

INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA GENÓMICA



**“VALORACIÓN DE LA SITUACIÓN PRODUCTIVA Y VARIABILIDAD
GENÉTICA EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE BAGRE DE CANAL
Ictalurus punctatus (Rafinesque, 1818) EN MÉXICO”**

TESIS

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE
DOCTOR EN CIENCIAS EN BIOTECNOLOGÍA

PRESENTA

M. C. Ana Laura Lara Rivera

REYNOSA, TAMAULIPAS

NOVIEMBRE DE 2015

INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA GENÓMICA



**“VALORACIÓN DE LA SITUACIÓN PRODUCTIVA Y VARIABILIDAD
GENÉTICA EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE BAGRE DE CANAL
Ictalurus punctatus (Rafinesque, 1818) EN MÉXICO”**

TESIS

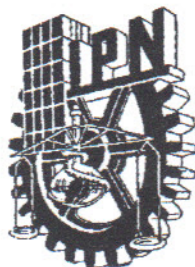
QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE
DOCTOR EN CIENCIAS EN BIOTECNOLOGÍA

PRESENTA

M. C. Ana Laura Lara Rivera

REYNOSA, TAMAULIPAS

NOVIEMBRE DE 2015




INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

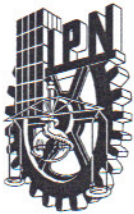
CARTA CESIÓN DE DERECHOS

En la Ciudad de Reynosa, Tamps. el día 24 del mes Noviembre del año 2015, la que suscribe Ana Laura Lara Rivera alumna del Programa de Doctorado en Ciencias en Biotecnología con número de registro A120697 adscrita a Centro de Biotecnología Genómica manifiesta que es autor intelectual del presente trabajo de Tesis bajo la dirección de los Dr. Gaspar Manuel Parra Bracamonte, Dr. Hervey Rodríguez González y cede los derechos del trabajo titulado “Valoración de la situación productiva y variabilidad genética en sistemas de producción de Bagre de canal en México” al Instituto Politécnico Nacional para su difusión, con fines académicos y de investigación.

Los usuarios de la información no deben reproducir el contenido textual, gráficas o datos del trabajo sin el permiso expreso de la autora y/o directores del trabajo. Este puede ser obtenido escribiendo a la siguiente dirección Blvd. del Maestro esq. con Elías Piña S/N Col. Narciso Mendoza, C.P. 88710 Cd. Reynosa, Tamaulipas, México Tels. 01-899 9243627, 9251656 . Si el permiso se otorga, el usuario deberá dar el agradecimiento correspondiente y citar la fuente del mismo.



Ana Laura Lara Rivera



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

SECRETARÍA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

ACTA DE REVISIÓN DE TESIS

En la Ciudad de Reynosa, Tamps. siendo las 12:00 horas del día 24 del mes de Noviembre del 2015 se reunieron los miembros de la Comisión Revisora de la Tesis, designada por el Colegio de Profesores de Estudios de Posgrado e Investigación de CBG para examinar la tesis titulada:

"Valoración de la situación productiva y variabilidad genética en sistemas de producción de Bagre de canal en México"

Presentada por el alumno:

Lara
Apellido paterno

Rivera
Apellido materno

Ana Laura
Nombre(s)

Con registro:

A	1	2	0	6	9	7
---	---	---	---	---	---	---


aspirante de:

Doctorado en Ciencias en Biotecnología

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

LA COMISIÓN REVISORA

Directores de tesis


Dr. Gaspar Manuel Parra Bracamonte


Dr. Hervey Rodríguez González


Dra. Ana María Sifuentes Rincón


Dr. Víctor Ricardo Moreno Medina


Dr. Netzahualcoyotl Mayek Pérez

PRESIDENTE DEL COLEGIO DE PROFESORES


Dr. Miguel Ángel Reyes López



v. AGRADECIMIENTOS

Dr. Manuel Parra Bracamonte. Por mostrarme las satisfacciones que únicamente se obtienen a partir del trabajo duro. Por acompañarme siempre en las buenas y en las malas. Por compartir conmigo tu experiencia y siempre procurar lo mejor para mí y para los míos. Por ser sobre todas las cosas el mejor de los amigos, muchísimas gracias.

