCTCCCGTCA AACCAACAGAG AATAAAAAAT CAAAGAGAAA GTAGTATGTA

601  AAAAAAGGAA TCAACAATAA AATAACAAGG CAGTACATAT GTTTAATGTT CGATTTTACA
   |||||
   TTTTTTCCTT AGTTGTTATT TTATTGTTCC GTCATGTATA CAAATTACAA GCTAAAATGT

661  TACCTGCATC TAAATACATA ATTACCGGGA AACCTAACAT ATGAAAATAT ATATCAACTA
   |||||
   ATGGACGTAG ATTTATGTAT TAATGGCCCT TTGGATTGTA TACTTTTATA TATAGTTGAT

```

```

721  TTACACAAGT AAATACCATA ATACTTACAC CCACGGTTTC TGCGCGTAAA ACCCCCCCTA
      |||||
      AATGTGTTCA TTTATGGTAT TATGAATGTG GGTGCCAAAG ACGCGCATT TGGGGGGGAT

781  CCCCCCGGA CTCCTAGGAT CCTTTAAAAC TTCTGAAAAC CCCAAAACAG AAGAAATCAC
      |||||
      GGGGGGGCCT GAGGATCCTA GAAAATTTTG AAGACTTTTG GGGTTTTGTC TTCTTTAGTG

841  TAGCATCCAG TATTAAAACC CAAATATTTT ACTCTTCTTA TAACCTCAA AACACGCACC
      |||||
      ATCGTAGGTC ATAATTTTGG GTTTATAAAA TGAGAAAGAT ATTGGAGTTT TTGTGCGTGG

901  CACCCACCAT AAATCCCAA AATTTACATT CCCCTTAAAA TCACTAATAC TCACTAAAAA
      |||||
      GTGGGTGGTA TTTAGGGTAT TTAAAGTGAA GGGGAATTTT AGTGATTATG AGTGATTTTT

961  CAAGAAATCC CCTAGCATAT TGGATTCTCC GAAGACCCAC CCTAGCAGAC AAAGAACACA
      |||||
      GTTCTTTAGG GGATCGTATA ACCTAAGAGG CTTCTGGGTG GGATCGTCTG TTTCTTGTGT

1021 GGAATATTTG AACAAATATT GTCACAAAAT CTCCTTTGCC AGCATAGCTT AGCAACAAAG
      |||||
      CCTTATAAAC TTGTTTATAA CAGTGTTTTA GAGGAAACGG TCGTATCGAA TCGTTGTTTC

1081 CGTAAACTG AAGCCGTTAA GACGGGCCCT TAAAAGCCCT GCAG
      |||||
      GCATTGTGAC TTCGGCAATT CTGCCCGGA ATTTTCGGGA CGTC

```

## Análisis y características de los primers diseñados:

Forward Primer	
AACTCCTACCGTCAACTCCC	
A - 5 (25.00%)	C - 10 (50.00%)
G - 1 ( 5.00%)	T - 4 (20.00%)
N - 0 (0.00%)	
Coordinates:	11 .. 30
$T_m$	
Nearest Neighbor $T_m$ ( <i>standard</i> ):	58.11 °C
%GC Method $T_m$ :	53.83°C
$2(A+T) + 4(G+C) T_m$ :	62.00°C

Reverse Primer	
CGTCTTAACGGCTTCAGTGT	
A - 3 (15.00%)	C - 5 (25.00%)
G - 5 (25.00%)	T - 7 (35.00%)
N - 0 (0.00%)	
Coordinates:	1104 .. 1085
$T_m$	
Nearest Neighbor $T_m$ ( <i>standard</i> ):	58.04°C
%GC Method $T_m$ :	51.78°C
$2(A+T) + 4(G+C) T_m$ :	60.00°C

**Contexto de los primers con respecto a la secuencia original:**

```

1  AGGAGACTCT AACTCCTACC GTCAACTCCC AAAGCTAACA TTCTATTTAA ACTATTCTCT
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   TCCTCTGAGA TTGAGGATGG CAGTTGAGGG TTTTCGATTGT AAGATAAATT TGATAAGAGA

61  GATTATACAT TCTATGTATA ATCACCATAT ATATATGTAA GTTATACATT CTATGTATAA
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   CTAATATGTA AGATACATAT TAGTGGTATA TATATACATT CAATATGTAA GATACATATT

121 TCACCATATA TATATGTAAG TTATACATTC TATGTATAAT CACCATATAT ATATGTAAGT
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   AGTGGTATAT ATATACATTC AATATGTAAG ATACATATTA GTGGTATATA TATACATTCA

181 TATACATTCT ATGTATAATC ACCATATATA TATGTAAGTT ATACATTCTA TGTATAATCA
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   ATATGTAAGA TACATATTAG TGGTATATAT ATACATTCAA TATGTAAGAT ACATATTAGT

241 CCATATATAT ATGTAAGTTA TACATTCTAT GTATAATCAC CATATATATA TGTAAGTTAT
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   GGTATATATA TACATTCAAT ATGTAAGATA CATATTAGTG GTATATATAT ACATTCAATA

301 ACATTCTATG TATAATCACC ATATATATAT GTAAGTTATA CATTCTATGT ATAATCACCA
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   TGTAAGATAC ATATTAGTGG TATATATATA CATTCAATAT GTAAGATACA TATTAGTGGT

361 CGTTACATAA CAGAGAGACC CCCAAATAAA TGATACTAGC GCATAAACGT TGGAATAAAT
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   GCAATGTATT GTCTCTCTGG GGGTTTATTT ACTATGATCG CGTATTTGCA ACCTTATTTA

421 CAAAGGCTAG GAAACACTCA AACCCCCAAA TCAACCTCAA TAACACATAC GTGTATACAC
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   GTTTCCGATC CTTTGTGAGT TTGGGGGTTT AGTTGGAGTT ATTGTGTATG CACATATGTG

481 ACTTTTGCAA ATTTTAAGTA TAGGTGGAAA CCATGAGAAT GTGTTACCTG ACATGCCTAG
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   TGAAAACGTT TAAAATTCAT ATCCACCTTT GGTACTCTTA CACAATGGAC TGTACGGATC

541 CATTATTTCC AGAGGGCAGT TTGTTGTCTC TTATTTTTTTA GTTTCTCTTT CATCATACAT
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   GTAATAAAGG TCTCCCGTCA AACAACAGAG AATAAAAAAT CAAAGAGAAA GTAGTATGTA

601 AAAAAAGGAA TCAACAATAA AATAACAAGG CAGTACATAT GTTTAATGTT CGATTTTACA
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   TTTTTTCCTT AGTTGTTAT TTTATTGTTCC GTCATGTATA CAAATTACAA GCTAAAATGT

661 TACCTGCATC TAAATACATA ATTACCGGGA AACCTAACAT ATGTACATAT ATATCAACTA
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   ATGGACGTAG ATTTATGTAT TAATGGCCCT TTGGATTGTA TACTTTTATA TATAGTTGAT

721 TTACACAAGT AAATACCATA AACTTTACAC CCACGGTTTC TGCGCGTAAA ACCCCCCCTA
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   AATGTGTTCA TTTATGGTAT TATGAATGTG GGTGCCAAAG ACGCGCATTT TGGGGGGGAT

781 CCCCCCGGGA CTCCTAGGAT CTTTTAAAAC TTCTGAAAAC CCCAAAACAG AAGAAATCAC
   |||         |||         |||         |||         |||         |||
   GGGGGGGCCT GAGGATCCTA GAAAATTTTG AAGACTTTTG GGGTTTTGTC TTCTTTAGTG

```

```

841 TAGCATCCAG TATTA AACCC CAAATATTTT ACTCTTTCTA TAACCTCAAA AACACGCACC
    |||||      |||||      |||||      |||||      |||||      |||||
    ATCGTAGGTC ATAATTTTGG GTTTATAAAA TGAGAAAAGAT ATTGGAGTTT TTGTGCGTGG

901 CACCCACCAT AAATCCCAA AATTTCACTT CCCCTTAAAA TCACTAATAC TCACTAAAAA
    |||||      |||||      |||||      |||||      |||||      |||||
    GTGGGTGGTA TTTAGGGTTT TTAAAGTGAA GGGGAATTTT AGTGATTATG AGTGATTTTT

961 CAAGAAATCC CCTAGCATAT TGGATTCTCC GAAGACCCAC CCTAGCAGAC AAAGAACACA
    |||||      |||||      |||||      |||||      |||||      |||||
    GTTCTTTAGG GGATCGTATA ACCTAAGAGG CTTCTGGGTG GGATCGTCTG TTTCTTGTGT

1021 GGAATATTTG AACAAATATT GTCACAAAAT CTCCTTTGCC AGCATAGCTT AGCAACAAAG
    |||||      |||||      |||||      |||||      |||||      |||||
    CCTTATAAAC TTGTTTATAA CAGTGTTTTA GAGGAAACGG TCGTATCGAA TCGTTGTTTC

1081 CGTAAACTG AAGCCGTAA GACGGGCCCT TAAAAGCCCT GCAG
    |||||      |||||      |||||      |||||      |||||
    GCATGTGAC TTCGCAATT CTGCCGGGA ATTTTCGGGA CGTC
  
```

Forward Primer	Reverse Primer
<b>Hairpin Analysis</b>	
Primers may fold and anneal against themselves. A likely folding scenario is displayed below.	
5' ----- <b>AACTCCTACC</b> 3'    3' <b>CCCTCAACTG</b> 5'	5' --- <b>CGTCTTAACG</b> 3'   3' <b>TGTGACTTCG</b> -- 5'
<b>Primer-Dimer Analysis</b>	
Primers may anneal with other copies of themselves_ Below is a candidate alignment.	
5' ----- <b>AACTCCTACCGTCAACTCCC</b> 3'               3' <b>CCCTCAACTGC</b> --- <b>CATCCTC</b> -- <b>AA</b> 5'	5' ----- <b>CGTCTTAACGGCTTCAGTGT</b> 3'                                    3' <b>TGTGACTTCGGCAATTCTGC</b> ----- 5'
<b>Primer Pair Similarity</b>	
Forward primers may anneal with with reverse primers. A likely alignment is shown below.	
5' ----- <b>AACTCCTACCGTCAACTCCC</b> 3'                           3' <b>CGTCTTAACGGCTTCAGTGT</b> ----- 5'	

# Análisis del Producto de PCR esperado:

PCR Product Length: 1094 bases (11 .. 1104)

A - 414 (37.84%) C - 240 (21.94%) G - 115 (10.51%) T - 325 (29.71%) N - 0 ( 0.00%)

```

AGGAGACTCT AACTCCTACC GTCAACTCCC AAAGCTAACA TTCTATTTAA ACTATTCTCT
|||||      |||||      |||||      |||||      |||||      |||||
TCCTCTGAGA TTGAGGATGG CAGTTGAGGG TTTCGATTGT AAGATAAATT TGATAAGAGA
  
```

61 GATTATACAT TCTATGTATA ATCACCATAT ATATATGTAA GTTATACATT CTATGTATAA  
|||  
CTAATATGTA AGATACATAT TAGTGGTATA TATATACATT CAATATGTAA GATACATATT

121 TCACCATATA TATATGTAAG TTATACATTC TATGTATAAT CACCATATAT ATATGTAAGT  
|||  
AGTGGTATAT ATATACATTC AATATGTAAG ATACATATTA GTGGTATATA TATACATTC A

181 TATACATTCCT ATGTATAATC ACCATATATA TATGTAAGTT ATACATTCTA TGTATAATCA  
|||  
ATATGTAAGA TACATATTAG TGGTATATAT ATACATTCAA TATGTAAGAT ACATATTAGT

241 CCATATATAT ATGTAAGTTA TACATTCCTAT GTATAATCAC CATATATATA TGTAAAGTTAT  
|||  
GGTATATATA TACATTC AAT ATGTAAGATA CATATTAGTG GTATATATAT ACATTC AATA

301 ACATTCCTATG TATAATCACC ATATATATAT GTAAGTTATA CATTCTATGT ATAATCACCA  
|||  
TGTAAGATAC ATATTAGTGG TATATATATA CATTCAATAT GTAAGATACA TATTAGTGGT

361 CGTTACATAA CAGAGAGACC CCCAAATAAA TGATACTAGC GCATAAACGT TGG AATAAAT  
|||  
GCAATGTATT GTCTCTCTGG GGGTTTATTT ACTATGATCG CGTATTTGCA ACCTTATTTA

421 CAAAGGCTAG GAAACACTCA AACCCCAAAA TCAACCTCAA TAACACATAC GTGTATACAC  
|||  
GTTTCCGATC CTTTGTGAGT TTGGGGTTT AGTTGGAGTT ATTGTGTATG CACATATGTG

481 ACTTTTGCAA ATTTTAAGTA TAGGTGGAAA CCATGAGAAT GTGTTACCTG ACATGCCTAG  
|||  
TGAAAACGTT TAAAATTCAT ATCCACCTTT GGTACTCTTA CACAATGGAC TGTACGGATC

541 CATTATTTCC AGAGGGCAGT TTGTTGTCTC TTATTTTTTA GTTCTCTTT CATCATACAT  
|||  
GTAATAAAGG TCTCCCGTCA AACCAACAGAG AATAAAAAAT CAAAGAGAAA GTAGTATGTA

601 AAAAAAGGAA TCAACAATAA AATAACAAGG CAGTACATAT GTTTAATGTT CGATTTTACA  
|||  
TTTTTTCCTT AGTTGTTATT TTATTGTTCC GTCATGTATA CAAATTACAA GCTAAAATGT

661 TACCTGCATC TAAATACATA ATTACCGGGA AACCTAACAT ATGAAAATAT ATATCAACTA  
|||  
ATGGACGTAG ATTTATGTAT TAATGGCCCT TTGGATTGTA TACTTTTATA TATAGTTGAT

721 TTACACAAGT AAATACCATA ATACTTACAC CCACGGTTTC TGCGCGTAAA ACCCCCCCTA  
|||  
AATGTGTTCA TTTATGGTAT TATGAATGTG GGTGCCAAAG ACGCGCATTT TGGGGGGGAT

781 CCCCCCGGA CTCCTAGGAT CTCTTAAAC TTCTGAAAAC CCCAAAACAG AAGAAATCAC  
|||  
GGGGGGGCT GAGGATCCTA GAAAATTTTG AAGACTTTTG GGGTTTTGTC TTCTTTAGTG

841 TAGCATCCAG TATTAAAACC CAAATATTTT ACTCTTTCTA TAACCTCAAA AACACGCACC  
|||  
ATCGTAGGTC ATAATTTTGG GTTTATAAAA TGAGAAAGAT ATTGGAGTTT TTGTGCGTGG

CACCCACCAT AAATCCAAA AATTTCACTT CCCCTTAAAA TCACTAATAC TCACCAAAAA

901 |||||  
GTGGGTGGTA TTTAGGGTTT TTAAAGTGAA GGGGAATTTT AGTGATTATG AGTGATTTTT

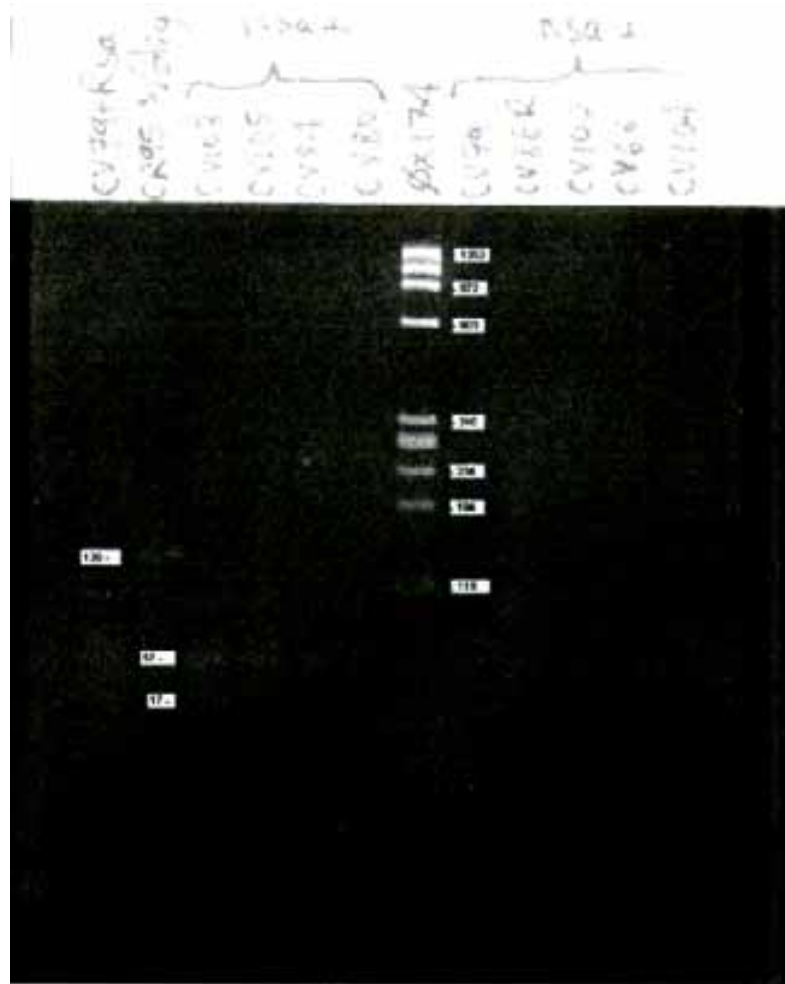
961 CAAGAAATCC CCTAGCATAT TGGATTCTCC GAAGACCCAC CCTAGCAGAC AAAGAACACA  
|||  
GTTCTTAGG GGATCGTATA ACCTAAGAGG CTTCTGGGTG GGATCGTCTG TTTCTTGTTG

1021 GGAATATTTG AACAAATATT GTCACAAAAT CTCCTTTGCC AGCATAGCTT AGCAACAAAG  
|||  
CCTTATAAAC TTGTTTATAA CAGTGTTTTA GAGGAAACGG TCGTATCGAA TCGTTGTTTC

1081 CGTAACTG AAGCCGTTAA GACGGGCCCT TAAAAGCCCT GCAG  
|||  
GCATTGTGAC TTCGGCAATT CTGCCGGA ATTTTCGGA CGTC

## Anexo 8

Resultados de la digestión de la región control con *Rsa* I de especímenes de *C. viridis*



Tamaños de los fragmentos visibles producidos por la enzima *Rsa* I:

Especie	Valores de tamaño (en bp)
<i>Centropomus viridis</i> (CV):	57 / 17



# GENÉTICA Y TAXONOMÍA DE LOS RÓBALOS (*Centropomus* spp.) DEL GOLFO DE CALIFORNIA, MEXICO

## INFORME FINAL (PRIMERA PARTE: MORFOMETRÍA) Y SÉPTIMO INFORME PARCIAL DE ACTIVIDADES (GENÉTICA)

---

### 1. ÁREAS DE CONOCIMIENTO

Por ser de carácter interdisciplinario, el presente proyecto está relacionado tanto con el área de taxonomía-biogeografía como de ecología-genética.

### 2. DURACIÓN DEL PROYECTO

El proyecto G008/95 "Genética y taxonomía de los róbalos (*Centropomus* spp.) del Golfo de California, México" se inició oficialmente el día 1° de septiembre de 1995 y finalizará el 31 de diciembre de 1998 (periodo que comprende un total de 39 meses).

### 3. PERSONAL PARTICIPANTE

#### *Responsables del proyecto:*

- **Dr. Albert M. van der Heiden J.** Investigador titular "C" en el Laboratorio de Ictiología y Biodiversidad de la Unidad Mazatlán del CIAD. responsable de la parte taxonómica del proyecto.
- **Dr. Alberto Abreu Grobois.** Investigador asociado "C", T.C. en el Laboratorio de Genética de la Estación Mazatlán. ICMYL-UNAM. responsable de la parte genética del proyecto.

#### *Técnico del proyecto:*

- **Biól. Marcela Ruiz Guerrero.** colaborador en la realización de todos los aspectos del proyecto desde el inicio del mismo y hasta la fecha. Fue contratada inicialmente con recursos financieros del proyecto durante el periodo septiembre 1995 - diciembre de 1996, y posteriormente con recursos propios de la Unidad. Actualmente es técnico académico con plaza eventual en el Laboratorio de Ictiología y Biodiversidad del CIAD-Unidad Mazatlán.

#### *Personal de apoyo eventual:*

- **B.P. María de los Ángeles Herrera** Vega, técnico académico en el Laboratorio de Genética de la Estación Mazatlán del ICMYL-UNAM. Brindó apoyo al técnico del proyecto y al responsable de la parte genética del mismo en la realización de los análisis genéticos.

- **Dr. Brian Bowen**, Investigador del Laboratorio de Análisis Genético de la Universidad de Florida, asesor externo de los estudios de genética.
- **M. en C. Héctor Plascencia González**, investigador asociado en el Laboratorio de Ictiología y Biodiversidad del CIAD-Unidad Mazatlán, colaboró en algunas colectas en el campo.

## 4. OBJETIVOS DEL PROYECTO

### 4.1. Objetivo General:

Caracterizar taxonómica- y genéticamente a las especies del género *Centropomus* del Golfo de California, con el fin de aclarar la sistemática de éstas y definir las poblaciones de las mismas en el área de estudio.

### 4.2. Objetivos particulares

- Esclarecer las ambigüedades existentes en la taxonomía de las cinco especies del género *Centropomus* registradas en el Golfo de California: *C. armatus*, *C. medius*, *C. nigrescens*, *C. robalito* y *C. viridis*.
- Describir la variabilidad fenética de cada una de las especies por medio de métodos tradicionales (morfometría y merística) y analíticos (análisis multivariado de componentes principales).
- Seleccionar las variables morfológicas que permitan discriminar las especies.
- Caracterizar a cada especie y a sus distintas poblaciones por medio de un análisis de la composición genética mitocondrial.
- Hacer recomendaciones sobre el manejo óptimo de las poblaciones naturales con base en la identificación de las unidades genéticas (unidades demográficas reproductivamente aisladas) de cada especie, su ubicación geográfica en el área de estudio y el grado de migración detectado.
- Identificar las poblaciones con mayor variabilidad genética que podrían ser recomendadas como pie de cría para futuros programas de aprovechamiento acuicultural.

## 5. ANTECEDENTES

Para el Pacífico Este han sido reportadas 6 especies de róbalo. *Centropomus armatus* Gill. 1863, *C. medius* Günther. 1864, *C. nigrescens* Günther. 1864, *C. robalito* Jordan y Gilbert. 1882. *C. viridis* Lockington, 1877, y *C. unionensis* Bocourt. 1868. Todas estas especies ocurren en el Golfo de California con excepción de la última cuya distribución se encuentra restringida entre El Salvador y el norte de Perú (Rivas, 1986; van der Heiden y Findley. 1988).

La mayoría de las especies de róbalo se parecen mucho entre sí. En cuanto a las especies del Golfo de California, sobre todo sigue existiendo una gran confusión acerca de la identidad de *C. nigrescens* y *C. viridis*: prueba de ello es que desde que ambas especies fueron descritas, han sido sinonimizadas una y otra vez (Boulenger. 1895; Gilbert y Starks. 1904; Castro-Aguirre, 1978). A pesar de contar con una revisión taxonómica reciente del género *Centropomus* (Rivas, 1986), la separación de las dos especies mencionadas sigue siendo difícil y poco convincente. La combinación propuesta en este proyecto de un análisis multivariado de caracteres morfométricos y merísticos con la caracterización genética de las especies y sus poblaciones proporcionará una base sólida para la determinación de las especies (Avisé. 1994).

Con respecto a los estudios genéticos de róbalo, no existen antecedentes para las especies del Golfo de California. Sin embargo, en estudios usando especímenes de *Centropomus undecimalis* provenientes de Florida, E.U.A., se ha analizado el DNA mitocondrial con el fin de definir la estructura y diferenciación de las poblaciones de dicha especie (Tringali y Bert. 1996).

## 6. JUSTIFICACIÓN

En México, la producción de róbalo tiene por único origen la pesca ribereña, debido a que el cultivo de estas especies es virtualmente inexistente. Sin embargo, las estadísticas más recientes indican que la producción no satisface la demanda del mercado nacional y que ésta presenta una clara disminución a lo largo del tiempo. Además, la pesca del róbalo es estacional, ya que la afectan las variaciones de la distribución y abundancia del róbalo, existiendo ciertos períodos en los cuales este pez es escaso o inexistente (Anón., 1994).

Las lagunas costeras y esteros del Sur de Sinaloa y Nayarit sostienen una intensa pesca de róbalo que aporta ingresos importantes a las comunidades de la región. No obstante lo intensivo de su captura se carece de información básica (biología, genética, ecología, parámetros poblacionales, etc.) para diagnosticar el efecto de dicha extracción sobre las poblaciones naturales. La obtención de róbalo para efectuar dichos estudios se ve limitada ya que los pescadores e intermediarios no siempre están dispuestos a ofrecerlos para su venta directa en los campos pesqueros. Tal es el caso de *C. nigrescens* y *C. viridis* que son las especies que alcanzan las mayores tallas de los róbalo del Pacífico y que son bien comercializadas en el mercado nacional. Sin esta información no es posible generar lineamientos que conduzcan a la conservación de estas especies ni al manejo adecuado de su pesquería y/o su cultivo. Cabe resaltar que este último aliviaría la creciente presión pesquera que se ejerce sobre las poblaciones naturales. Por lo tanto, se generarán lineamientos para la conservación de las especies de róbalo con base en el análisis de los datos del proyecto. Por otro lado, la Unidad Mazatlán del CIAD tiene como socios fundadores al Gobierno del Estado de Sinaloa y la Secretaría de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Pesca, entre otros, con los que adquirió el compromiso de transferirles conocimiento generado en nuestros proyectos.

La información adecuada permitiría definir las posibilidades de un uso sustentable de este recurso por parte de cooperativas, particulares o del sector gubernamental. En otras regiones del mundo, (p. ej. en Florida, E.U.A., con *C. undecimalis*), se han desarrollado proyectos para criar juveniles de róbalo bajo condiciones artificiales con el fin de repoblar

los estuarios y ríos en donde se practica una pesca deportiva muy activa (Shafland y Koehl, 1979). Asimismo, en Brasil, México, Colombia y Venezuela, se han hecho pruebas de engorda de juveniles en estanques de camarón de varias especies del género *Centropomus*, lo que demuestra que poseen un potencial acuícola importante. Lo anterior ha estimulado a diversas instituciones del país (Anón., op. cit.) a compilar la información existente relevante para el cultivo de róbalo.

Recientemente, el Área de Acuicultura de la Unidad Mazatlán del CIAD ha mostrado interés en generar la biotecnología conducente al cultivo del róbalo, y el presente proyecto representa el inicio formal de dicha línea de investigación. El primer paso para lograr estos objetivos consiste en poder identificar correctamente no solo a las diferentes especies de róbalo de la región sino también a sus respectivas unidades demográficas básicas ("stocks") para conocer la magnitud del intercambio genético que ocurre entre éstas. Los resultados de este proyecto y los trabajos subsecuentes relacionados con el tema impulsarán el desarrollo de la biotecnología de su cultivo la cual además tendrá un papel importante en la conservación de los róbalos a través de la revitalización genética de sus poblaciones naturales.

## 7. MATERIAL Y MÉTODOS

El presente estudio está basado en el análisis morfométrico, merístico, cualitativo y genético de róbalos recolectados en diferentes localidades, específicamente obtenidos de campos pesqueros y mercados regionales, a lo largo de la costa Este del Golfo de California (Anexo 1). Estos especímenes, excepto aquellos examinados en campo y descartados en su momento, se depositaron en la colección ictiológica de referencia del CIAD-Unidad Mazatlán (CIAD/MAZ), cuya curación y manejo está a cargo del personal que labora en el laboratorio de Ictiología y Biodiversidad. Asimismo, parte de estos especímenes serán donados al Instituto de Biología de la UNAM. También se examinaron los ejemplares tomados de las colecciones de referencia del Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, campus Guaymas (ITESM-Guaymas), del Instituto Tecnológico de Los Mochis (ITLM), el material tipo (lectotipo y paralectotipo de *C. medius* y el holotipo de *C. nigrescens*) localizado en el British Museum of Natural History [BM(NH)] y el material donado al CIAD (especímenes de *C. unionensis*) por la Universidad de Costa Rica. Se enlista el material examinado, zonas y localidades de captura, números de catálogo y acrónimos institucionales, número de individuos y el intervalo de longitud estándar (SL, standard length) para cada especie en el apartado de resultados del presente informe.