Al laboratorio de Biotecnología Animal por incontables experiencias y momentos únicos. A la Dra. Ana María Sifuentes Rincón por su excelente liderazgo y constante motivación. A mi comité de tesis: Dr. Hervey Rodríguez, Dr. Netzahualcóyotl Mayek, Dr. Víctor Moreno y Dr. Xianwu Guo por sus aportaciones a esta tesis. A Paz Ambriz, Xóchitl De la Rosa y Diana Suárez por su contribución en este trabajo. Al personal del CBG que a lo largo de 6 años y medio hizo de mi estancia un tiempo memorable; a los que me apoyaron de alguna manera y también a los que pusieron obstáculos en mi camino, por ayudarme a superarme cada día para lograr mis metas.

A Mary López por ser mi cómplice en bioquímica y la vida diaria. Blanca Aurelia porque sin ti probablemente me hubiera vuelto loca. Gracias por su amistad, las llevaré en mi corazón toda la vida sin importar adonde vaya. A Estela y Abraham: este cubículo es lo mejor que me pasó en el doctorado.

Al CONACyT y Banco Santander por las becas otorgadas a lo largo de mi formación profesional. Al Instituto Politécnico Nacional por el apoyo económico y la oportunidad brindada de ser orgullosamente politécnica.

A todos los que de alguna manera me ayudaron a lograr esta meta y me acompañaron en el camino. **Muchas gracias.**

vi. DEDICATORIA

A mi razón de vivir cada día: **mi familia:** mi motor y mi combustible.

A mi esposa, Syntia. Mi cómplice, mi mejor amiga, mi compañera en las buenas y las malas; el amor de mi vida. Gracias por tu apoyo, por ayudarme a ser cada día una mejor persona. Te amo para siempre.

A mi madre. Porque siento tu presencia cada día en cada momento. Porque sin tu apoyo no estaría aquí. Porque trabajo todos los días por hacerte sentir orgullosa. Porque juntas podemos superarlo todo. Te amo infinitamente. Gracias.

A Manuel porque sin ti nada de esto sería posible. Porque tu trabajo y tu cariño están impresos en cada palabra de este documento, esto también es para ti.

vii. CONTENIDO

Sección	Página
AGRADECIMIENTOS	v
DEDICATORIA	vi
LISTA DE CUADROS	viii
LISTA DE FIGURAS	ix
LISTA DE APÉNDICES	x
PREFACIO	xi
CAPÍTULO 1. BAGRE DE CANAL (<i>Ictalurus punctatus</i>, Rafinesque, 1818) EN MÉXICO: ESTADO ACTUAL Y PROBLEMÁTICA	1
1.1. RESUMEN	2
1.2. ABSTRACT	3
1.3. INTRODUCCIÓN	4
1.3.1. DESCRIPCIÓN BIOLÓGICA DEL BAGRE DE CANAL	4
1.3.2. ACUACULTURA DE BAGRE DE CANAL	5
1.3.3. BAGRE DE CANAL EN MÉXICO	7
1.4. MATERIALES Y MÉTODOS	10
1.4.1. ANÁLISIS DEL SISTEMA PRODUCTIVO DE BAGRE DE CANAL EN MÉXICO	10
1.4.2. REVISIÓN DE LA OCURRENCIA DE PECES ICTALÚRIDOS EN MÉXICO	10
1.5. RESULTADOS	12
1.5.1. ANÁLISIS DE LA INDUSTRIA PRODUCTIVA DEL BAGRE DE CANAL EN MÉXICO	12