### 7.1. Análisis biométrico y merístico

El estudio morfométrico se llevó a cabo midiendo 60 caracteres y obteniendo datos merísticos de 10 variables (Anexo 2).

Para la selección de las características morfométricas se tomó como referencia los trabajos de Hubbs y Lagler (1958) y Rivas (1986). Además se establecieron 14 puntos de referencia morfológica ("landmarks") en la superficie del pez de acuerdo a Winans (1987). Las interconexiones entre dichos puntos fueron medidas formando así un entrecruzado ("crisscross pattern" o "truss network") (Anexo 3). Tales mediciones (definidas en el anexo 2) fueron hechas con calibres pie de rey DIGIMATIC-Mitutoyo de 150 mm (6") y de 600

mm (24") de largo, de un error instrumental de  $\pm 0,02$  mm ( $\pm 0,001$ ") y  $0,05$  mm ( $\pm 0,002$ "), respectivamente. Con excepción de la longitud total (TL) y la longitud horquilla (FL), el resto de las mediciones longitudinales del pez fueron tomadas desde la punta anterior del premaxilar izquierdo. Todas las espinas y la altura de la segunda aleta dorsal fueron medidas colocándolas en posición erguida. Las longitudes de las aletas pectoral y pélvica se realizaron colocándolas en posición plegada.

Se contabilizaron todos los elementos de la aleta pélvica (radios blandos y duros). Las dos últimas ramas en las aletas anal y dorsal segunda se tomaron como un solo radio bifurcado en la base. Se contaron las escamas sobre la línea lateral desde su inicio detrás del post-temporal hasta la base caudal de acuerdo a Hubbs y Lagler (1958). Las escamas de los orígenes de las aletas dorsal segunda y anal a la línea lateral fueron contadas dirigiéndose hacia la parte trasera del pez y hacia abajo y hacia adelante y arriba, respectivamente. En ninguno de los dos casos se consideró la escama de la línea lateral dentro de estos conteos. Se contaron las branquiespinas y rudimentos del primer arco branquial. El elemento en el ángulo del arco fue incluido en el conteo del limbo inferior. Otras características tanto merísticas como morfométricas se definen por sí mismas.

El peso total corporal, o en su defecto el peso del pez eviscerado, fue tomado como un dato adicional. También se anotó de algunos especímenes el sexo y la etapa de maduración gonádica. Se registraron los tonos de coloración de las diferentes especies como un dato cualitativo importante mismo que fue considerado con especial énfasis para la discriminación de éstas.

Todos los valores morfométricos, merísticos y cualitativos fueron almacenados en una hoja electrónica mediante el programa Excel 5.0.

A los datos morfométricos se les aplicó un análisis multivariado por medio del paquete de software MVSP (Multi-Variate Statistical Package), versión 2.2, con apoyo del Dr. Trevor Telfer del Instituto de Acuicultura de la Universidad de Stirling, Escocia, cuando realizó una estancia de trabajo en el CIAD-Unidad Mazatlán en enero de 1996. Para el análisis de componentes principales, los datos fueron estandarizados (cada valor dividido entre su longitud estándar) y posteriormente transformados a logaritmo con base 10.

## 7.2. Análisis genético

Para caracterizar genéticamente las especies y poblaciones de róbalo se llevó a cabo el análisis de los polimorfismos de los fragmentos de restricción (RFLP) examinándose la variación en el ADN mitocondrial (ADNmt) de los especímenes que fueron recolectados y depositados en la colección de referencia del CIAD. También se incluyeron en el análisis genético tejidos de individuos de talla comercial que no pudieron ser llevados al laboratorio y por lo tanto no fueron considerados en el análisis morfométrico y merístico, sin embargo, fueron identificados con certeza.

Primeramente se efectuó la extracción de ADN total por medio del método tradicional de aislamiento con fenol-cloroformo y precipitación con alcohol. Se tomaron diferentes tejidos tales como hígado (L, liver), corazón (H, heart), gónada (Gn, gonad), músculo somático (M, muscle) y arco branquial (G, gill) aplicando en estos la técnica de Hillis *et al.* (1990), y una porción de la aleta pélvica (F, fin-clip) siguiendo el protocolo de Chapman (com).

pers.). También se aisló ADN total de músculo de especímenes fijados en formalina por medio de la técnica de Shedlock *et al.* (1997).

Posteriormente, secciones del ADN mitocondrial fueron amplificadas por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), utilizando cebadores ("primers") específicos. Las regiones amplificadas fueron aquellas para el gen del ARN ribosomal 16S (Chow *et al.*, 1993), que es útil para diferenciar a nivel interespecífico, y la del locus ND-1 y parte del ND-2, que es más eficiente para realizar comparaciones intraespecíficas. A pesar de que los cebadores han sido utilizados anteriormente para ADN proveniente de peces, fue necesario adecuar las condiciones de la reacción en la PCR (cantidad y concentración de los reactivos, temperatura, etc.).

Los productos de la amplificación fueron digeridos con endonucleasas para determinar los polimorfismos en los fragmentos de restricción por medio de electroforesis y tinciones específicas (Hillis *et al.*, 1996). Se utilizaron las siguientes enzimas de restricción que reconocen secuencias de nucleótidos de 4, 5 ó 6 pares de bases: *RsaI*, *CfoI*, *MspI*, *TaqI*, *HaeIII*, *HinfI*, *PvuII*, *AvaII*, *XbaI*, *SacI*, *EcoRV*, *PstI*, *BamHI*, y *ApaI*

Todas las muestras de los diferentes tejidos, de ADN aislado, de productos PCR, y de productos de las digestiones con las enzimas se mantuvieron en congelación (-20°C).

## 8. RESULTADOS

De las 5 especies de róbalo que han sido reportadas para el Golfo de California, solamente se mencionan 4 en el presente trabajo; esto es debido principalmente a que la especie faltante (*C. armatus*) no fue colectada en ningún muestreo durante un período mayor de 3 años en diferentes localidades al sur de Sinaloa y en el estado de Nayarit. Ni tampoco se obtuvo espécimen alguno de las colecciones de referencia de la región, ya que todos los peces registrados como dicha especie tuvieron que ser corregidos en su identificación como *C. robalito* al momento de la revisión. Por lo tanto, la caracterización taxonómica y genética está basada en las siguientes especies: *C. nigrescens* (CN). *C. viridis* (CV). *C. medius* (CM) y *C. robalito* (CR).

### 8.1. Caracterización taxonómica

Se analizaron un total de 365 especímenes pertenecientes a las cuatro especies anteriormente citadas, provenientes de 26 localidades dentro del Golfo de California y 3 ejemplares del material tipo de Chiapam, Guatemala. Se analizaron además 2 especímenes de *C. unionensis* (CU) recolectados en Puntarenas y Guanacaste, Costa Rica que fueron donados por la Universidad de Costa Rica. De estos 370 peces se logró realizar la morfometría y merística completa (60 mediciones y 10 conteos) en 214 róbalo (Anexo 4). En los restantes se efectuaron solo algunas de éstas ya que se trata de róbalo eviscerados, peces maltratados, o bien, debido a los limitantes (tiempo, acceso, otros recursos) en el manejo de material biológico en campo.

Cabe mencionar que existe una diferencia considerable entre el número de ejemplares (tanto material fresco como de museo) obtenidos para cada especie a lo largo de este proyecto. Tal es el caso de *C. nigrescens* del cual solo se analizaron 14 especímenes

mientras que para *C. robalito*, *C. medius* y *C. viridis* se trabajó con 255, 55 y 44 individuos, respectivamente (Anexo 5).

Se graficaron algunas variables merísticas (Anexos 6, 7, 8 y 9) y morfométricas (Anexos 10, 11 y 12) que reflejan consistentemente una discriminación a nivel de especie y en conjunto hacen posible la definición de cada especie. También se presentan dichos resultados expresados en % de la longitud estándar donde se incluyen promedios, modas, intervalos y desviaciones estándar para cada carácter (Anexo 13 y 14).

Se propone la siguiente clave dicotómica para la identificación rápida y precisa de las cuatro especies estudiadas empleando características morfológicas, merísticas y cualitativas sobresalientes. Características diagnósticas e información adicional son dadas posteriormente en una breve descripción de cada especie.

### CLAVE PARA ESPECIES

- 1a. Róbalos de talla pequeña a mediana (hasta 435 mm SL). Segunda espina anal conspicua, estando plegada llega cerca o rebasa la base caudal. Aletas pélvicas largas, más del 20% de la longitud estándar. Dichas aletas pueden llegar cerca o bien cubrir el ano. D1A (%SL) 39-51. UCLL (%SL) 26-37. AV(%SL) 10-17. DIPEL (%SL) 23-32. Escamas sobre la línea lateral 45-51. De 11-20 branquiespinas en el limbo inferior del arco, no incluyendo rudimentos.....2
- 1b. Róbalos de talla mediana a grande (hasta 755mm SL). Segunda espina anal lejos de alcanzar la base caudal. Aletas pélvicas cortas, de 14-22 %SL, lejos de alcanzar el ano. D1A (%SL) 36-45. UCLL (%SL) 21-32. AV (%SL) 9-14. DIPEL (%SL) 20-27. Escamas sobre la línea lateral mayor a 65. De 8-11 branquiespinas en el limbo inferior del arco, sin rudimentos ..... 3
- 2a. 7 radios blandos en la aleta anal. raramente 8 (96% y 4%, respectivamente: n = 55). Aletas pélvicas más largas que las pectorales. Segunda espina anal no sobrepasa la tercera, cuando están plegadas. Ojo conspicuo en proporción de la cabeza. OD (%HL) 15-29. ASP2 (%SL) 17-27. SNSO (%HL) 81-97. MANSO (%HL) 51-76. Branquiespinas: LLGR 16-19 (modalmente 17) y ULGR 6-8 (modalmente 7), incluyendo rudimentos. Róbalos medianos de hasta 434 mm SL, pudiendo alcanzar tallas ligeramente mayores. Línea lateral negra..... *Centropomus medius*
- 2b. 6 radios blandos en la aleta anal, raramente 7 (99% y 1%, respectivamente: n=177). Aletas pélvicas más cortas que las pectorales. Segunda espina anal más larga que la tercera cuando están plegadas. OD ocupando el 14-23% de HL. ASP2 (%SL) 21-33. SNSO (%HL) 64-91 (promedio 71). MANSO (%HL) 51-76 (promedio 59). Branquiespinas: LLGR 17-21 (modalmente 18) y ULGR 8-12 (moda 10), incluyendo rudimentos. Róbalos pequeños de hasta 214 mm SL. o ligeramente mayores. Línea lateral no pigmentada .....*Centropomus robalito*
- 3a. 10 radios blandos en la aleta dorsal, raramente 9 (93% y 7%, respectivamente: n = 14). Escamas sobre la línea lateral 70-73. Escamas desde el origen de la aleta anal hacia la línea lateral 13-16 (moda 15). Tercera espina dorsal menos alta o igual que la cuarta cuando están erguidas. Segunda espina anal más corta o igual que el sexto radio anal, cuando están deflexionados. Frente recta. Pedúnculo caudal cilíndrico.

- MAX (%SL) 18-21. Vejiga natatoria sin ciegos laterales .....  
 .....*Centropomus nigrescens*
- 3b 9 radios blandos en la aleta dorsal, raramente 8 (97.5<sup>0</sup>/0 y 2.5%, respectivamente: n=40).  
 Escamas sobre la línea lateral 69-76. Escamas desde el origen de la aleta anal hacia la  
 línea lateral 12-14 (modalmente 13). Tercera espina dorsal más alta que la cuarta.  
 estando erguidas. Segunda espina anal más larga que el sexto radio anal cuando están  
 deflexionados. Frente cóncava. Pedúnculo caudal aplanado lateralmente. MAX (%SL)  
 11-16. Vejiga natatoria con un par de ciegos laterales  
 proximales .....*Centropomus viridis*

***Centropomus medius* Günther, 1864**

**"robalo paleta"**

(Anexo 15)

**NOMBRE VERNACULAR:** A esta especie se le asigna en la región el nombre cernacular de "paleta" por su forma del cuerpo lateralmente aplanado y un tanto rectangular. **COLORACIÓN:** Los ejemplares frescos de esta especie presentan una coloración plateada general, dorso de gris a negro, y muy particularmente un color negro en el tercio distal de las aletas pélvicas.

Membrana entre la 2da. y 3ra. espina anal de color negro. Línea lateral conspicua, negra.

**CARACTERES DIAGNÓSTICOS:** Aletas pectorales más cortas que las aletas pélvicas. Tercera espina dorsal más alta que la cuarta cuando está erguida, de 16.0-24.0 y 15.0-22.2 (%SL), respectivamente. El diámetro de la órbita (OD) de 5.4 a 10.4 (%SL). 7.3% como promedio. PECPEL 8.1-12.3 (%SL). FD1D2 1.6-6.1 (%SL). ASP2 (%SL) 17.7-27.1. PEL (%SL) 20.4-26.6. D1PEL (%SL) 24.6-31.7. D1PEC (%SL) 15.9-23.9 con un promedio de 20.7. D1A (%SL) 39.3-50.5. FD1A (%SL) 26.8-34.6. FD1FA (%SL) 26.7-34.2, promedio de 29.1%. D2A (%SL) 26.0-33.5. Presenta 10 radios blandos en la aleta dorsal y 7 radios blandos en la aleta anal, raramente 8. Radios pectorales de 13 a 15, modalmente 14. Escamas del origen de la aleta dorsal y anal hacia la línea lateral 8-12 y 10-15, respectivamente. 19-22 escamas alrededor del pedúnculo caudal, modalmente 20. 16-19 branquiespinas en el limbo inferior y 6-8 en el limbo superior, incluyendo rudimentos en ambos conteos. 48-51 escamas sobre la línea lateral, modalmente 19.

**COLECTA EN EL GOLFO:** esta especie fue colectada en las tres zonas de captura desde Guaymas. Son., en el norte hasta San Blas, Nay., en el sur.

**TALLA:** el robal paleta más grande que fue examinado en este estudio corresponde a un individuo colectado en la Laguna Agua Brava, Nay., CIAD 16.94.02, de 434.3 mm SL, 156 mm HL. 502.7 mm EL, y 560.3 TL, con un peso ya eviscerado de 1000 g.

**HÁBITAT:** lagunas costeras y esteros.

**IMPORTANCIA:** Pesca artesanal, principalmente de importancia regional.

**MATERIAL EXAMINADO:** 55 especímenes de 157.5 - 434.3 mm SL incluyendo el lectotipo y el paralectotipo. **MÉXICO, ZONA NORTE:** Sonora. Las Guásimas. Estero El Rancho CIAD/MAZ 16.95.09. 3 (223.0-249.0); Sonora. Las Guásimas. Estero Tortuga CIAD/MAZ 16.95.11, 1 (177.0); Sonora, Guaymas, bahía Bacochibampo. Punta Colorada ITESM 66.02, 1 (230.0); Sonora. Guaymas. bahía Bacochibampo ITESM 86.17. 1 (250.0), ITESM 85.04, 1 (235.0). **ZONA CENTRO:** Sinaloa, costa de Culiacán CIAD/MAZ 16.96.02. 1 (198.5). CIAD/MAZ 16.96.03, 5 (225.0-259.0), CIAD/MAZ 16.96.04. 2 (234.5-255.0); Sinaloa, zona de Piaxtla-Mármol CIAD/MAZ 16.95.01. 2 (242.0-256.0). CIAD/MAZ 16.95.02, 1 (246.0), CIAD/MAZ 16.95.03, 1 (292.0), CIAD/MAZ 16.95.04. 4



(211.0-241.0), CIAD/MAZ 16.95.05, 10 (193.0-252.0). CIAD/MAZ 16.95.06, 2 (225.0-270.0), CIAD/MAZ 16.95.12, 3 (308.0-350.2), CIAD/MAZ 16.96.06, 1 (298.0). CIAD/MAZ 16.96.10, 3 (245.0-313.0), CIAD/MAZ 16.96.11, 4 (203.0-256.0); Sinaloa, Teacapán CIAD/MAZ 16.96.09, 3 (219.0-287.0). **ZONA SUR:** Nayarit, lag. Agua Brava CIAD/MAZ 16.94.02, 1 (434.3), CIAD/MAZ 16.96.01, 1 (257.0); Nayarit, San Blas CIAD/MAZ 16.96.16, 2 (157.5-158.0). **GUATEMALA:** Chiapam, costa pacífica BM(NH) 64.1.26.234-235.2 (245.1-246.3).

***Centropomus nigrescens* Günther, 1864**

**"robalopiedra"**

(Anexo 16)

**NOMBRES VERNÁCULOS:** Robalo prieto, pero especialmente nombrado por los pescadores como "piedra" o "piedrita". Tal nombre es atribuido a lo robusto y pesado de este pez en proporción de su tamaño.

**COLORACIÓN:** Negro o gris oscuro, tanto el dorso como lateralmente, con tonalidades azules y verdosas; en el vientre cambia abruptamente a color blanco y todas las aletas son negras u oscuras, nunca con tonos amarillentos, puede presentar las puntas de las aletas pélvicas y anales de color blanco. Línea lateral negra.

**CARACTERES DIAGNÓSTICOS:** Frente recta. Pedúnculo caudal con tendencia a ser de forma cilíndrica. La tercera espina dorsal menor o igual que la cuarta cuando está erguida, raramente puede ser mayor que ésta. Segunda espina anal más corta que la tercera y cuando está plegada es más corta que el 6to radio anal. Aletas pélvicas más largas que las pectorales. MAX (%SL) 18.4-20.6 (promedio 19.4). SN (%SL) 8.3-9.4 (promedio 8.8). OD (%SL) 3.1-6.3 (promedio 4.7). PEL (%SL) 17.8-19.9 (promedio 18.8). D1PEL (%SL) 20.1-23.4 (promedio 22.4). DIB (%SL) 17.7-21.1 (promedio 19.5). D2B (%SL) 15.4-16.4 (promedio 15.9). FD 1 D2 (%SL) 2.9-5.2 (promedio 3.8). FALC (%SL) 18.4-20.8 (promedio 19.6). FAUC (%SL) 21.5-25.6 (promedio 23.9). ASP2 (%SL) 10.8-17.8 (promedio 13.4). 10 radios blandos dorsales, raramente 9. Radios anales 6 y 15 radios pectorales. 70-73 escamas sobre la línea lateral, modalmente 70. Las escamas desde los orígenes de las aletas dorsal segunda y anal hacia la línea lateral de 11-13 y 13-16, respectivamente. 28-30 escamas alrededor del pedúnculo caudal, modalmente 28. Dentículos largos en el ángulo del opérculo de 2-4, modalmente 3. Branquiespinas (incluyendo rudimentos) en el limbo inferior del arco 13-15 y 6-8 para el limbo superior.

**COLECTA EN EL GOLFO:** Zona centro y sur, desde Piaxtla-Mármol. Sin. hasta Nayarit. No se recolectó ningún espécimen en la zona norte. No obstante Rivas (1986) revisó material proveniente de laguna San Juan en Sonora, ubicada al sur de la desembocadura del río Yaqui, en el municipio de Guaymas.

**TALLA:** Para el presente estudio la talla máxima de robalopiedra es un ejemplar de 706.3 mm SL, 238.0 mm HL, 809.4 mm FL, 879.6 mm TL, 5400 g de peso del cuerpo eviscerado proveniente de lag. Agua Brava. Nay., CIAD 16.96.07 (de este espécimen solamente se tiene una muestra de tejido en colección).

**HÁBITAT Y BIOLOGÍA:** Lagunas costeras y esteros. Cuando es capturado en redes su comportamiento es calmado, dócil, se queda quieto después de moverse una vez. No es atraído por la carnada viva. por lo cual no se le captura con anzuelo.

**IMPORTANCIA Y UTILIZACIÓN:** Pesca artesanal, buena comercialización en el mercado regional y nacional.

**MATERIAL EXAMINADO:** 14 especímenes de 189.0-706.3 mm SL incluyendo el holotipo. **MÉXICO, ZONA CENTRO:** Sinaloa, zona de Piaxtla-Mármol CIAD/MAZ 16.95.04, 1 (241.0). CIAD/MAZ 16.95.12, 1 (373.6); Sinaloa, laguna Huizache-Caimanero, tapo Caimanero CIAD/MAZ 16.97.05, 1 (219.0); Sinaloa, laguna Huizache-Caimanero, tapo el Ostial CIAD/MAZ 16.97.10, 2 (202.0-226.0). **ZONA SUR:** Nayarit, laguna Agua Brava CIAD/MAZ 16.94.01, 1 (389.2), CIAD/MAZ 16.96.05, 1 (sin dato). CIAD/MAZ 16.96.07. (361.0-706.3). **GUATEMALA:** Chiapam, costa pacífica BM(NH) 64.1.26.223. 1 (270.7).

***Centropomus robalito* Jordan y Gilbert, 1882**

**"robalo constantino"**

(Anexo 17)

**NOMBRES VERNÁCULOS:** robalito, pero mejor conocido a nivel nacional como "constantino".

**COLORACIÓN:** Cuerpo de color gris claro, dorso más oscuro, vientre blanco; aletas pélvicas y anales de color amarillo. Línea lateral no pigmentada. Membrana entre las espinas 2 y 3 anales puede o no ser de color negro.

**CARACTERES DIAGNÓSTICOS:** Aletas pectorales más largas que las pélvicas. Segunda espina anal conspicua. alcanza o rebasa la base caudal, frente ligeramente cóncava. Todas las espinas dorsales y anales largas en proporción al tamaño del pez. DSP 1 (%SL) 1.9-4.6 (promedio 2.8). DSP2 (%SL) 3.6-9.2 (promedio 6.3). DSP3 (%SL) 17.3-23.8 (promedio 20.8). DSP4 (%SL) 17.0-26.2 (promedio 19.4). SOPEC (%SL) 15.9-19.1 (promedio 17.5). PEC (%SL) 19.7-26.9 (promedio 24.9). PPEC (%SL) 31.7-37.5 (promedio 33.5). HL (%SL) 33.4-42.8 (promedio 40.1). FD I PEL (%SL) 31.3-39.8 (promedio 36.2). D2FA (%SL) 27.2-31.7 (promedio 29.4). FD I D2 (%SL) 0.4-3.8 (promedio 1.7). D2SP (%SL) 7.3-18.3 (promedio 10.4). FALC (%SL) 13.1-21.1 (promedio 15.4). ASP2 (%SL) 21.9-32.9 (promedio 28.9). 10 radios blandos dorsales, raramente 9 ú 11. Radios blandos anales 6, raramente 7. De 14-16 elementos pectorales, modalmente 15. Escamas sobre la línea lateral 45-50, modalmente 48. Escamas desde los orígenes de las aletas dorsal segunda y anal hacia la línea lateral 7-8 (moda 7) y 9-12 (modalmente 10), respectivamente. 18-22 escamas alrededor del pedúnculo caudal, modalmente 20. 2-3 dentículos largos en el ángulo del preopérculo. Branquiespinas en el limbo inferior incluyendo rudimentos, 17-21 (moda 18), mientras que en el limbo superior presenta de 8-12 (moda 10) incluyendo rudimentos.

**COLECTA EN EL GOLFO:** Ejemplares provenientes de las tres zonas, desde San José de Guaymas. Son. hasta San Blas. Nay.

**TALLA:** Talla máxima corresponde a un espécimen recolectado en laguna Agua Brava, Nay., CIAD 16.96.01, de 214.0 mm SL. 87.7 mm HL, 247.0 mm FL, 277.0 mm TL, y 196 g de peso total.

**HÁBITAT Y BIOLOGÍA:** Lagunas costeras, esteros. zona costera.

**IMPORTANCIA Y UTILIZACIÓN:** Pesca artesanal. Fauna acompañante durante la captura de camarón en los esteros y en la zona costera.

**MATERIAL EXAMINADO:** 255 especímenes de 62.0-214.0 mm SL. **MÉXICO, ZONA NORTE:** Sonora. San José de Guaymas ITESM 84.01, 2 (70.5-72.0), ITESM 86.14, 1 (65.0); Sonora, Las Guásimas, estero Tortuga-Río Muerto CIAD/MAZ 16.95.10, 7 (94.0-195.0); Sonora, estero en la desembocadura del río Yaqui ITESM JLHF 84.11.16, 3 (162.5-189.0); Sonora. Huatabampo, arroyo Tojahui ITESM 90.04, 6 (62.0-132.0). **ZONA**

**CENTRO:** Sinaloa. bahía Topolobampo ITLM 282.0005, 1 (160.0), 282.0008, 1 (170.0), 282.0015, 0016. 0017, 3 (118.0-127.0), 282.0018, 1 (154.0). 282.0020. 0021, 2 (129.0-161.0), 282.0022, 1 (167.0), 282.0023, 1 (177.0). 282.0024, 1. (204.0). 282.0025, 1 (17 1.0). 282.0028, 1 (178.0). 282.0030, 1 (179.0). 282.9999, 1 (184.0). 282.9999, 1 (180.0): Sinaloa, bahía Navachiste. Cerro Cabezón 282.0010, 1 (111.5), 282.0012, 0013, 2 (151.0-170.0); Sinaloa. bahía Santa María ITESM 82.10, 1 (139.0); Sinaloa, zona de Piaxtla-Mármol CIAD/MAZ 16.95.07, 2 (191.0-212.0). ITESM 81.17, 1 (158.0); Sinaloa. frente a Manatlán ITESM 81.21, 1 (163.0): Sinaloa, laguna Huizache-Caimanero, tapo el Ostial CIAD/MAZ 16.97.11, 4 (140.0-164.0). CIAD/MAZ 16.97.09, 31 (66.0-182.0), CIAD/MAZ 16.97.10, 70 (140.0-198.0); Sinaloa, laguna Huizache-Caimanero, tapo Caimanero CIAD/MAZ 16.97.07, 3 (152.0-163.5), CIAD/MAZ 16.97.05, 4 (130.0-147.0): Sinaloa, laguna Huizache-Caimanero. tapo Botadero CIAD/MAZ 16.97.12, 8 (71.0-80.0); Sinaloa, Chametla CIAD/MAZ 16.95.08. 66 (125.0-171.0), CIAD/MAZ 16.96.14, 1 (142.0); Sinaloa, cerca de Teacapán. Huerta de Escutia CIAD/MAZ 16.98.01, 1 (158.0). **ZONA SUR:** Nayarit, laguna Agua Brava CIAD/MAZ 16.96.01, 17 (145.0-214.0); Nayarit, San Blas CIAD/MAZ 16.96.15, 2 (152.0-167.0), CIAD/MAZ 16.96.16, 5 (151.0-170.0).

***Centropomus viridis* Lockington, 1877**

**"robalo garabato"**

(Anexo 18)

**NOMBRES VERNÁCULOS:** robalo blanco. Nombrado comúnmente como "garabato" y con menor frecuencia "neto".

**COLORACION:** Gris con reflejos verdosos en el dorso, nunca negro azulado: el cambio de gris verdoso de los flancos al blanco del vientre es gradual y las aletas pélvicas generalmente contienen blanco y/o amarillo. Esta coloración puede verse disminuida a tonalidades de grises dependiendo del lugar de captura del róbalo, ya que en zonas con mayor influencia de agua dulce este pez tiende a presentar una coloración más pálida. En juveniles se puede observar un color negro en las puntas de las membranas que conectan las espinas de la primera aleta dorsal. Línea lateral negra o gris oscuro.

**CARACTERES DIAGNÓSTICOS:** Frente cóncava. Tercera espina dorsal mayor que la cuarta cuando están en posición erguida. Segunda espina anal sobrepasa la longitud del 6to radio anal cuando está plegada pero se ubica lejos de la base del pedúnculo caudal. Pedúnculo caudal aplanado lateralmente. PEL (%SL) 14.2-22.3 (promedio 19.7). FD 1 D2 (%SL) 0.8-4.9 (promedio 2.7). ASP2 (%SL) 11.5-28.1 (promedio 17.2). ASP3 11.6-22.4 (promedio 16.2). Radios blandos dorsales 9, raramente 8. Radios blandos anales 6. 14-16 radios pectorales, modalmente 15. Escamas sobre la línea lateral 69-76, modalmente 70. Escamas desde los orígenes de las aletas dorsal segunda y anal hacia la línea lateral 10-13 (modalmente 11) y 12-14 (moda de 13), respectivamente. 25-30 escamas alrededor del pedúnculo caudal. modalmente 28. Dentículos largos en el ángulo preopercular 2-5. Total de branquiespinas y rudimentos en el limbo inferior del arco 13-15 y 5-7 en el limbo superior.

**COLECTA EN EL GOLFO:** Especie recolectada en las tres zonas del golfo, desde Guaymas. Son. hasta San Blas, Nay.

**TALLA:** El ejemplar más grande de este estudio fue un garabato de 755.0 mm SL. 255.0 mm HL, 815.0 mm FL, 925.0 mm TL. 6400 g peso corporal eviscerado, analizado en

laguna Agua Brava, Nav.. CIAD 16.96.07 (especimen medido en campo y del cual solamente se tiene una muestra de tejido en colección).

**HABITAT Y BIOLOGÍA:** Lagunas costeras, esteros v zona costera. Durante su captura en redes tiene un comportamiento más rudo que el "piedra", se golpea mucho entre sí. Se puede capturar con anzuelo. A diferencia de *C. nigrescens*, esta especie presenta una vejiga natatoria con ciegos laterales proximales.

**IMPORTANCIA Y UTILIZACIÓN:** Pesca artesanal. Buena comercialización regional y nacional.

**MATERIAL EXAMINADO:** 44 especímenes de 86.0-755.0 mm SL. **MÉXICO, ZONA NORTE:** Sonora, Guaymas. estero Miramar ITESM 72.07, 1 (86.0); Sonora. Las Guásimas. estero Tortuga CIAD/MAZ 16.95.11, 1 (141.0); Sonora. Huatabampo. arroyo Tojahui ITESM 90.04, 2 (206.0-330.0). **ZONA CENTRO:** Sinaloa, bahía Topolobampo ITLM 282.0014. 1 (214.0); Sinaloa, cercanías costa de Culiacán CIAD/MAZ 16.96.02. 6 (269.0-414.9); Sinaloa, zona de Piaxtla-Mármol CIAD/MAZ 16.95.13, 3 (348.7-431.1). CIAD/MAZ 16.96.08. 1 (181.0); Sinaloa. cercanías de Mazatlán CIAD/MAZ 16.96.12, 4 (286.0-439.0); Sinaloa, Mazatlán, estero del Yugo CIAD/MAZ 16.97.08, 2 (89.0-96.0), CIAD/MAZ 16.97.13, 4 (176.0-187.0), CIAD/MAZ 16.97.14, 2 (169.0-171.0); Sinaloa frente al río Presidio CIAD/MAZ 16.92.55, 1 (469.9); Sinaloa, lag. Huizache-Caimanero. tapo Botadero CIAD/MAZ 16.97.12,1 (101.0); Sinaloa, laguna Huizache-Caimanero. tapo el Ostial CIAD/MAZ 16.97.11, 3 (308.0-444.6); Sinaloa, Teacapán CIAD/MAZ 16.96.09, 2 (217.0-276.5). **ZONA SUR:** Nayarit. lag. Agua Brava CIAD/MAZ 16.96.01. 1 (442.8). CIAD/MAZ 16.96.05, 2 (460.3-702.5), CIAD/MAZ 16.96.07, 5 (392.6-755.0); Nayarit. San Blas CIAD/MAZ 16.96.13.2 (286.0-318.0).

## 8.2. Caracterización genética

### 8.2.1. Resultados actuales

Se extrajo ADN de un total de 428 muestras de los diferentes tejidos tomados de las cuatro especies. Los resultados obtenidos demostraron que el músculo es el tejido que aporta las mayores cantidades de ADN de acuerdo con el protocolo de aislamiento utilizado. de ahí que la gran mayoría de las muestras correspondan a este tejido (Anexo 19 y 20). Sin embargo, de éstas solo 264 muestras de ADN aislado fue verificado electroforéticamente como de buena calidad, las cuales corresponden a 214 peces de las cuatro especies estudiadas y fueron suficientes para ser empleadas a su vez en la amplificación de la región 16S del ADN mitocondrial por medio de la PCR. El número de especímenes de los cuales se obtuvieron buenos productos de la PCR se mencionan en el anexo 21.