1.5.2. OCURRENCIA DE PECES ICTALÚRIDOS EN MÉXICO	17
1.6. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES	21
1.6.1. ANÁLISIS DE LA INDUSTRIA PRODUCTIVA DEL BAGRE DE CANAL EN MÉXICO	21
1.6.2. OCURRENCIA DE PECES ICTALÚRIDOS EN MÉXICO	24
1.7. AGRADECIMIENTOS	26
1.8. LITERATURA CITADA	27

CAPÍTULO 2. IDENTIFICACIÓN DE BAGRES DEL GÉNERO ICTALURUS EN AGUAS CONTINENTALES DE MÉXICO MEDIANTE CÓDIGO DE BARRAS DE ADN	30
--	----

2.1. RESUMEN	31
2.2. ABSTRACT	32
2.3. INTRODUCCIÓN	33
2.4. MATERIALES Y MÉTODOS	34
2.5 RESULTADOS	36
2.6. DISCUSIÓN	39
2.7. LITERATURA CITADA	42

CAPÍTULO 3. DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE BAGRE DE CANAL (<i>Ictalurus punctatus</i>, RAFINESQUE, 1818) EN AGUAS CONTINENTALES DE MÉXICO	44
--	----

3.1. RESUMEN	45
3.2. ABSTRACT	46
3.3. INTRODUCCIÓN	47
3.4. MATERIALES Y MÉTODOS	50
3.4.1. MATERIAL BIOLÓGICO	50
3.4.2. PURIFICACIÓN DE ADN	51

3.4.3. AMPLIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES NUCLEARES	51
3.4.4. GENOTIPIFICACIÓN	52
3.4.5 ANÁLISIS DE DATOS	53
3.5. RESULTADOS	55
3.6. DISCUSIÓN	59
3.7. LITERATURA CITADA	64
CAPÍTULO 4. BAGRE DE CANAL (<i>Ictalurus punctatus</i>, RAFINESQUE, 1818) EN LA ACUACULTURA MEXICANA: ESTRUCTURA POBLACIONAL Y DIVERSIDAD GENÉTICA	67
4.1. RESUMEN	68
4.2. ABSTRACT	70
4.3. INTRODUCCIÓN	72
4.4. MATERIALES Y MÉTODOS	76
4.4.1. MATERIAL BIOLÓGICO	76
4.4.2. PURIFICACIÓN DE ADN	77
4.4.3. AMPLIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES NUCLEARES	77
4.4.4. GENOTIPIFICACIÓN	78
4.4.5 ANÁLISIS DE DATOS	78
4.5. RESULTADOS	80
4.6. DISCUSIÓN	85
4.7. LITERATURA CITADA	89
xii. CONCLUSIONES GENERALES	93
xiii. APÉNDICES	95

viii. LISTA DE CUADROS

Cuadro	Página
Cuadro 1.1. Requerimientos físico-químicos del agua para producción de bagre de canal	7
Cuadro 1.2. Bagres del género <i>Ictalurus</i> en México	8
Cuadro 1.3. Características principales de las granjas reproductoras de Bagre de canal de México	15
Cuadro 1.4. Características principales de las granjas de engorde de Bagre de canal de México	16
Cuadro 1.5. Avistamientos de bagre de canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en ríos Mexicanos	17
Cuadro 1.6. Presas mexicanas reportadas como hábitat de bagre de canal	18
Cuadro 1.7. Ocurrencia de bagre de canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	20
Cuadro 2.1. Identificación de Bagres del Género <i>Ictalurus</i> en Aguas Continentales Mexicanas	37
Cuadro 2.2. Distribución de bagres en México: reportes previos y actuales	41
Cuadro 3.1. Panel de microsátélites usado para el análisis de poblaciones de <i>Ictalurus punctatus</i>	51
Cuadro 3.2. Principales Indicadores de Diversidad Genética de Poblaciones de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en Aguas Continentales de México	56
Cuadro 3.3. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)	56
Cuadro 3.4. Equilibrio de Hardy Weinberg de Poblaciones de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en Aguas Continentales de México con 13 microsátélites nucleares	57
Cuadro 3.5. Distancia genética de poblaciones de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en aguas continentales de México	57
Cuadro 3.6. Tamaño Efectivo de Población (Ne) e Intervalos de Confianza (95%) de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México.	58
Cuadro4.1. Panel de microsátélites usado para el análisis de poblaciones domésticas de bagre de canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	77

Cuadro 4.2. Principales Indicadores de Diversidad Genética de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	81
Cuadro 4.3. Distancia genética de poblaciones domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) de México	82
Cuadro 4.4. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	82
Cuadro 4.5. Equilibrio de Hardy Weinberg de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	83
Cuadro 4.6. Tamaño Efectivo de Población (N_e) e Intervalos de Confianza (95%) de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México.	84

ix. LISTA DE FIGURAS

Figura	Página
Figura 1.1. Bagre de canal, <i>Ictalurus punctatus</i>	4
Figura 1.2. Ciclo de producción de bagre de canal (<i>Ictalurus punctatus</i>).	6
Figura 3.1. Sitios de muestreo de poblaciones de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en aguas continentales de México	50
Figura 3.2. Electroferograma para la asignación de tamaños alélicos	52
Figura 3.3. Estructura población inferida de Poblaciones de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) de Aguas Continentales Mexicanas.	58
Figura 4.1. Área de distribución nativa del bagre de canal <i>Ictalurus punctatus</i>	72
Figura 4.2. Producción de Bagre de Canal por Estado en México mediante Acuacultura	73
Figura 4.3. Sitios de muestreo de poblaciones domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	76
Figura 4.4. Estructura población inferida de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (<i>Ictalurus punctatus</i>) en México	81

x. LISTA DE APÉNDICES

Título	Página
Apéndice 1. Protocolo modificado de extracción de ADN genómico	95
Apéndice 2. Condiciones de amplificación mediante PCR de los microsatélites (concentraciones y protocolos)	96
Apéndice 3. Frecuencias alélicas por <i>locus</i> de poblaciones de bagre de canal en aguas continentales de México	97
Apéndice 4. Estimadores de diversidad genética de cada población para cada <i>locus</i> de poblaciones de bagre de canal en aguas continentales de México	105
Apéndice 5. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg para cada <i>locus</i> y población de bagre de canal en aguas continentales de México	110
Apéndice 6. Alelos privados de poblaciones de bagre de canal en aguas continentales de México	114
Apéndice 7. Trampas para captura de bagres de agua dulce	117
Apéndice 8. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg para cada población y <i>locus</i> de poblaciones domésticas de bagre de canal en México	118
Apéndice 9. Frecuencias alélicas de poblaciones domésticas de bagre de canal en México por <i>locus</i>	126
Apéndice 10. Principales indicadores de diversidad genética poblaciones domésticas de bagre de canal en México por <i>locus</i> .	141
Apéndice 11. Alelos privados de poblaciones domésticas de bagre de canal en México	151

xi. PREFACIO

El bagre de canal, *Ictalurus punctatus* es uno de los peces dulceacuícolas con mayor presencia en la acuicultura a nivel mundial. México es sitio de origen de 10 especies del género *Ictalurus*, de las cuales únicamente *I. punctatus* se aprovecha comercialmente. El presente trabajo representa un esfuerzo por caracterizar al bagre de canal mexicano.