Cabe mencionar que el resultado del aislamiento de ADN de tejidos provenientes de especímenes de museo fijados en formol no fue satisfactorio ya que se obtuvo un ADN fragmentado y pequeña cantidad que no permitió la obtención de productos PCR. De igual manera se obtuvieron resultados negativos de la técnica de extracción de ADN de fin-clips.

### 8.2.1. Avances durante el período

Se llevaron a cabo las digestiones de productos PCR de las cuatro especies utilizando las 14 enzimas de restricción mencionadas. De las enzimas empleadas, solamente cinco cortan la

porción del ADN mitocondrial amplificado (*Rsa* I, *Msp* I, *Cfo* I, *Hinf* I y *Hae* III). el resto deja intacto el material (anexo 22). De las cinco enzimas que realizan cortes, solo dos (*Rsa* I y *Hinf* I) generan fragmentos con información útil para la distinción entre especies. Aún así, con estos resultado, se obtuvieron distintos patrones de bandeado compuesto (anexo 22) que indica la posibilidad de distinguir entre especies por medio de esta caracterización.

### 8.2.2. Trabajo pendiente por realizar

En la etapa final del proyecto (cuatrimestre septiembre 1998 - febrero 1999) se llevará a cabo dos análisis: 1) confirmación de las diferencias observadas entre especies a partir de las digestiones con las enzimas informativas *Rsa* I y *Hinf* I. y 2) el análisis de la diferenciación intraespecífica.

Para el análisis de la diferenciación intraespecífica, el trabajo se concentrará en dos de las especies solamente: *C. robalito* (por ser el más común en los muestreos y del que se tiene la mayor cantidad de muestras ) y *C. viridis* (por ser el de mayor comercialización, aunque menos común) y se amplificará el segmento de la región control (d-loop) del ADN mitocondrial. En un análisis experimental preliminar se utilizaron los primers universales para esta región (Hillis *et al.*, 1996):

**Pro-L : 5' CTACCTCCAACCTCCCAAAGC 3'**  
**Phe-H : 5' GTGACTTTTACGGATCTTCT 3'**

en un intento de amplificar dicha región. Sin embargo, ninguna amplificación fue posible probablemente porque estos primers no son adecuados. Se hizo una búsqueda de secuencias en el GenBank y se encontró la de una especie relacionada: *C. undecimalis* (núm. acceso al GenBank: AF037446. de Wilson. R.R. Jr., *et al.*, 1997). Cuando se comparó la alineación de los primers universales con la secuencia del ADNmit, se encontró una adecuada correspondencia con el primero, que se inserta en la región del gen Pro-L:

CTACC	CAACTCCC	AAAGC	<secuencia del primer
ctacc	caactccc	aaagc	<sección objeto del ADNmit
			= posiciones sin correspondencia

En el otro extremo, sin embargo, las diferencias entre las secuencias son significativas por lo cual se podría explicar la infructuosa amplificación:

CTGAAAA	CC A	<secuencia del primer
ctgaaaa	cc a	<sección objeto del ADNmit

Para el siguiente paso, se están mandando sintetizar nuevos primers diseñados con base en la secuencia de *C. undecimalis*, los cuales serán usados para amplificar la región control para los propósitos aquí descritos. Estas amplificaciones serán sujetas a digestión con el mismo conjunto de enzimas de restricción.

Por último. con los resultados obtenidos se evaluará el grado de divergencia entre haplotipos como proporción de sitios compartidos (Nei y Tajima. 1983). Se estimará el flujo genético entre poblaciones con los métodos cladístico (Slatkin y Maddison. 1989), el

método del alelo privado (Slatkin y Barton. 1989) y el de  $G_{ST}$  todos empleando el programa Arlequin (Schneider *et al.*. 1997).

## 9. ESTRUCTURA Y CONTENIDO DE LA BASE DE DATOS

### 9.1 Acciones realizadas durante el período enero-julio de 1998

Se adicionaron 17 registros nuevos a la base de datos que corresponden a 21 peces de las especies *C. viridis* (1) y *C. robalito* (20) de tres localidades de la zona centro (Huerta de Escutia en Teacapán, Sin., bahía de Topolobampo. Sin. y Cerro Cabezón, bahía Navachiste. Sin.). Los ejemplares analizados de estas dos últimas bahías pertenecen a material de museo de la colección ictiológica de referencia del Instituto Tecnológico de Los Mochis, cuyo acrónimo (ITLM) fue incluido en el campo COLECCION. Los nuevos datos referentes a los campos N\_CATALOG, DIA\_COLECT y MES\_COLECT fueron incompletos en algunos casos por lo que aparecen como "información no disponible".

### 9.2 Informe general de la estructura de la base de datos

La estructura de la base de datos fue elaborada siguiendo el "Instructivo para la Conformación de Bases de Datos Compatibles con el Sistema Nacional sobre Biodiversidad" y contiene la información sobre los organismos colectados incluyendo sus atributos más importantes desde el punto de vista taxonómico.

La base de datos consta de 50 campos conteniendo 91 registros sobre 5 especies y 370 especímenes de róbalo. Las recolecciones de ejemplares se realizaron en 69 fechas distintas y provienen de 29 localidades diferentes, incluyendo las reportadas en el material del ITESM-campus Guaymas, ITLM, y del BM(NH).

A lo largo del proyecto se ha ido corrigiendo, aumentando y depurando la estructura y contenido de la base de datos añadiendo a ésta diversos campos que no se tenían contemplados en un inicio. Tales campos son: PREC\_LL, TIPO\_PUB, AUTORES, TIT\_ART, NOM\_REV, VOLUMEN, NUM, PAGES\_PUBL, PAIS, CAMPAÑA (renombrado más tarde como PROYECTO), ESTACION, N\_COLECC, PHYLUM, NUMERO, CLASE, ORDEN, y AÑO. Fueron borrados los campos INF\_RES, TIEMPO, SUJ\_RES y MOTIVOS, dado que todos los registros incluidos en ellos contaban con las mismas restricciones. Otros campos que se eliminaron de la estructura original fueron los campos NOMB\_INF, AUTOR\_INF y CATEG\_INF ya que no hay categorías infraespecíficas en los róbalos. Se han llenado los campos que estaban vacíos y se han designado datos de "información no disponible" según campos de tipo texto o numérico. De igual manera se han corregido los errores de contenido de texto y discrepancias en los nombres de los campos.

Se han incluido en los informes parciales del proyecto el diccionario de cierta información que se encuentra en forma de clave o de abreviatura dentro de la base de datos. Tal información, mencionada por campo al que pertenece, es la siguiente:

### **CAMPO "ESTACION"**

Estación 4: Cuarta (4.0) estación de muestreo durante la campaña oceanográfica "Plataforma Continental del sur de Sinaloa" (SIPCO-1).  
Estación 7: Séptima (7.0) estación de muestreo durante la campaña oceanográfica "Plataforma Continental del sur de Sinaloa" (SIPCO-1 ).  
Estación 9.4: Cuarto muestreo repetitivo en la estación 9 durante la octava campaña oceanográfica "Comunidad Económica Europea-MEXico" (CEEMEX-P8).  
99.9: Dato que expresa "Información No Disponible" para un campo numérico.

### **CAMPO "COLECTORES"**

En este campo se encontraban las iniciales de algunas instituciones tales como ICMYL-UNAM (Instituto de Ciencias del Mar y Limnología de la Universidad Nacional Autónoma de México) e ITESM (Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey), con las cuales se designa a todo un equipo de científicos que han realizado la colecta mencionada. Para una mejor apreciación de la información las iniciales fueron cambiadas por el nombre completo de dichas instituciones.  
En algunos casos se encuentran todavía algunas abreviaturas dado que se desconoce el nombre completo de las personas que realizaron la colecta ya que el dato es tomado de las etiquetas que acompañan al material de colección.

### **CAMPO "COLECCION"**

Se encuentran en este campo los nombres de las colecciones donde han sido depositados todos los especímenes de robalos que han sido analizados en el presente proyecto:

CIAD/MAZ: Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo. Unidad Mazatlán

ITESM/GUAYMAS: Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey.  
Campus Guaymas

ITLM: Instituto Tecnológico de Los Mochis

BM(NH): British Museum of Natural History, Londres, Reino Unido.

### **CAMPO "PROYECTO"**

Han sido incorporados en este campo los nombres de los proyectos o campañas oceanográficas en los cuales se ha obtenido el material biológico de estudio: G008-CONABIO. Proyecto titulado "Genética y Taxonomía de los robalos (*Centropomus* spp.) del Golfo de California" financiado por la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad

CEEMEX-P8: octava campaña oceanográfico Comunidad Económica Europea-MEXico.

SIPCO: Campaña oceanográfica Plataforma Continental del sur de Sinaloa.

ND: Dato que expresa "Información No Disponible" para un campo de tipo texto.

Con la finalidad de tener una mejor ubicación de algunos lugares de colecta de los especímenes de la base de datos. ya que se desconoce el sitio exacto de captura. se han asignado coordenadas de los extremos norte y sur de cada sistema lagunar de donde provienen los róbalo incorporando esta información en campos nuevos nombrados de la siguiente manera: LATN\_GRAD, LATN\_MIN, LATN\_SEG, LONN\_GRAD, LONN\_MIN, LONN\_SEG (coordenadas del extremo norte del sitio de colecta) y

LATS\_GRAD, LATS\_MIN, LATS\_SEG, LONS\_GRAD, LONS\_MIN, LONS\_SEG (coordenadas del extremo sur del sitio de colecta). De esta manera se hace referencia a una zona de captura de robalos. Existen registros donde se hace mención a sitios puntuales de colecta donde las coordenadas norte y sur evidentemente son una misma. Las coordenadas geográficas citadas para cada registro fueron obtenidas en su mayoría de las cartas marítimas que edita la Dirección General de Oceanografía de la Secretaría de Marina. En éstas se manejan las escalas indicadas para cada registro, las cuales corresponden a las siguientes cartas:

- escala 1:639,400. Golfo de California, parte norte
- escala 1:667,680. Cabo San Lázaro a Cabo San Lucas. y parte sur del Golfo de California.
- escala 1:750.000. Cabo San Lucas a Manzanillo e Islas Revillagigedo.

Sin embargo, aún cuando los sitios de captura son localizados en zonas lagunares v costeras, se mencionan los estados v municipios correspondientes de acuerdo con la codificación que maneja el Instituto Nacional de Estadística. Geografía e Informática ( INEGI ).

El campo N\_COLECC contiene información acerca del número de colección que el grupo *Centropomus* spp. tiene en la Colección Ictiológica de Referencia del CIAD/MAL. Se desconoce este dato para aquellas colecciones del BM(NH) y del ITESM/GUAYMAS.

Se abrió un nuevo campo (NUMERO) para indicar el número de especímenes de cada especie que fueron depositados en la colección de referencia de peces del CIAD (o en su caso el número de especímenes presentes en otras colecciones).

Se adjunta un diskette con la base de datos (Anexo 23).

## **10. ASPECTOS FINANCIEROS Y APOYO ADMINISTRATIVO**

El saldo actual del proyecto es de \$ 23, 576 pesos. Las compras se realizan en función de las necesidades que surgen en genética. Se adjunta el estado financiero que guarda el proyecto hasta finales de septiembre de 1998 (Anexo 24).

## **11. UTILIZACIÓN DE LOS DATOS**

Se restringe el uso de la información por un período de tres años a partir del inicio del proyecto. Sin embargo, conforme se publiquen los resultados del análisis de ésta, se informará a la CONABIO sobre el levantamiento progresivo de la restricción en de uso de los datos. Cabe aclarar que siempre existe la posibilidad de hacer uso de la información restringida antes de que se levante de manera automática la restricción (después de tres años) o que salga publicada mediante una solicitud al responsable del proyecto para obtener una autorización por escrito.

## **12. LITERATURA CITADA**



- Anónimo. 1994. Convenio SEPESCA-CIBNOR. Desarrollo Científico v Tecnológico del Cultivo de Róbalo. 65 pp.
- Awise. J.C. 1994. Molecular markers, natural history and evolution. Chapman & Hall. New York.
- Bocourt. M.F. 1868. Note sur les poissons percoides appartenant au genre *Centropome*, provenant du Mexique et de l'Amérique centrale. Ann. Sci. Nat. (Zool.), sér. 5, 9: 90-91.
- Boulenger. G.A. 1895. Catalogue of the fishes in the British Museum. Catalogue of the perciform fishes in the British Museum. Second edition. Vol. I, 1: 1-394.
- Castro-Aguirre, J.L. 1978. Catálogo sistemático de los peces marinos que penetran a las aguas continentales de México con aspectos zoogeográficos y ecológicos. Dir. Gral. del Inst. Nal. de Pesca. Ser. Cient. 19: 1-298.
- Chow, S., M. E. Clarke, and P.J. Walsh. 1993. PCR-RFLP analysis on thirteen western Atlantic snappers (subfamily Lutjanidae): a simple method for species and stock identification. Fish. Bull. 91: 619-627.
- Gilbert, C.H. and E.C. Starks. 1904. The fishes of Panama Bay. Mem. Calif. Acad. Sci. v. 4: 1-304.
- Gill. T.N. 1863. Descriptive enumeration of a collection of fishes from the western coast of Central America. presented to the Smithsonian Institution by Capt. John M. Dow. Proc. Acad. Nat. Sci. Phila. v. 15: 162-174.
- Günther, A. 1864. Report of a collection of fishes made by Messrs. Dow. Godman. and Salvin in Guatemala. Proc. Zool. Soc. Lond. 1864(pt 1): 144-154.
- Hillis, D.M., A. Larson, S.K. Davis and E.A. Zimmer. 1990. Nucleic Acids III: Sequencing. pp. 318-370. In: Hillis. D.M. and C. Moritz (eds.). Molecular Systematics. Sinauer Associates. Sunderland. Mass. U.S.A.
- Hillis, D.M., C. Moritz and B.K. Mable (eds.). 1996. Molecular Systematics (2da edición). Sinauer Associates. Sunderland, Mass. U.S.A.
- Hubbs. C.L. and K.F. Lagler. 1958. Fishes of the Great Lakes region. Univ. of Mich. Press., Ann Arbor. 213 pp.
- Jordan, D.S. and C.H. Gilbert 1882. Description of five new species of fishes from Mazatlan, Mexico. Proc. U.S. Natl. Mus. v. 4: 458-463.
- Lockington, W.N. 1877. Notes on California fishes. Proc. California Acad. Sci. 7: 108-110.
- Nei Tajima. 1983. Maximum likelihood estimates of the number of nucleotide substitutions for restriction site data. Genetics 105:207-216.

Rivas. L.R. 1986. Systematic Review of the perciform fishes of the genus *Centropomus*. Copeia. 1986 (3): 579-611.

Schneider. S., J-M Kueffer, D. Roessli and L. Excoffier (1997) Arlequin ver. 1.1: A software for population genetic data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Suiza. <http://anthropologie.unige.ch/arlequin>

Shedlock. A. M., M.G. Havgood, T.W. Pietsch and P. Bentzen. 1997. Enhanced DNA extraction and PCR amplification of mitochondrial genes from formalin-fixed museum specimens. Biotechniques.

Shafland. P.L. and D.H. Koehl. 1979. Laboratory rearing of the common snook. Proc. Ann. Conf. S.E. Assoc. Fish & Wildl. Agencies 33: 425-431.

Slatkin, M. and N.H. Barton. 1989. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. Evolution 43: 1349-1368.

Slatkin, M. and W.P. Maddison. 1989. A cladistic measure of gene flow inferred from the phylogenies of alleles. Genetics 123: 603-613.

Tringali. M.D. and T.M. Bert. 1996. The genetic stock structure of common snook (*Centropomus undecimalis*). Can. J. Fish. Aquat. Sci. 53: 974-984.

van der Heiden. A.M. and L.T. Findley. 1988. Lista de los peces marinos del sur de Sinaloa. México. An. Inst. Cienc. del Mar y Limnol. Univ. Nal. Autón. México, 15(2): 209-224.

Wilson, R.R. Jr., K.A. Donaldson, M.E. Frischer and T.B. Young. 1997. Mitochondrial DNA control region of common snook and its prospect for use as a genetic "tag". Trans. Am. Fish. Soc. 126, 594-606.

Winans. G.A. 1987. Using morphometric and meristic characters for identifying stock of fish. NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFC-199: 25-62.

### 13. Agradecimientos

Biól. Ernesto Briones (SEMARNAP) por el contacto realizado con los pescadores del campo pesquero el Chirimoyo en Nayarit. Dr. Trevor Telfer (Universidad de Stirling, Escocia) quien procesó algunos datos iniciales mediante el uso del programa MVSP. Quím. Humberto Bojorquez Leyva (ICMyL-UNAM, estación Ma7atlán) por su valiosa ayuda para la preparación de soluciones químicas y préstamo del equipo del Lab. de Química Marina. M. en C. Claudia Marmolejo (Escuela de Ciencias Marinas, UAS) por su asesoría brindada a inicios del proyecto en el análisis estadístico. Sr. Ignacio Ortega (campo pesquero El Ostial) por su cooperación y entusiasmo para la captura de peces. Dr. Lloyd Findley (ITESM-campus Guaymas) y al personal del BM(NH) por permitir la consulta de las respectivas colecciones ictiológicas de estas dos instituciones. Dr. William Bussing (Universidad de Costa Rica) quien hizo una donación especial de especímenes para la colección ictiológica del CIAD. Sr. Felipe Hernández (CIAD-Ma7atlán) por la gran ayuda en salidas de colecta en los campos pesqueros del sistema Huizache-Caimarnero. Dr. Eduardo Balan (CIBNOR) por facilitarnos la información del catálogo de la colección del ITLM. Biol.

Patricia Sánchez. Biol. Jesús Díaz v Biol. Ernestina Preciado (ITLM) por sus atenciones v facilidades brindadas para la consulta v revisión de la colección ictiológica de esta institución.

### 13. ANEXOS

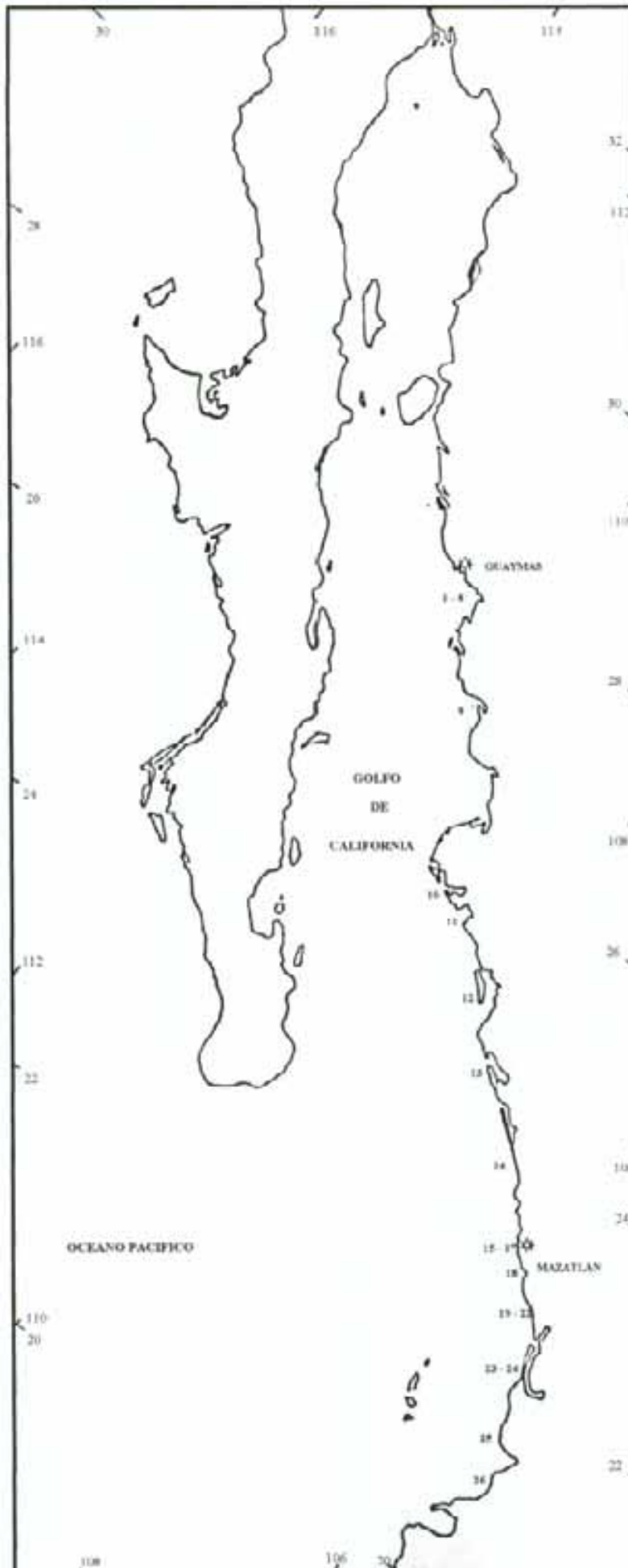
Se incluye la siguiente información:

- Anexo 1. Localidades de muestreo en el Golfo de California.
- Anexo 2. Características morfométricas y merísticas seleccionadas en el estudio de *Centropomus* spp.
- Anexo 3. Puntos de referencia (landmarks) y patrón de entrecruzamiento (truss network).
- Anexo 4. Relación del número total de especímenes colectados v medidos por especie y número de catálogo.
- Anexo 5. Número de especímenes colectados por zona de captura para el análisis taxonómico.
- Anexo 6. Distribución de frecuencias del conteo de radios blandos en cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 7. Distribución de frecuencias del conteo de escamas en cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 8. Distribución de frecuencias del conteo de branquiespinas en cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 9. Distribución de frecuencias del conteo de dentículos en el ángulo del preopérculo en cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 10. Caracteres morfométricos vs. SL relativa para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 11. Caracteres morfométricos vs. SL relativa para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 12. Caracteres morfométricos vs. SL relativa para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 13. Mediciones (en mm) y proporciones (en porcentaje de longitud estándar) para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 14. Caracteres merísticos (incluyendo intervalos, modas, medias y desv. estándares) de cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 15. Foto de *Centropomus medius*.
- Anexo 16. Foto de *Centropomus nigrescens*.
- Anexo 17. Foto de *Centropomus robalito*.
- Anexo 18. Foto de *Centropomus viridis*.
- Anexo 19. Muestras de ADN aislado de diferentes tejidos de *Centropomus* spp.
- Anexo 20. Relación del número de muestras de tejidos analizadas para aislamiento de ADN por especie y localidad de recolecta del proyecto CONABIO G008/95.
- Anexo 21. Relación del número de especímenes con productos PCR por zona y especie.
- Anexo 22. Patrones electroforéticos obtenidos de la digestión del ADN con enzimas de restricción para cuatro especies de *Centropomus*.
- Anexo 23. Diskette con la base de datos en FOXPROW vers. 2.6 para Windows.
- Anexo 24. Estado financiero que guarda el proyecto.

# **Anexos**

# Anexo 1

## Localidades de muestreo en el Golfo de California



### ZONA NORTE

1. San José de Guaymas, Son.
2. Estero de Miramar, Guaymas, Son.
3. Bahía Bacochibampo, Sin.
4. Punta Colorada, Son.
5. Estero El Racho, Son.
6. Estero Tortuga, Son.
7. Complejo Tortuga-río Muerto, Son.
8. Desembocadura río Yaqui, Son.
9. Arroyo Tojahui, Huatabampo, Son.

### ZONA CENTRO

10. Bahía Topolobampo, Sin.
11. Cerro Cabezón, Navachiste, Sin.
12. Bahía Santa María, Sin.
13. Costa de Culiacán, Sin.
14. Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.
15. Cerca de Mazatlán, Sin.
16. Estero El Yugo, Sin.
17. Frente a Mazatlán, Sin.
18. Frente a río Presido, Sin.
19. Tapo Botadero, Huizache-Caimanero, Sin.
20. Tapo El Ostial, Huizache-Caimanero, Sin.
21. Tapo Caimanero, Huizache-Caimanero, Sin.
22. Chametla, Sin.
23. Huerta de Escutia, Teacapán, Sin.
24. Teacapán, Sin.

### ZONA SUR

25. Laguna Agua Brava, Nay.
26. San Blas, Nay.

## Anexo 2

### CARACTERISTICAS MORFOMETRICAS Y MERISTICAS SELECCIONADAS PARA EL ESTUDIO DE *Centropomus* spp.

Medidas tradicionales		
CLAVE	MEDIDA	DESCRIPCION
<b>TL</b>	Total Length	Desde la punta del labio inferior hasta la punta del lóbulo caudal superior
<b>FL</b>	Fork Length	Desde la punta del labio inferior hasta el extremo distal del radio caudal medio
<b>SL</b>	Standard Length	Desde la punta anterior del premaxilar izquierdo hasta la base caudal
<b>PPEL</b>	Prepelvic Fin Length	Longitud desde el hocico hasta la inserción de la aleta pélvica
<b>PPEC</b>	Prepectoral Fin Length	Longitud desde el hocico hasta la inserción de la aleta pectoral
<b>HL</b>	Head Length	Longitud al extremo posterior membranoso del opérculo
<b>PD1</b>	Predorsal 1 Length	Longitud desde el hocico a la inserción de la primera aleta dorsal
<b>PD2</b>	Predorsal 2 Fin Length	Longitud desde el hocico al origen de la segunda aleta dorsal
<b>PAL</b>	Preanal Fin Length	Longitud desde el hocico hasta la inserción de la aleta anal
<b>MAN</b>	Mandible	Desde la punta del labio inferior al extremo posterior del angular
<b>MAX</b>	Maxillary	Desde el extremo anterior hasta el punto distal del puente del maxilar
<b>SN</b>	Snout	Longitud hasta el margen carnoso anterior de la órbita
<b>OD</b>	Orbit Diameter	Diámetro de la órbita
<b>IW</b>	Interorbital Width	Longitud más estrecha inter-órbitas
<b>BW1</b>	Body Width 1	Anchura corporal 1, tomada a la altura de las inserciones de las aletas pectorales
<b>PEC</b>	Pectoral Fin	Longitud de la aleta pectoral, de la inserción a la punta distal)
<b>PEL</b>	Pelvic Fin	Longitud de la aleta pélvica, de la inserción a la punta distal
<b>SN-V</b>	Snout - Vent	Longitud desde el hocico hasta el ano
<b>D1-PEL</b>	Dorsal 1 Fin-Pelvic Fin	Del origen de la primera aleta dorsal a la inserción de la aleta pélvica
<b>D2-A</b>	Dorsal 2 Fin - Anal Fin	Longitud desde el origen de la segunda aleta dorsal hasta el origen de la aleta anal
<b>A-V</b>	Anal Fin - Vent	Desde el origen de la aleta anal hasta el ano
<b>PEL-V</b>	Pelvic Fin - Vent	Desde el origen de la aleta pélvica hasta el ano
<b>D2H</b>	Dorsal 2 Fin Height	Altura de la segunda aleta dorsal en posición erecta
<b>D2B</b>	Dorsal 2 Fin Base Length	Longitud de la base de la segunda aleta dorsal
<b>ABL</b>	Anal Fin Base Length	Longitud de la base de la aleta anal
<b>DSP3</b>	Dorsal Spine 3 Length	Longitud de la tercera espina dorsal erecta
<b>ASP2</b>	Anal Spine 2 Length	Longitud de la segunda espina anal erecta
<b>CPD</b>	Caudal Peduncle Depth	Longitud de la parte más estrecha del pedúnculo caudal
<b>UCLL</b>	Upper Caudal Lobe Length	Longitud del lóbulo caudal superior tomada desde la base caudal
<b>MCRL</b>	Middle Caudal Ray Length	Longitud del radio caudal medio, tomada desde la base caudal a la punta distal de éste

## Medidas de entrecruzamiento

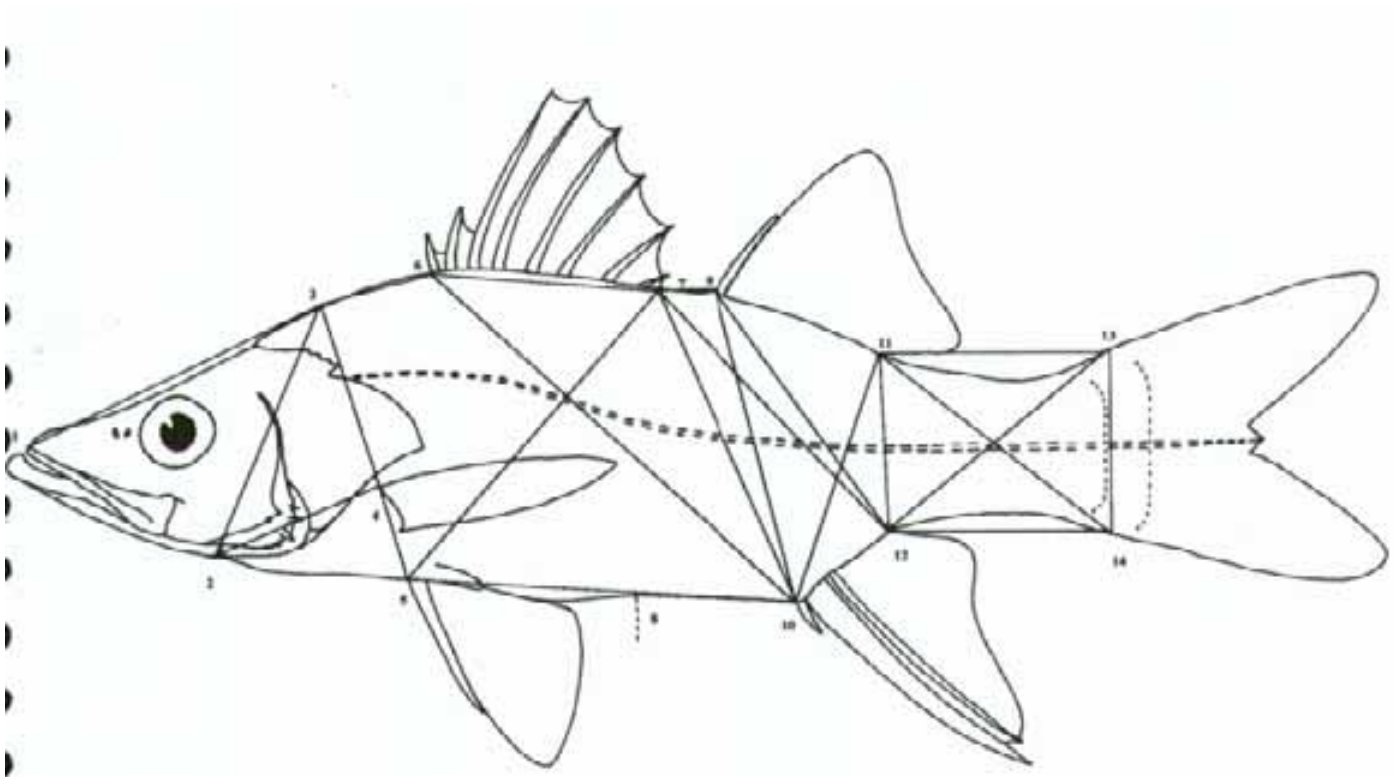
CLAVE	MEDIDA	DESCRIPCION
<b>BW2</b>	Body Width 2	Anchura corporal 2, entre la 3a. y 4a. espinas dorsales a la altura de la línea lateral
<b>SN-SO</b>	Snout-Supraoccipital Crest	Longitud hasta la punta posterior de la cresta supraoccipital
<b>MAN-SO</b>	Mandible-Supraoccipital Crest	Longitud desde el angular hasta la parte distal de la cresta
<b>MAN-PEC</b>	Mandible-Pectoral Fin	Desde el angular hasta la inserción de la aleta pectoral
<b>SO-PEC</b>	Supraoccipital Crest-Pectoral Fin	Desde la punta posterior de la cresta hasta la inserción de la aleta pectoral
<b>FEC-PEL</b>	Pectoral Fin-Pelvic Fin	Longitud entre inserciones de las aletas pectoral y pélvica
<b>D1-PEC</b>	Dorsal 1 Fin-Pectoral Fin	Del origen de la primera aleta dorsal a la inserción de la aleta pectoral
<b>D1-A</b>	Dorsal 1 Fin-Anal Fin	Del origen de la primera aleta dorsal al origen de la aleta anal
<b>SO-D1</b>	Supraoccipital Crest-Dorsal 1 Fin	Desde la punta posterior de la cresta hasta el origen de la primera aleta dorsal
<b>D1B</b>	Dorsal 1 Base Length	Longitud de la base de la primera aleta dorsal
<b>DSP1</b>	Dorsal Spine 1 Length	Longitud de la primera espina dorsal erecta
<b>DSP2</b>	Dorsal Spine 2 Length	Longitud de la segunda espina dorsal erecta
<b>DSP4</b>	Dorsal Spine 4 Length	Longitud de la cuarta espina dorsal erecta
<b>FD1-PEL</b>	Finish Extreme Dorsal 1 Fin-Pelvic Fin	Del extremo posterior de la primera aleta dorsal al origen de la aleta pélvica
<b>FD1-A</b>	Finish Extreme Dorsal 1 Fin-Anal Fin	Del extremo final de la primera aleta dorsal al origen de la aleta anal
<b>FD1-FA</b>	Finish Extreme Dorsal 1 Fin-Finish Extreme Mal Fin	Del extremo foral de la primera aleta dorsal al extremo final de la aleta anal
<b>D2-FA</b>	Dorsal 2 Fin - Finish Extreme Anal Fin	Longitud desde el origen de la segunda aleta dorsal al extremo final de la aleta anal
<b>D1-D2</b>	Finish Extreme Dorsal 1-Dorsal 2 Fin	Desde el punto final de la primera aleta dorsal al origen de la segunda aleta dorsal