El primer capítulo consiste en una revisión de bibliografía en referencia a la presencia, producción y movilización de bagre de canal en México. En este capítulo se recopila la información obtenida como producto del contacto con los productores más importantes de bagre en el país, se realiza un análisis de la acuicultura de la especie y se destacan las ventajas y áreas de oportunidad del sistema productivo. Los capítulos subsecuentes abordan el uso de herramientas moleculares para el estudio de diversas poblaciones de bagre. El capítulo 2 describe el uso del código de barras de ADN para la identificación de peces del género *Ictalurus* en diversos cuerpos de agua mexicanos. En el tercer capítulo se describe la estructura poblacional y la diversidad genética del bagre de canal en aguas continentales de México y se analiza la situación ecológica del bagre de canal en México desde perspectivas ecológicas. Por último, en el capítulo se 4 presenta un análisis de las poblaciones domésticas más importantes de bagre de canal en México, analizando los principales indicadores de diversidad genética y la estructura de las mismas, así como las implicaciones para la acuicultura.

La presente tesis consiste en una extensa recopilación de información referente al bagre de canal en México y un análisis sobre la situación actual de la acuicultura de la especie en la actualidad. La información genética que se reporta en las siguientes páginas supone la base sobre la cual pueden plantearse los inicios de programas de mejoramiento genético de peces domésticos y planes de manejo y aprovechamiento para las poblaciones silvestres de bagres mexicanos.

CAPÍTULO 1.

BAGRE DE CANAL (*Ictalurus punctatus*, Rafinesque, 1818) EN MÉXICO: ESTADO ACTUAL Y PROBLEMÁTICA

1.1. RESUMEN

El bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) es uno de los peces endémicos del continente americano con mayor potencial para la acuicultura. A pesar de esto, los datos sobre su distribución actual son escasos y se desconocen muchos aspectos de su dinámica y desempeño productivo. En el presente estudio se reportan los resultados de una búsqueda bibliográfica y análisis de campo que permiten describir la situación actual del bagre de canal con respecto a su distribución geográfica histórica y actual, así como de la problemática que enfrentan los sistemas productivos de la especie en México. En el presente trabajo se identificó la falta de información e indicadores que permitan conocer la extensión de su hábitat natural, su movilización o su potencial productivo. La calidad y disponibilidad del agua es una de las principales problemáticas de la industria; el alimento es el mayor gasto para los productores y existe una gran heterogeneidad de manejo tanto en granjas reproductoras como de engorde; gran parte de la dinámica productiva sigue un modelo de ensayo y error. Resulta evidente la necesidad de optimizar y homologar los procesos del sistema productivo de bagre de canal, así como caracterizar correctamente las poblaciones domésticas y silvestres para aprovechar al máximo su potencial.

1.2. ABSTRACT

Channel catfish (*Ictalurus punctatus*) is one of the endemic fishes of North America with a great potential for aquaculture. In despite of this, data of its current distribution is scarce and many aspects of its dynamics and productive performance remain unknown. In the present study, results are reported from a literature search and field analysis for describing the current status of channel catfish in Mexico regarding its historical and current geographical distribution as well as the problems faced by fish farmers and production systems. We were able to identify a significant deficiency of information and indicators to properly assess the extent of the species natural habitat and its productive potential. The quality and availability of water are among main problems of the catfish industry. Food costs represent the larger drain for producers and there is great heterogeneity on the management of both breeding and fattening farms. A great proportion of the production dynamics follows a pattern of trial and error. There is a clear need to optimize and standardize the processes on the channel catfish production system and to properly characterize domestic and wild populations to maximize their potential.

1.3. INTRODUCCIÓN

1.3.1. DESCRIPCIÓN BIOLÓGICA DEL BAGRE DE CANAL

El bagre de canal, *Ictalurus punctatus*, es un pez de dulceacuícola nativo de Norteamérica. Es un pez delgado y sin escamas. Usualmente tiene ocho barbas sensoriales rodeando la boca. Los adultos suelen ser de color verde olivo en el dorso con el vientre de un color más claro con tonos amarillentos. Poseen lunares negros distribuidos en todo el cuerpo. Los bagres mantenidos en cautividad pueden tener una coloración más oscura debido a que son criados cerca de la superficie y en mayor contacto con el sol. Los radios de sus aletas son blandos con excepción de las aletas dorsal y pectoral, que presentan espinas. Poseen una aleta adiposa, la aleta caudal está profundamente bifurcada y la aleta anal es curvada y posee de 24-30 radios (Tucker y Robinson, 1990; FAO, 2001). (Figura 1.1).