<b>D2SP</b>	Dorsal 2 Fin Spine Length	Longitud de la espina de la segunda aleta dorsal en posición erecta
<b>FD2-A</b>	Finish Extreme Dorsal 2 Fin-Anal Fin	Desde el extremo final de la segunda aleta dorsal al origen de la aleta anal
<b>FD2-FA</b>	Finish Extreme Dorsal 2 Fin-Finish Extreme Anal Fin	Desde el extremo final de la segunda aleta dorsal al extremo foral de la aleta anal
<b>FD2-UC</b>	Finish Extreme Dorsal 2 Fin-Upper Caudal Lobe	Desde el extremo foral de la segunda aleta dorsal a la inserción del lóbulo caudal superior
<b>FD2-LC</b>	Finish Extreme Dorsal 2 Fin - Lower Caudal Lobe	Desde el extremo final de la segunda aleta dorsal al origen del lóbulo caudal inferior
<b>UC-LC</b>	Upper Caudal Lobe - Lower Caudal Lobe	Longitud entre inserciones de los lóbulos caudales superior e inferior
<b>FA-LC</b>	Finish Extreme Anal Fin - Lower Caudal Lobe	Desde la parte posterior de la aleta anal al origen del lóbulo caudal inferior
<b>FA-UC</b>	Finish Extreme Anal Fin - Upper Caudal Lobe	Desde la parte posterior de la aleta anal al origen del lóbulo caudal superior
<b>CPW</b>	Caudal Peduncle Width	Ancho del pedúnculo caudal al nivel de la parte posterior de la aleta anal
<b>ASP1</b>	Anal Spine 1 Length	Longitud de la primera espina anal erecta
<b>ASP3</b>	Anal Spine 3 Length	Longitud de la tercera espina anal erecta
<b>PEL-A</b>	Pelvic Fin - Anal Fin	Desde el origen de la aleta pélvica al origen de la aleta anal

## Merísticos

CLAVE	DATO MERISTICO	DESCRIPCION
<b>DR</b>	Dorsal Rays	Número de radios blandos en la aleta dorsal
<b>AR</b>	Anal Rays	Número de radios blandos en la aleta anal
<b>PECR</b>	Pectoral Rays	Número de radios totales en la aleta pectoral
<b>LLSC</b>	Lateral Line Scales	Número de escamas sobre la línea lateral desde el post-temporal hasta la base caudal
<b>SCD2</b>	Scales from Dorsal 2 Fin	Número de escamas desde el origen de la segunda aleta dorsal hasta la línea lateral
<b>SCA</b>	Scales from Anal Fin	Número de escamas desde el origen de la aleta anal hasta la línea lateral
<b>SCCP</b>	Scales around Caudal Penduncle	Número de escamas alrededor del pedúnculo caudal en su parte más estrecha
<b>DENT</b>	Denticles	Número de denticulos más grandes en el ángulo del preopérculo
<b>LLGR</b>	Lower Limb Gill Rakers	Número de branquiespinas en el limbo inferior del arco + rudimentos
<b>ULGR</b>	Upper Limb Gill Rakers	Número de branquiespinas en el limbo superior del arco + rudimentos

## Anexo 3

### PUNTOS DE REFERENCIA (LANDMARKS) Y PATRON DE ENTRECruzAMIENTO (TRUSS NETWORK)



- 1 Hocico
- 2 Hueso Angular
- 3 Cresta Supraoccipital
- 4 Inserción de la Aleta Pectoral
- 5 Inserción de la Aleta Pélvica
- 6 Inserción de la Primera Aleta Dorsal
- 7 Extremo Final de la Primera Aleta Dorsal

- 8 Ano
- 9 Inserción de la Segunda Aleta Dorsal
- 10 Inserción de la Aleta Anal
- 11 Extremo Final de la Segunda Aleta Dorsal
- 12 Extremo Final de la Aleta Anal
- 13 Inserción del Lóbulo Caudal Superior
- 14 Inserción del Lóbulo Caudal Inferior



## Anexo 4

Relación del número total de especímenes colectados y medidos por especie y número de catálogo

COLECCION	NUMERO DE CATALOGO	ESPECIE	ESPECIMENES COLECTADOS	MORFOMETRIA Y MERISTICA	
				COMPLETA	INCOMPLETA
CIAD/MAZ	92-55	<i>Centropomus viridis</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	94-01	<i>Centropomus nigrescens</i>	1	0	1
CIAD/MAZ	94-02	<i>Centropomus medius</i>	1	0	1
CIAD/MAZ	95-01	<i>Centropomus medius</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	95-02	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-03	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-04	<i>Centropomus medius</i>	4	4	0
CIAD/MAZ	95-04	<i>Centropomus nigrescens</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-05	<i>Centropomus medius</i>	10	10	0
CIAD/MAZ	95-06	<i>Centropomus medius</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	95-07	<i>Centropomus robalito</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	95-08	<i>Centropomus robalito</i>	66	66	0
CIAD/MAZ	95-09	<i>Centropomus medius</i>	3	0	3
CIAD/MAZ	95-10	<i>Centropomus robalito</i>	7	7	0
CIAD/MAZ	95-11	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-11	<i>Centropomus viridis</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-12	<i>Centropomus medius</i>	3	3	0
CIAD/MAZ	95-12	<i>Centropomus nigrescens</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-13	<i>Centropomus viridis</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	95-14	<i>Centropomus viridis</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-25	<i>Centropomus unionensis</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	95-24	<i>Centropomus unionensis</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	96-01	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	96-01	<i>Centropomus robalito</i>	17	17	0
CIAD/MAZ	96-01	<i>Centropomus viridis</i>	1	0	1
CIAD/MAZ	96-02	<i>Centropomus viridis</i>	6	6	0
CIAD/MAZ	96-02	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	96-03	<i>Centropomus medius</i>	5	5	0
CIAD/MAZ	96-04	<i>Centropomus medius</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	96-07	<i>Centropomus viridis</i>	5	0	5
CIAD/MAZ	96-07	<i>Centropomus nigrescens</i>	6	0	6
CIAD/MAZ	96-05	<i>Centropomus viridis</i>	2	0	2
CIAD/MAZ	96-05	<i>Centropomus nigrescens</i>	1	0	1
CIAD/MAZ	96-06	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	96-08	<i>Centropomus viridis</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	96-09	<i>Centropomus viridis</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	96-09	<i>Centropomus medius</i>	3	3	0
CIAD/MAZ	96-10	<i>Centropomus medius</i>	3	3	0
CIAD/MAZ	96-11	<i>Centropomus medius</i>	4	4	0
CIAD/MAZ	96-12	<i>Centropomus viridis</i>	4	3	1
CIAD/MAZ	96-13	<i>Centropomus viridis</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	96-14	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	96-15	<i>Centropomus robalito</i>	2	2	0

CIAD/MAZ	96-16	<i>Centropomus robalito</i>	5	0	5
CIAD/MAZ	96-16	<i>Centropomus medius</i>	2	0	2
CIAD/MAZ	97-05	<i>Centropomus robalito</i>	4	4	0
CIAD/MAZ	97-05	<i>Centropomus nigrescens</i>	1	1	0
CIAD/MAZ	97-07	<i>Centropomus robalito</i>	3	3	0
CIAD/MAZ	97-08	<i>Centropomus viridis</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	97-09	<i>Centropomus robalito</i>	31	12	19
CIAD/MAZ	97-10	<i>Centropomus nigrescens</i>	2	2	0
CIAD/MAZ	97-10	<i>Centropomus robalito</i>	70	0	70
CIAD/MAZ	97-11	<i>Centropomus robalito</i>	4	3	1
CIAD/MAZ	97-11	<i>Centropomus viridis</i>	3	0	0
CIAD/MAZ	97-12	<i>Centropomus robalito</i>	8	0	8
CIAD/MAZ	97-12	<i>Centropomus viridis</i>	1	0	1
CIAD/MAZ	97-13	<i>Centropomus viridis</i>	4	3	1
CIAD/MAZ	97-14	<i>Centropomus viridis</i>	2	0	2
CIAD/MAZ	98-01	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITESM/GUAYMAS	66-02	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
ITESM/GUAYMAS	81-17	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
ITESM/GUAYMAS	JLHF 84-11-16	<i>Centropomus robalito</i>	3	3	0
ITESM/GUAYMAS	86-17	<i>Centropomus medius</i>	1	1	0
ITESM/GUAYMAS	90-04	<i>Centropomus robalito</i>	6	3	3
ITESM/GUAYMAS	90-04	<i>Centropomus viridis</i>	2	1	1
ITESM/GUAYMAS	85-04	<i>Centropomus medius</i>	1	0	1
ITESM/GUAYMAS	81-21	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
ITESM/GUAYMAS	82-10	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
ITESM/GUAYMAS	86-14	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
ITESM/GUAYMAS	84-01	<i>Centropomus robalito</i>	2	1	1
ITESM/GUAYMAS	72-07	<i>Centropomus viridis</i>	1	1	0
ITLM	282.0005	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0008	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0010	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0012, 0013	<i>Centropomus robalito</i>	2	1	1
ITLM	282.0014	<i>Centropomus viridis</i>	1	0	1
ITLM	282.0015,0016,0017	<i>Centropomus robalito</i>	3	1	2
ITLM	282.0018	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
ITLM	282.0020, 0021	<i>Centropomus robalito</i>	2	0	2
ITLM	282.0022	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0023	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0024	<i>Centropomus robalito</i>	1	1	0
ITLM	282.0025	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0028	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.0003	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.9999	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
ITLM	282.9999	<i>Centropomus robalito</i>	1	0	1
BM(NH)	64.1.26.234-235	<i>Centropomus medius</i>	2	2	0
BM(NH)	64.1.26.223	<i>Centropomus nigrescens</i>	1	1	0

Total de especímenes	370	214	153
----------------------	-----	-----	-----

## Anexo 5

### NUMERO DE ESPECIMENES COLECTADOS POR ZONA DE CAPTURA PARA EL ANALISIS MORFOMETRICO Y MERISTICO

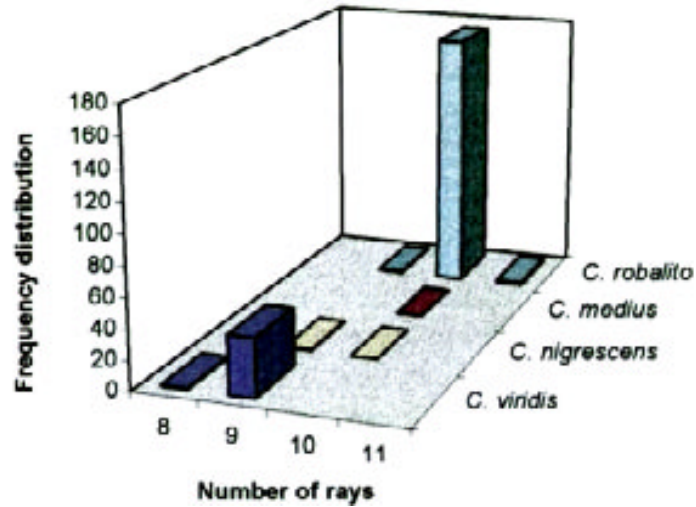
ZONA DE CAPTURA	ESPECIE	NUMERO DE ESPECIMENES	TOTAL
NORTE	CM	7	31
	CN	0	
	CR	19	
	CV	5	
CENTRO	CM	43	285
	CN	5	
	CR	212	
	CV	25	
SUR	CM	4	46
	CN	8	
	CR	24	
	CV	10	
OTRAS LOCALIDADES	CM	2	5
	CN	1	
	CU	2	

Total:	367
--------	-----

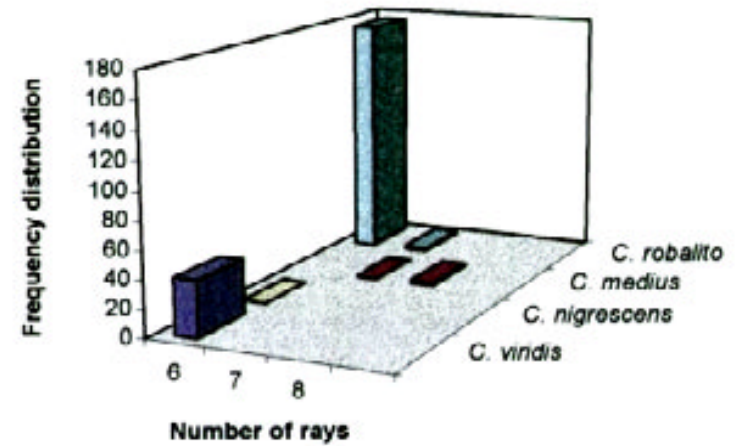
# Anexo 6

## Frequency distribution of soft ray counts in four species of *Centropomus*

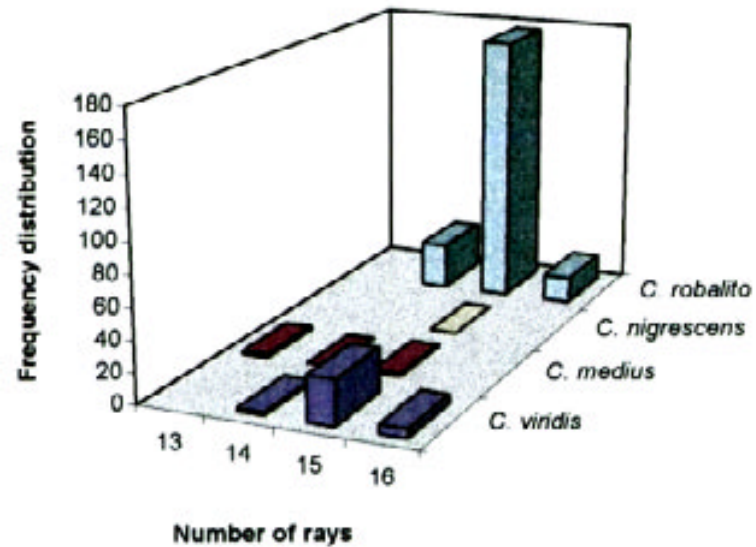
Dorsal fin ray counts



Anal fin ray counts



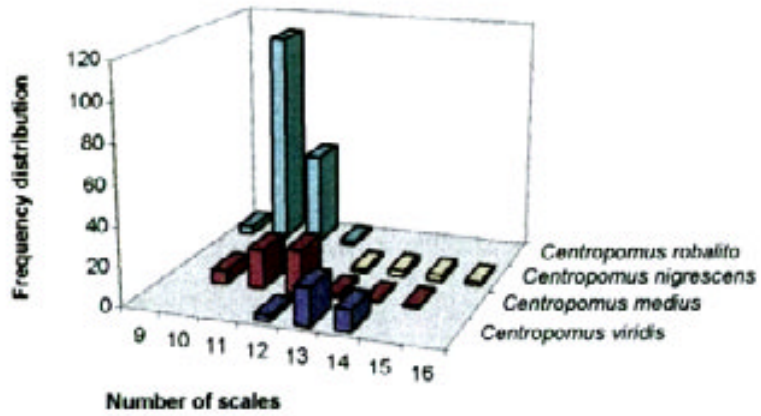
Pectoral fin ray counts



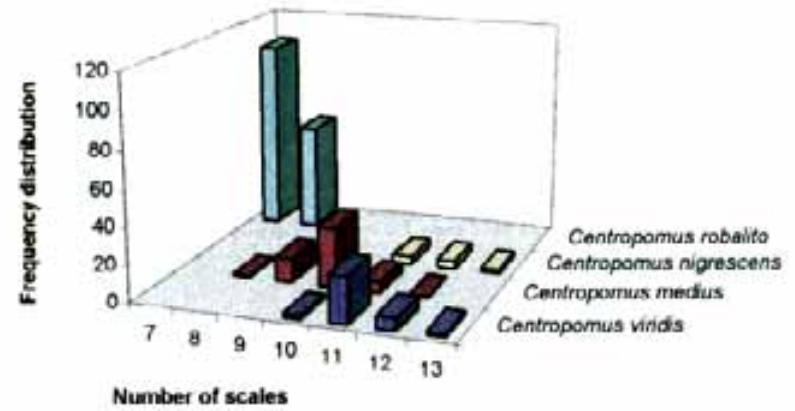
# Anexo 7

## Frequency distribution of scale counts in four species of *Centropomus*

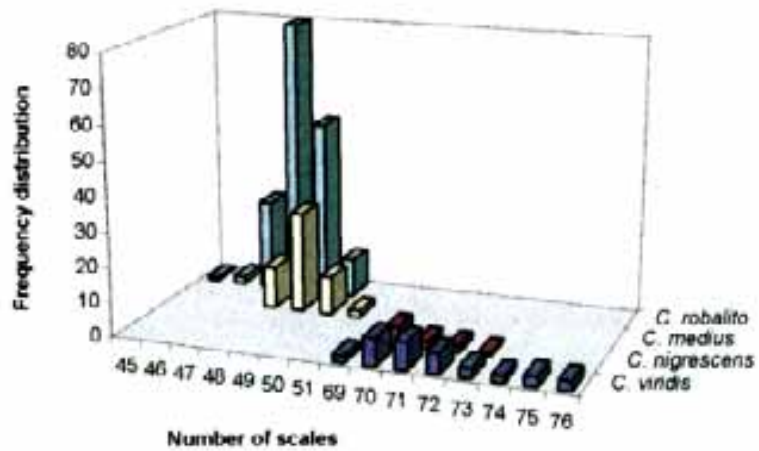
Anal fin to lateral line scales



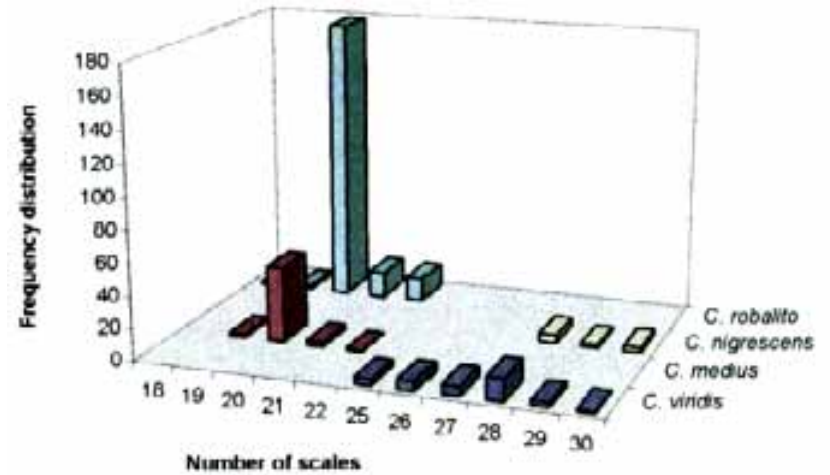
Second dorsal fin to lateral line scales



Lateral line scales



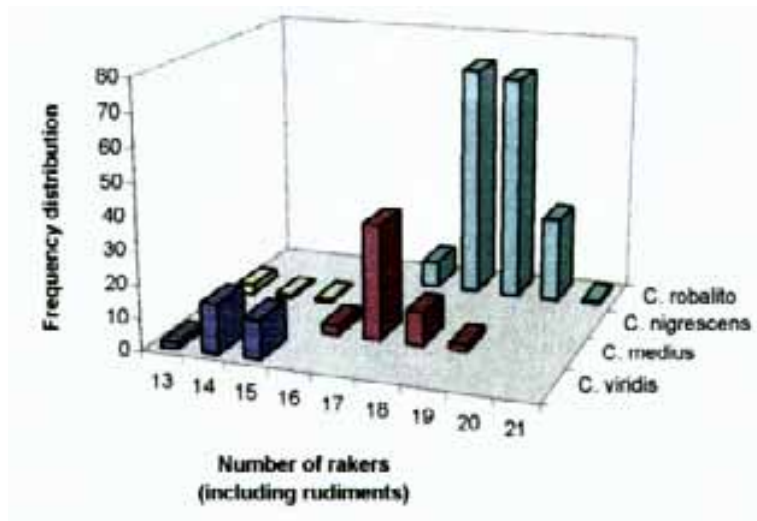
Scales around caudal peduncle



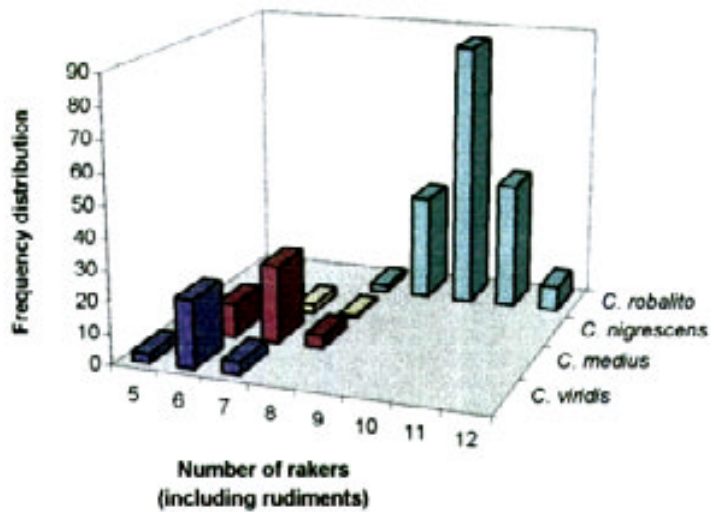
## Anexo 8

Frequency distribution of lower and upper gill raker counts in four species of *Centropomus*

Lower limb gill raker counts

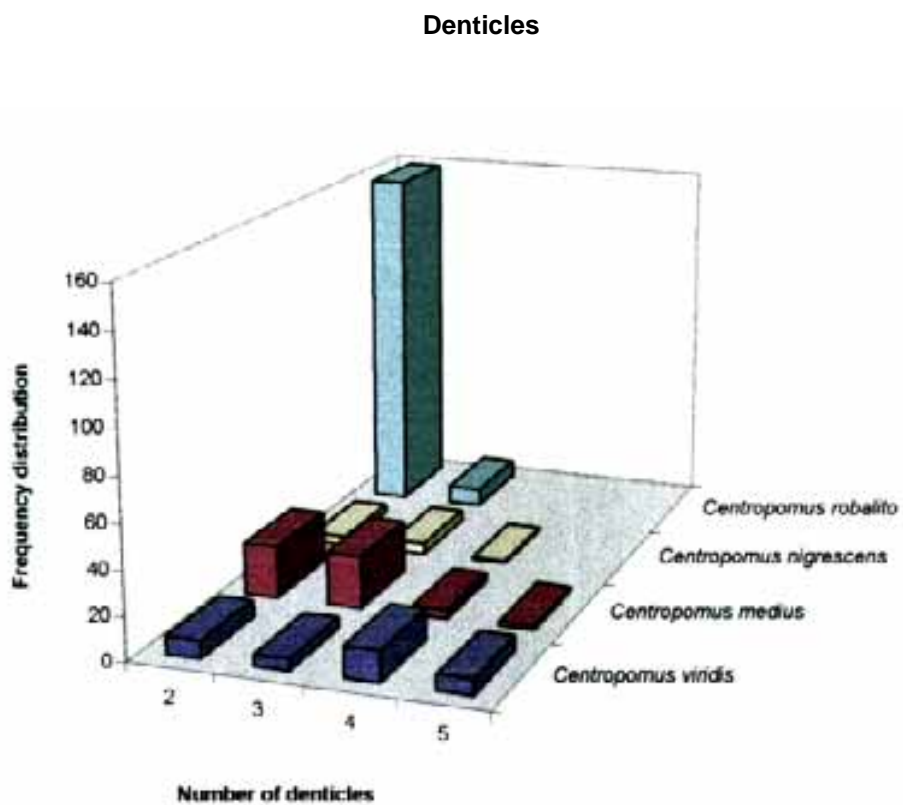


Upper limb gill raker counts



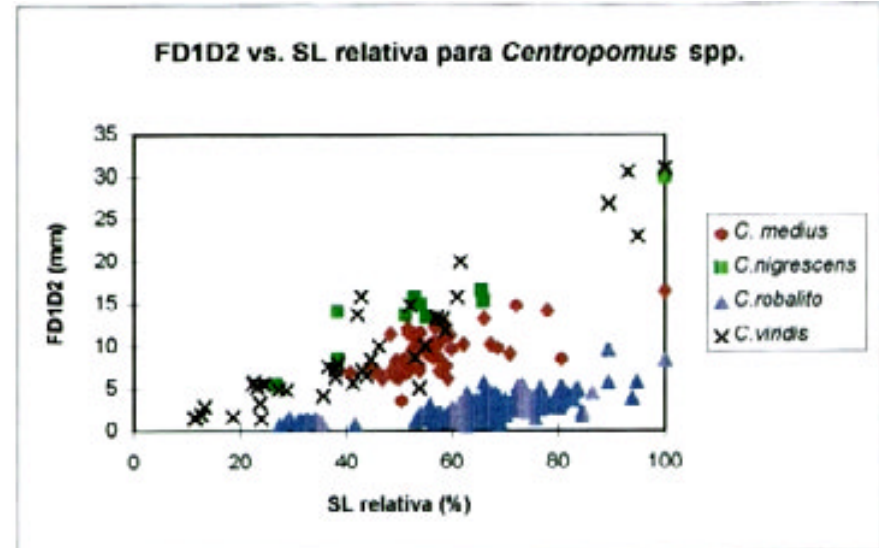
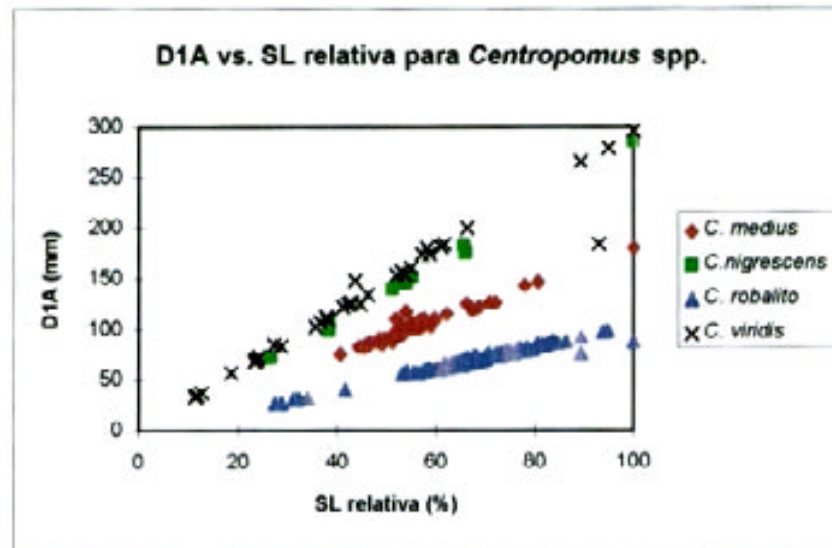
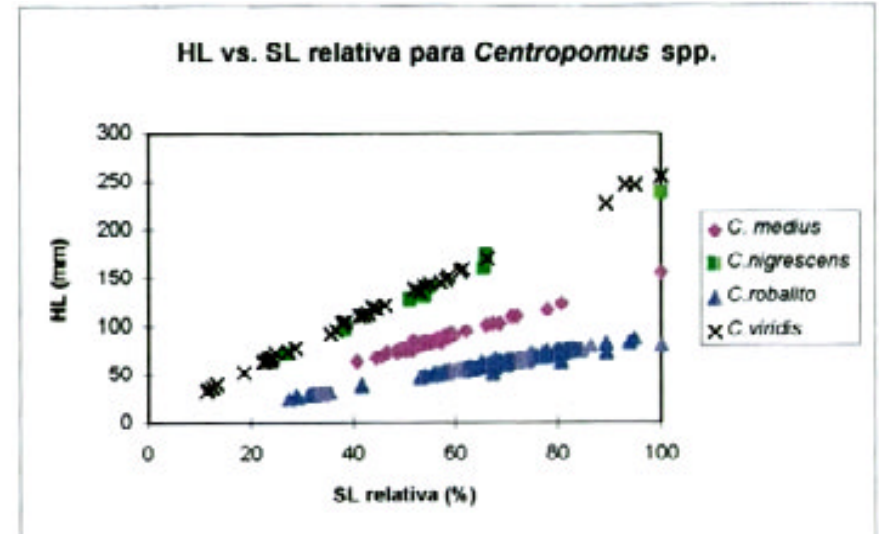
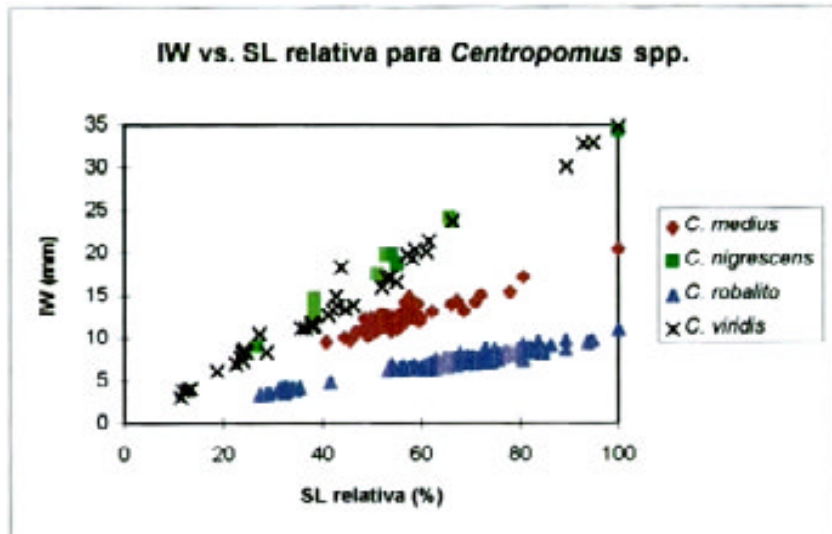
## Anexo 9

Frequency distribution of denticle count at angle of preopercle  
in four species of *centropomus*



Caracteres morfométricos vs. SL relativa para cuatro especies de *Centropomus*

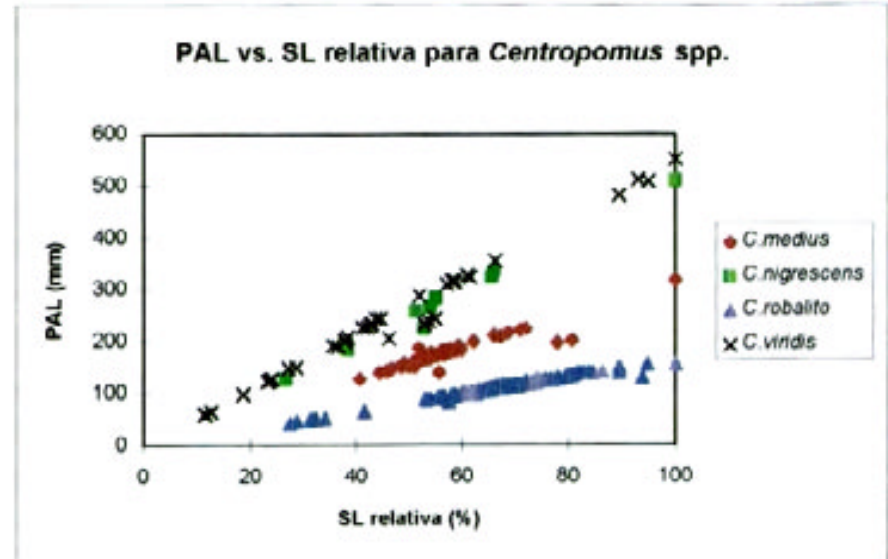
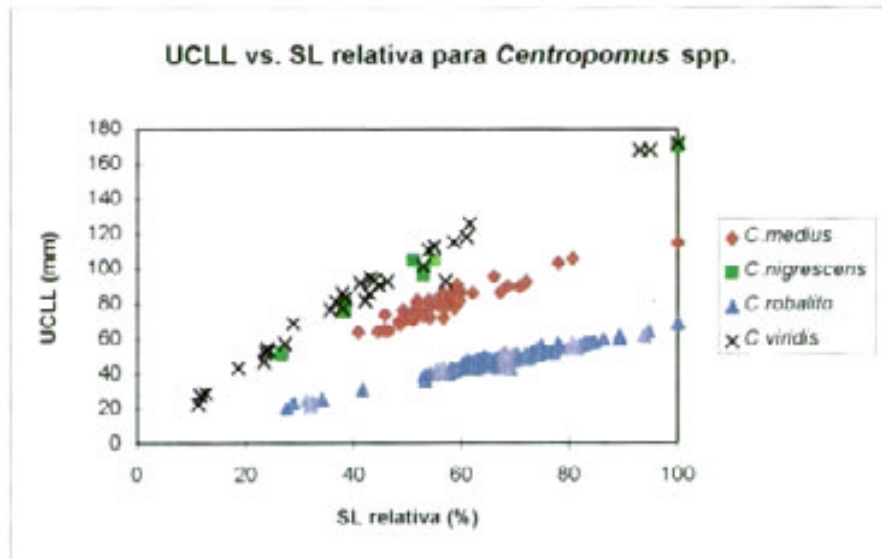
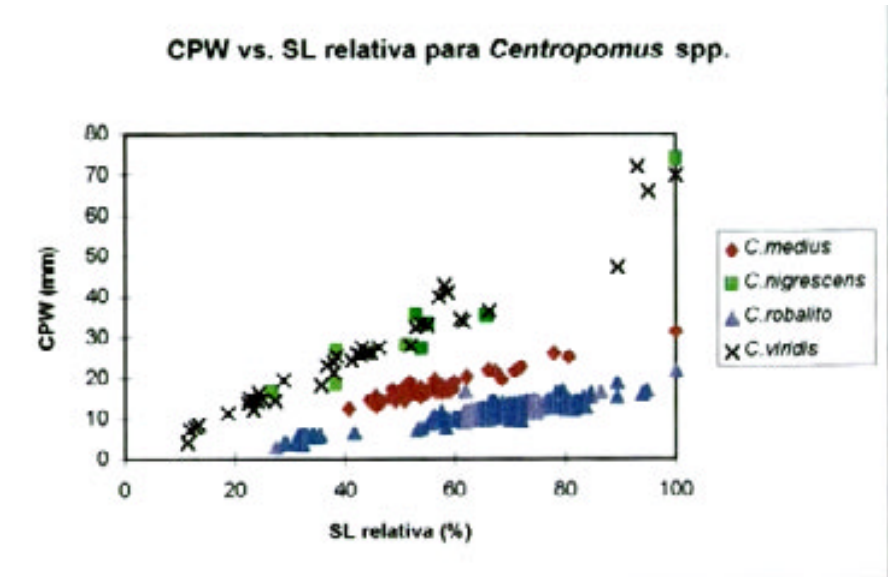
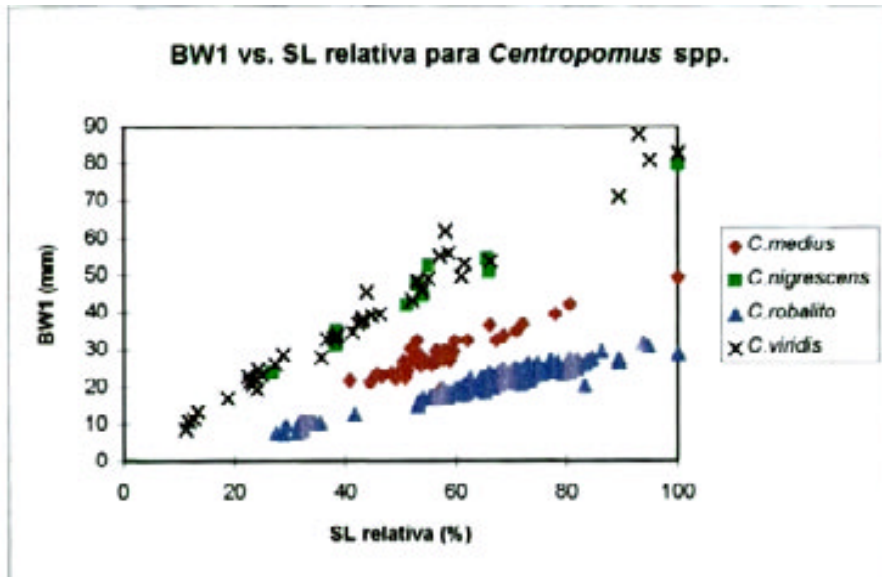
Anexo 10





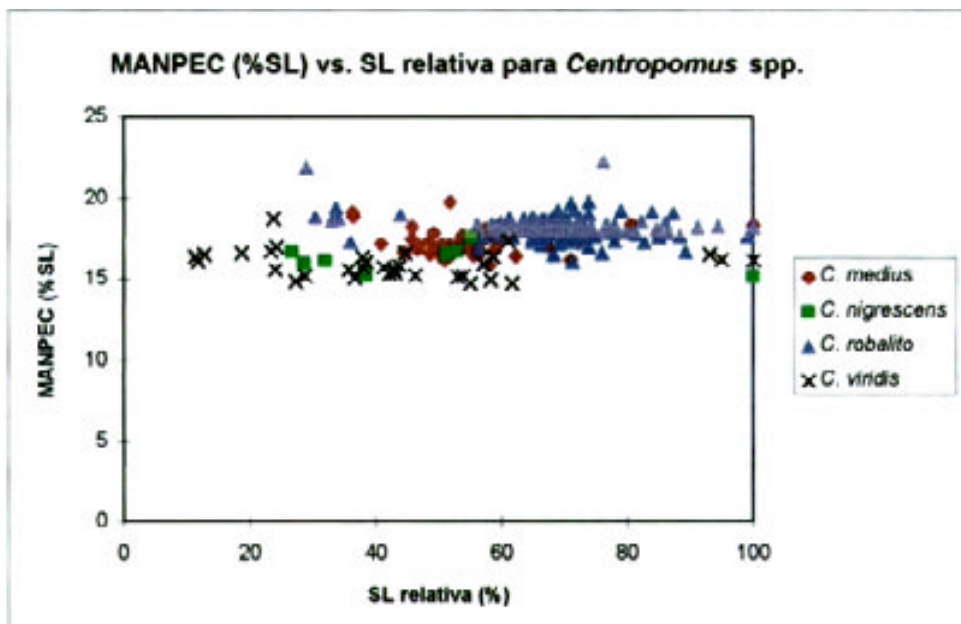
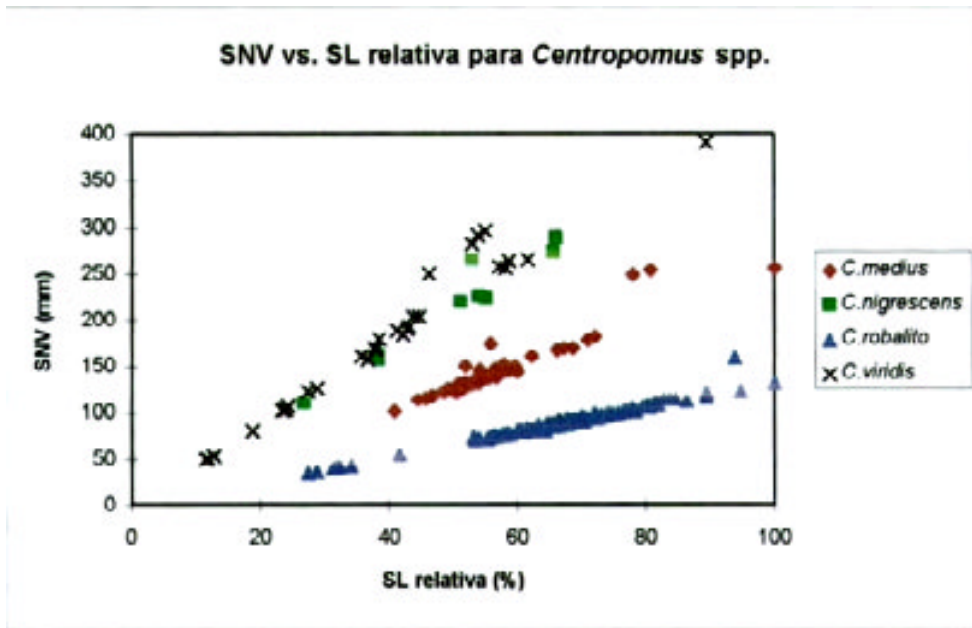
# Anexo 11

## Caracteres morfométricos vs. SL relativa para cuatro especies de *Centropomus*



## Anexo 12

Caracteres morfométricos vs. SL relativa para cuatro especies de *Centropomus*



## Anexo 13

Mediciones (en mm) y proporciones (en porcentaje de la Longitud Standard) para cuatro especies de *Centropomus*

CARACTER	<i>Centropomus medius</i>				<i>Centropomus nigrescens</i>				<i>Centropomus robalito</i>				<i>Centropomus viridis</i>			
	n	Intervalo	Promedio	DS	n	Intervalo	Promedio	DS	n	Intervalo	Promedio	DS	n	Intervalo	Promedio	DS
<b>Morfométricos</b>																
<b>TL (mm)</b>	54	217 - 560.3	324.61		14	242 - 879.6	459.2		239	80.5 - 277	197.01		43	109 - 925	412.32	
<b>FL (mm)</b>	55	186 - 502.74	284.07		10	217 - 809.4	388.57		163	72 - 247	168.04		37	85 - 815	330.45	
<b>SL (mm)</b>	55	157.5 - 434.31	242.92		12	189 - 706.3	358.31		255	62 - 214	151.81		44	86 - 755	327.23	
<b>HL (mm)</b>	55	59.15 - 156	85.765		14	71.42 - 238	128.6		222	24.96 - 87.69	59.97		41	33.15 - 255	113.87	
<b>MAN(%SL)</b>	53	18.812 - 21.707	19.695	0.44	9	18.478 - 20.61	19.386	0.693	179	17.663 - 22.66	19.876	0.582	38	18.452 - 22.663	20.34	1.03
<b>MAX(%SL)</b>	53	12.694 - 14.56	13.318	0.34	9	12.223 - 14.19	13.381	0.62	172	12.202 - 14.71	13.502	0.373	38	11.982 - 15.901	13.707	0.98
<b>SN(%SL)</b>	55	9.209 - 11.472	9.971	0.43	12	8.3 - 9.392	8.828	0.33	222	9.143 - 12.04	10.447	0.376	41	8.737 - 10.581	9.379	0.41
<b>OD(%SL)</b>	55	5.473 - 10.452	7.334	0.74	12	3.141 - 6.349	4.766	0.905	222	5.682 - 9.185	6.93	0.595	41	3.104 - 8.365	5.131	1.24
<b>IW(%SL)</b>	55	4.436 - 5.908	5.077	0.34	12	4.778 - 5.402	5.006	0.22	222	4.121 - 5.793	4.866	0.284	41	3.605 - 5.555	4.331	0.36
<b>BW1(%SL)</b>	55	7.791 - 14.156	11.574	0.88	12	10.939 - 13.498	12.213	0.825	207	10.883 - 16.18	14.222	0.855	40	10.093 - 14.102	11.939	0.96
<b>BW2(%SL)</b>	53	11.047 - 15.604	12.839	0.85	9	10.491 - 13.72	12.772	1.034	137	9.742 - 16.56	14.129	1.205	36	9.337 - 15.205	12.967	1.07
<b>SNSO(%SL)</b>	53	28.566 - 34.998	29.95	1.02	9	28.316 - 31.66	30.254	1.163	151	27.097 - 32.98	30.575	0.866	35	26.593 - 31.738	29.273	1.09
<b>MANSO(%SL)</b>	55	23.649 - 29.242	25.085	0.94	12	20.878 - 22.79	21.804	0.702	222	20.099 - 31.1	23.696	1.542	41	19.383 - 30.554	21.308	1.76
<b>MANPEC(%SL)</b>	55	15.849 - 19.769	17.341	0.74	9	15.149 - 17.57	16.142	0.814	152	16.067 - 22.25	18.09	0.801	34	14.733 - 18.721	15.939	0.85
<b>SOPEC(%SL)</b>	53	14.535 - 18.747	15.941	0.8	9	13.875 - 15.88	14.933	0.861	151	15.946 - 19.06	17.559	0.64	34	10.813 - 16.13	13.993	1.11
<b>PEC(%SL)</b>	53	16.291 - 21.724	18.921	1.1	9	12.311 - 18.48	17.22	1.883	151	19.774 - 26.93	24.959	0.987	32	16.534 - 20.802	18.679	0.96
<b>PECPEL(%SL)</b>	53	8.089 - 12.276	9.981	0.71	9	7.834 - 9.069	8.267	0.415	136	7.442 - 10.66	8.979	0.58	33	6.902 - 10.2	8.488	0.71
<b>PEL(%SL)</b>	55	20.381 - 26.631	23.128	1.23	9	17.839 - 19.975	18.858	0.622	152	21.323 - 26.17	23.781	0.943	33	14.261 - 22.33	19.753	1.72
<b>PPEL(%SL)</b>	53	36.223 - 42.702	37.943	1.17	9	35.486 - 38.708	36.6	1.067	136	35.618 - 42.79	37.189	0.987	33	35.099 - 40.151	36.692	1.11
<b>PPEL(%SL)</b>	53	29.817 - 34.88	30.963	0.82	9	29.591 - 33.053	31.412	0.938	136	31.781 - 37.52	33.557	0.891	33	29.789 - 33.832	31.4	1.16
<b>HL (%SL)</b>	55	33.625 - 38.19	35.338	0.9	12	33.697 - 37.788	35.741	1.183	222	33.474 - 42.84	40.066	1.047	41	33.63 - 39.762	35.774	1.64
<b>PD1(%SL)</b>	53	29.162 - 47.093	40.537	1.96	9	39.501 - 41.879	40.768	0.87	136	37.513 - 44.56	41.255	0.936	33	38.212 - 41.979	40.035	0.84
<b>DIPEL(%SL)</b>	53	24.65 - 31.684	26.61	1.3	9	20.085 - 23.38	22.416	1.101	151	23.780 - 30.93	27.521	1.218	34	20.132 - 27.167	22.616	1.83
<b>DIPEC(%SL)</b>	53	15.880 - 23.853	20.684	1.03	9	17.296 - 19.012	18.443	0.52	136	18.759 - 22.36	20.432	0.72	33	16.188 - 21.709	17.756	1.21
<b>DIA(%SL)</b>	55	39.366 - 50.5	42.514	1.8	12	36.417 - 40.492	38.62	1.029	150	41.8 - 48.74	45.465	1.189	37	37.012 - 44.97	39.392	1.29
<b>SODI(%SL)</b>	53	6.217 - 14.071	11.187	1.06	9	10.306 - 11.498	10.83	0.503	136	9.029 - 13.15	10.927	0.741	33	9.831 - 14.35	11.187	0.84

<b>D1B(%SL)</b>	53	18.634	- 22.716	20.5	0.89	9	17.768 - 21.096	19.562	1.027	136	19.444	- 25.28	22.761	0.839	33	19.42	- 25.518	21.444	1.2
<b>DSP1(%SL)</b>	51	0.591	- 2.146	1.439	0.39	12	0.803 - 2.116	1.131	0.358	206	1.948	- 4.615	2.875	0.461	36	0.285	- 2.475	1.078	0.49
<b>DSP2(%SL)</b>	55	2.597	- 5.714	4.493	0.79	12	1.982 - 4.233	2.925	0.772	195	3.642	- 9.231	6.343	0.891	40	1.423	- 6.035	3.489	1.15
<b>DSP3(%SL)</b>	53	16.041	- 24	19.84	1.47	9	13.867 - 18.264	15.156	1.361	135	17.322	- 23.8	20.81	1.137	36	14.583	- 20.606	17.656	1.17
<b>DSP4(%SL)</b>	52	15.017	- 22.222	18.014	1.44	9	13.917 - 15.841	14.818	0.682	136	17.006	- 26.26	19.446	1.147	36	13.950	- 19.091	16.261	1.14
<b>FD1PEL(%SL)</b>	53	32.362	- 39.396	34.67	1.24	9	28.794 - 34.688	31.705	1.655	136	31.364	- 39.85	36.201	1.364	33	29.451	- 39.745	32.999	1.76
<b>FD1A(%SL)</b>	53	26.867	- 34.64	29.027	1.42	9	23.845 - 27.042	25.557	1.151	136	27.708	- 33.08	30.268	1.049	33	22.182	- 30.018	24.999	1.54
<b>FD1FA(%SL)</b>	53	26.746	- 34.244	29.124	1.28	9	26.614 - 29.166	27.845	0.86	136	28.224	- 32.56	30.41	0.879	33	25.063	- 30.718	27.58	1.3
<b>PD2(%SL)</b>	53	61.827	- 73.556	64.06	1.61	9	62.731 - 64.231	63.31	0.558	136	59.627	- 68.63	63.662	1.2	33	59.920	- 69.242	63.093	1.41
<b>D2A(%SL)</b>	53	26.004	- 33.498	28.163	1.38	9	23.332 26.051	24.721	0.937	136	27.586	- 32.95	29.841	1.058	33	22	- 29.479	24.568	1.53
<b>D2FA(%SL)</b>	53	25.215	- 31.56	26.969	1.06	9	23.421 - 26.901	25.361	1.005	136	27.268	- 31.73	29.442	0.862	33	24.457	- 29.8	26.228	1.04
<b>FD1D2(%SL)</b>	55	1.644	- 6.07	3.934	0.88	12	2.942 - 5.209	3.858	0.661	222	0.401	- 3.832	1.763	0.603	40	0.812	- 4.926	2.744	0.94
<b>D2SP(%SL)</b>	55	6.272	- 14.632	8.697	1.33	9	5.352 - 9.734	7.684	1.506	137	7.386	- 18.33	10.45	1.104	33	5.695	- 12.36	8.541	1.36
<b>D2H(%SL)</b>	54	18.85	- 25.95	21.787	1.52	9	17.415 - 20.48	19.286	1.069	134	19.895	- 24.71	22.173	0.999	32	16.291	- 23.595	19.955	1.62
<b>D2B(%SL)</b>	53	14.009	- 17.169	15.484	0.71	9	15.429 - 16.42	15.967	0.341	136	16.408	- 19.49	17.769	0.611	33	15.139	- 17.982	16.326	0.67
<b>FD2A(%SL)</b>	53	20.676	- 26.222	22.701	1.01	9	19.501 - 21.945	21.122	0.735	136	17.274	- 25.5	22.791	0.975	31	18.549	- 23.861	20.277	1.1
<b>FD2FA(%SL)</b>	53	13.435	- 18.387	15.068	0.83	9	13.853 - 16.152	15.129	0.684	136	14.157	- 18.72	15.954	0.786	31	13.5	- 17.776	14.559	0.86
<b>FD2UC(%SL)</b>	53	19.035	- 24.431	21.261	0.94	9	19.269 - 22.233	20.601	1.108	134	15.406	- 21.37	19.328	1.049	33	19.128	- 23.285	20.749	0.95
<b>FD2LC(%SL)</b>	53	22.278	- 29.498	25.126	1.1	9	23.637 - 26.164	24.93	0.792	134	21.603	- 31	23.642	1.155	33	22.844	- 27.809	24.461	0.97
<b>UCLC(%SL)</b>	53	11.902	- 14.271	12.807	0.45	9	11.731 - 13.45	12.818	0.548	134	10.617	- 15.67	12.844	0.552	33	10.856	- 13.564	12.113	0.67
<b>FALC(%SL)</b>	53	14.15	- 20.705	17.61	1.23	9	18.47 - 20.857	19.586	0.927	134	13.117	- 21.15	15.444	1.23	33	16.319	- 20.648	18.323	0.93
<b>FAUC(%SL)</b>	53	19.83	- 25.031	22.064	0.88	9	21.51 - 25.603	23.969	1.292	134	14.868	- 23.88	20.908	0.982	33	20.365	- 25.53	22.465	0.94
<b>CPD(%SL)</b>	53	9.856	- 12.307	10.879	0.52	9	9.839 - 11.541	11.053	0.495	150	8.544	- 13.15	11.693	0.53	34	9.2069	- 12.339	10.531	0.63
<b>CPW(%SL)</b>	55	6.551	- 8.542	7.224	0.45	12	6.908 - 10.477	8.647	1.12	207	4.849	- 11.99	7.753	0.853	40	4.907	- 10.249	8.134	0.94
<b>UCLL(%SL)</b>	51	26.479	- 37.36	32.767	2.09	9	24.069 - 30.504	27.993	2.162	134	27.393	- 36.54	31.67	1.36	32	21.571	- 31.797	27.572	2.49
<b>MCRL(%SL)</b>	53	9.817	- 17.503	15.127	1.22	9	12.884 - 15.146	14.197	0.687	134	11.783	- 17.22	15.122	0.94	32	11.258	- 15.858	13.508	1.14
<b>ABL(%SL)</b>	53	11.219	- 14.236	12.713	0.7	9	10.148 - 11.851	11.094	0.561	136	10.693	- 13.48	12.203	0.554	33	10.599	- 12.681	11.47	0.49
<b>ASP1(%SL)</b>	53	2.878	- 5.037	3.959	0.53	12	1.606 - 3.439	2.3153	0.575	206	2.721	- 6.154	4.128	0.495	40	1.255	- 6.43	2.649	1.04
<b>ASP2(%SL)</b>	53	17.729	- 27.119	22.395	1.8	12	10.839 - 17.822	13.462	2.096	206	21.942	- 32.9	28.968	1.756	39	11.576	- 28.09	17.176	3.7
<b>ASP3(%SL)</b>	53	17.499	- 26.554	21.972	1.82	9	10.705 - 16.832	13.767	1.99	206	17.857	- 25.76	21.588	1.392	36	11.614	- 22.472	16.259	2.7
<b>AV(%SL)</b>	53	12.580	- 16.458	14.449	0.96	8	9.518 - 12.412	11.067	1.029	151	10.451	- 16.7	14.588	1.062	30	10.605	- 13.55	12.089	0.66
<b>PELV(%SL)</b>	53	19.514	- 24.548	21.211	1.04	8	21.603 - 25.364	23.094	1.345	151	19.147	- 26.64	22.947	1.194	30	19.115	- 25.985	23.247	1.78
<b>PELA(%SL)</b>	53	33.421	- 39.107	35.575	1.26	8	30.910 - 36.756	33.919	1.968	151	30.354	- 41.78	37.284	1.653	30	30.813	- 38.897	34.866	1.95
<b>PAL(%SL)</b>	53	57.864	- 83.556	72.124	3.97	12	60.218 - 72.453	69.502	3.323	151	61.556	- 77.88	73.312	1.866	36	58.805	- 74.242	69.692	4.15
<b>SNV(%SL)</b>	53	55.577	- 73.835	59.238	3.82	11	57.425 - 70.924	60.202	3.814	151	55.670	- 75.47	58.9	1.819	30	55.688	- 71.84	60.435	4.64

## Anexo 14

Carácteres merísticos (incluyendo intervalos, modas, medias y desv. estándar) de cuatro especies de *Centropomus*

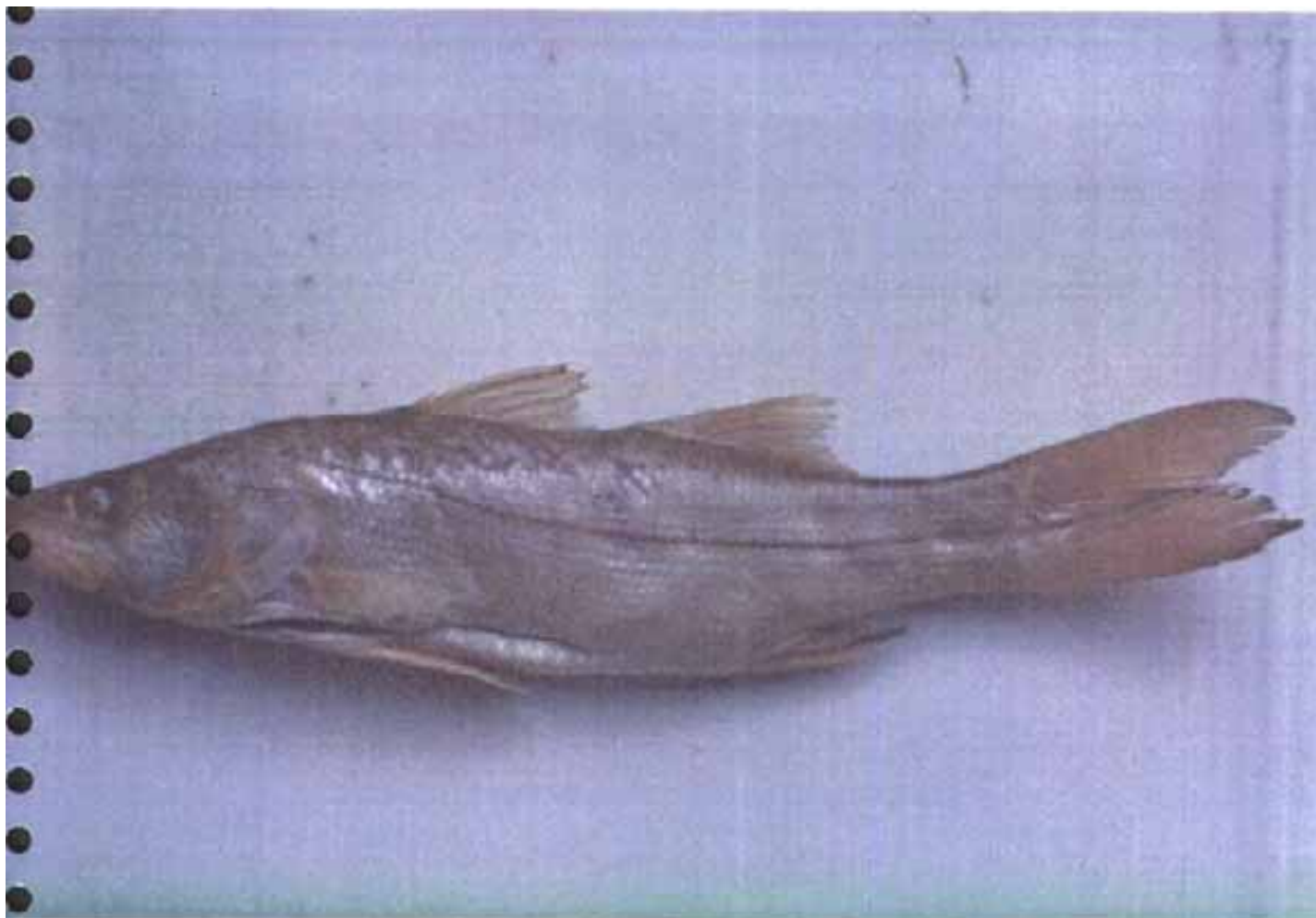
CARACTER	<i>Centropomus medius</i>					<i>Centropomus nigrescens</i>					<i>Centropomus robalito</i>					<i>Centropomus viridis</i>					
	n	Intervalo	Moda	Media	DS	n	Intervalo	Moda	Media	DS	n	Intervalo	Moda	Media	SD	n	Intervalo	Moda	Media	DS	
Merístico																					
<b>DR</b>	55	10 - 10	10	10	0	14	9 - 10	10	9.93	0.27	177	9 - 11	10	10.01	0.13	40	8 - 9	9	8.975	0.16	
<b>AR</b>	55	7 - 8	7	7.036	0.19	14	6 - 6	6	6	0	177	6 - 7	6	6.011	0.11	40	6 - 6	6	6	0	
<b>PECR</b>	55	13 - 15	14	14	0.27	10	15 - 15	15	15	0	223	14 - 16	15	14.94	0.46	37	14 - 16	15	15.11	0.46	
<b>SCLL</b>	54	48 - 51	49	49.06	0.76	10	70 - 73	70	70.9	1.1	171	45 - 50	48	48.23	0.87	35	69 - 76	70	71.94	2.06	
<b>SCD2</b>	53	8 - 12	10	9.868	0.71	10	11 - 13	12	11.8	0.79	164	7 - 8	7	7.36	0.48	36	10 - 13	11	11.25	0.65	
<b>SCA</b>	53	10 - 15	12	11.49	0.97	10	13 - 16	15	14.5	1.08	163	9 - 12	10	10.29	0.53	33	12 - 14	13	13.24	0.61	
<b>SCCP</b>	53	19 - 22	20	20.06	0.41	10	28 - 30	28	28.8	0.92	212	18 - 22	20	20.2	0.59	34	25 - 30	28	27.26	1.29	
<b>DENT</b>	54	2 - 5	2	2.704	0.77	10	2 - 4	3	2.7	0.67	167	2 - 3	2	2.048	0.21	34	2 - 5	4	3.588	1.08	
<b>LLGR</b>	51	13 - 16	14	14.43	0.7	6	8 - 9	8	8.5	0.55	250	11 - 20	15	15.52	1.3	31	8 - 11	10	9.581	0.72	
<b>LR</b>	50	2 - 5	3	2.78	0.76	5	4 - 7	4	5	1.22	175	1 - 7	4	3.514	1.26	29	3 - 7	5	4.793	1.01	
<b>LLGRtotal</b>	50	16 - 19	17	17.22	0.62	5	13 - 15	13	13.6	0.89	175	17 - 21	18	18.66	0.81	29	13 - 15	14	14.34	0.61	
<b>ULGR</b>	51	5 - 6	6	5.569	0.5	6	3 - 4	3	3.5	0.55	250	5 - 10	8	7.84	0.99	31	3 - 5	4	4	0.37	
<b>UR</b>	40	0 - 3	1	1.35	0.58	5	2 - 5	3	3.4	1.14	171	0 - 7	3	2.556	1.05	29	1 - 4	2	2.034	0.63	
<b>ULGRtotal</b>	40	6 - 8	7	6.825	0.59	5	6 - 8	7	7	0.71	171	8 - 12	10	10.11	0.81	29	5 - 7	6	6.034	0.5	

**Anexo 15**



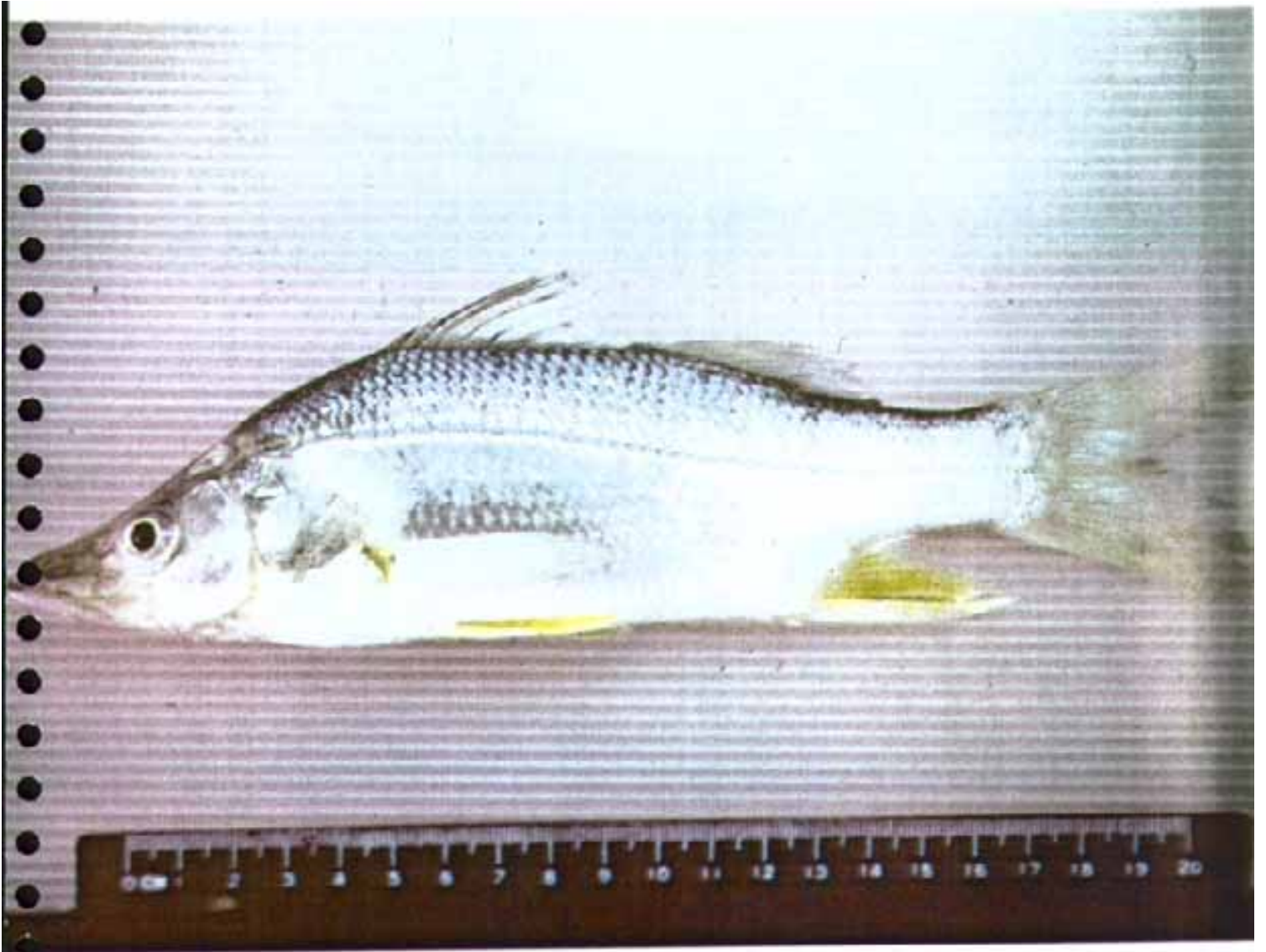
***Centropomus medius* Günther, 1864**

**Anexo 16**



*Centropomus nigrescens* Günther, 1864

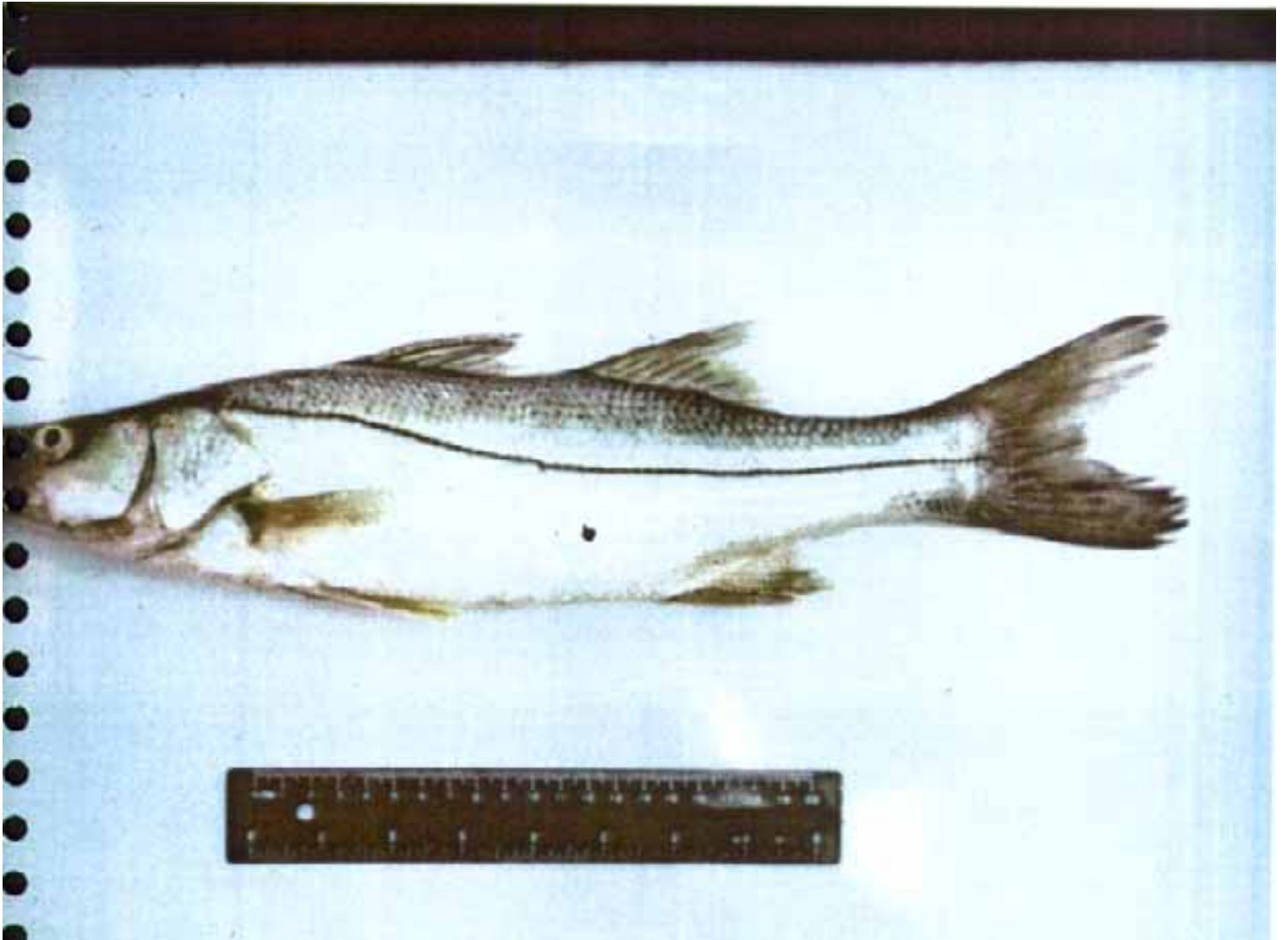
Anexo 17



*Centropomus robalito* Jordan & Gilbert, 1882



**Anexo 18**



***Centropomus viridis* Lockington, 1877**

## Anexo 19

### Número de muestras de ADN aislado de diferentes tejidos de *Centropomus* spp.

ESPECIE	F	G	H	L	M	Gn	TOTAL
<i>Centropomus robalito</i>	25	3	0	0	131	0	159
<i>Centropomus viridis</i>	8	1	4	2	92	0	107
<i>Centropomus nigrescens</i>	1	0	0	0	29	0	30
<i>Centropomus medius</i>	14	7	7	7	90	7	132
<b>TOTAL</b>	48	11	11	9	342	7	428

F=finclip, porción de aleta  
pélvica  
G=gill, branquia  
H=heart, corazón,  
L=liver, hígado  
M=muscle, músculo  
Gn=gonad, gónada

# Anexo 20

Relación del número de muestras de tejidos analizadas para aislamiento de ADN por especie y localidad de recolecta del proyecto CONABIO G008/95

ESPECIE	LOCALIDAD	TEJIDOS					
		G	H	L	M	Gn	F
<i>Centropomus medius</i>	Bahía Bacoichampo. Son.	0	0	0	2	0	0
	Estero El Rancho. Las Guásimas, Son.	0	0	0	4	0	0
	Estero Tortuga. Las Guásimas, Son.	0	0	0	1	0	1
	Cercanías de Culiacán, Sin.	0	0	0	8	0	1
	Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.	7	7	7	64	7	12
	Teacapán. Sin.	0	0	0	4	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	0	0	3	0	0
	San Blas, Nay.	0	0	0	4	0	0
	Chiapam, Guatemala*	0	0	0	0	0	0
<i>Centropomus robalito</i>	San José de Guaymas, Son.	0	0	0	0	0	0
	Estero Tortuga-río Muerto, Son.	0	0	0	7	0	7
	Desembocadura río Yaqui, Son.	0	0	0	0	0	0
	Arroyo Tojahui, Huatabampo, Son.	0	0	0	5	0	0
	Bahía Topolobampo, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Cerro Cabezón, bahía Navachiste, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Bahía Santa María, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Zona Mármol-Piaxtla. Sin.	0	0	0	6	0	0
	Frente a Mazatlán. Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo Botadero. lag. Huizache-Caimanero. Sin.	0	0	0	0	0	0
	Tapo el Ostial, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Tapo Caimanero, lag. Huizache-Caimanero, Chametla, Sin.	3	0	0	68	0	17
	Huerta de Escutia, cerca de Teacapán, Sin.	0	0	0	0	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	0	0	32	0	1
	San Blas, Nay.	0	0	0	12	0	0
	<i>Centropomus viridis</i>	Guaymas, Son.	0	0	0	1	0
Estero Miramar, Guaymas, Son.		0	0	0	0	0	0
Bahía Bacoichampo, Son.		0	0	0	1	0	0
Estero Tortuga. Son.		0	0	0	1	0	1
Arroyo Tojahui, Huatabampo, Son.		0	0	0	0	0	0
Bahía Topolobampo, Sin.		0	0	0	0	0	0
Cercanías de Culiacán, Sin.		1	0	0	7	0	3
Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.	0	0	0	3	0	2	
<i>Centropomus viridis</i>	Cercanías de Mazatlán. Sin.	0	0	0	4	0	0
	Boca estero del Yugo. playa Brujas, Mazatlán,	0	0	0	8	0	0
	Frente al río Presidio, Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo Botadero, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo el Ostial, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	3	0	0
	Teacapán, Sin.	0	0	0	2	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	4	2	57	0	2
San Blas, Nay.	0	0	0	3	0	0	
<i>Centropomus nigrescens</i>	Zona de Piaxtla-Mármol, Sin.	0	0	0	3	0	1
	Tapo Caimanero, lag. Huizache-Caimanero. Sin.	0	0	0	1	0	0
	Tapo el Ostial, lag. Huizache-Caimanero, Sin.	0	0	0	2	0	0
	Laguna Agua Brava, Nay.	0	0	0	23	0	0
<i>Centropomus unionensis</i>	Chiapam, Guatemala *	0	0	0	0	0	0
	Puntarenas. Costa Rica	0	0	0	0	0	0
	Guanacaste, Costa Rica	0	0	0	0	0	0
<b>TOTAL: 5 especies</b>	29 localidades	11	11	9	342	7	48

## Anexo 21

Relación del número de especímenes de róbalo con productos PCR  
por zona y por especie

Amplificación PCR (primers 20/221-1)

ZONA	ESPECIE	NUMERO DE ESPECIMENES	TOTAL
NORTE	CM	4	12
	CN	0	
	CR	6	
	CV	2	
CENTRO	CM	38	79
	CN	2	
	CR	26	
	CV	13	
SUR	CM	4	75
	CN	20	
	CR	23	
	CV	28	

Total de especímenes: 166

A n e x o 2 2

Patrones electroforéticos obtenidos de la digestión de ADN con enzimas de restricción para cada especie

enzima sp.	Rsa I	Xba I	Msp I	Pst I	Cfo I	Hinf I	Pvu II	Apa II	Ava II	Sac I	Bam HI	Eco RV	Taq I	Hae III
<i>Centropomus medius</i>	A	A	D	A	E	F	A	A	A	A	A	A	A	J
<i>Centropomus nigrescens</i>	B	A	D	A	E	G	A	A	A	A	A	A	A	J
<i>Centropomus robalito</i>	C	A	D	A	E	H	A	A	A	A	A	A	A	J
<i>Centropomus viridis</i>	A	A	D	A	E	I	A	A	A	A	A	A	A	J

patrón	Sitios de restricción	longitudes observadas de los fragmentos (bp)
A	ninguno	~ 640
B	1	345 / 304
C	1	369 / 278
D	1	484 / 183
E	1	544 / 145
F	1	588 / 72
G	1	363 / 220
H	4	230 / 128 / 101 / 83 / 64
I	1	371 / 246
J	1	584 / 77

ADN mit		
patrón	haplotipo compuesto	especie
1	AADAEFAAAAAAAAAJ	<i>Centropomus medius</i>
2	BADAEGAAAAAAAAAJ	<i>Centropomus nigrescens</i>
3	CADAEHAAAAAAAAAJ	<i>Centropomus robalito</i>
4	AADAEIAAAAAAAAAAJ	<i>Centropomus viridis</i>