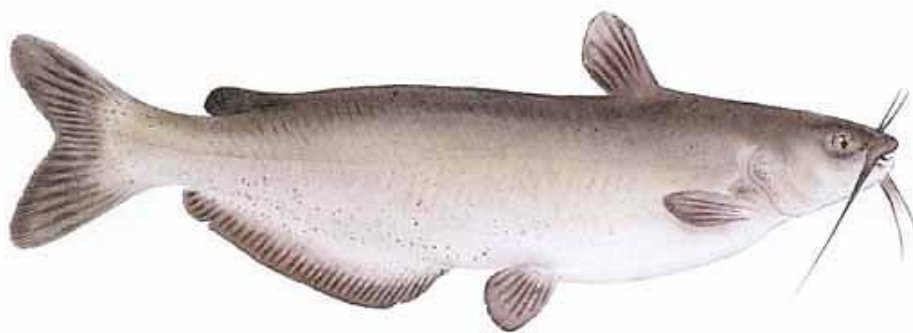


Figura 1.1. Bagre de canal, *Ictalurus punctatus* (Texas Parks and Wildlife Department, 2015)

Los bagres son omnívoros y de hábitos nocturnos, aunque su dieta varía en función de factores como la localización geográfica, estación del año, niveles de agua, tamaño de los peces y la disponibilidad de forraje; insectos terrestres y acuáticos, crustáceos, peces, plantas terrestres y acuáticas y materiales inorgánicos (Dendy, 1949; Lawyer, 1960), siendo las larvas de insectos y detritos los restos más abundantes encontrados en peces de todas las edades (Hill, 1995; Crumpton, 2000). En cautiverio, aceptan fácilmente formulaciones balanceadas. El bagre alcanza la madurez sexual cuando mide entre 28 y 76 cm, variando entre los 2 y 5 años de edad. La talla de los peces puede variar

considerablemente durante su vida; en la mayoría de los ambientes naturales, los bagres alcanzan un tamaño aproximado de 10 cm en el primer año de edad, 25cm a los tres años, 40cm a los seis años y se aproximan a los 50 cm cuando han vivido diez años. Los bagres mantenidos en cautiverio viven alrededor de 8 años, aunque se tiene registro de bagres silvestres que han llegado a vivir 23 años (Hubert, 2000).

1.3.2. ACUACULTURA DE BAGRE DE CANAL

El cultivo de bagre de canal está bien estandarizado desde la década de 1970, cuando se inició la producción de la especie a gran escala en Estados Unidos. La metodología se ha conservado a través del tiempo y los diferentes lugares donde se lleva a cabo (Figura 1.2). La cría de bagre se realiza típicamente en estanques rústicos y por lo general en modalidad de monocultivo.

El bagre de canal alcanza la madurez sexual a los 3 años de edad en promedio, pero el período de madurez puede variar entre los 2 a 5 años. El desove ocurre en la primavera en estanques abiertos donde los adultos son sembrados a densidades de 60-325/ha en proporciones de 1:1 a 1:4 (macho: hembra). En su hábitat natural, los bagres eligen cuevas, troncos huecos, raíces y demás cavidades para hacer su nido. En acuicultura, se proveen nidos artificiales. Los machos eligen un nido, lo mantienen limpio y atraen a la hembra. Después de que la hembra deposita los huevos, el macho nada sobre ellos liberando una nube de esperma para fertilizarlos. Una vez que todos los huevos están fertilizados, el macho escolta a la hembra hacia afuera y se queda para airear, limpiar y cuidar de los huevos y alevines.

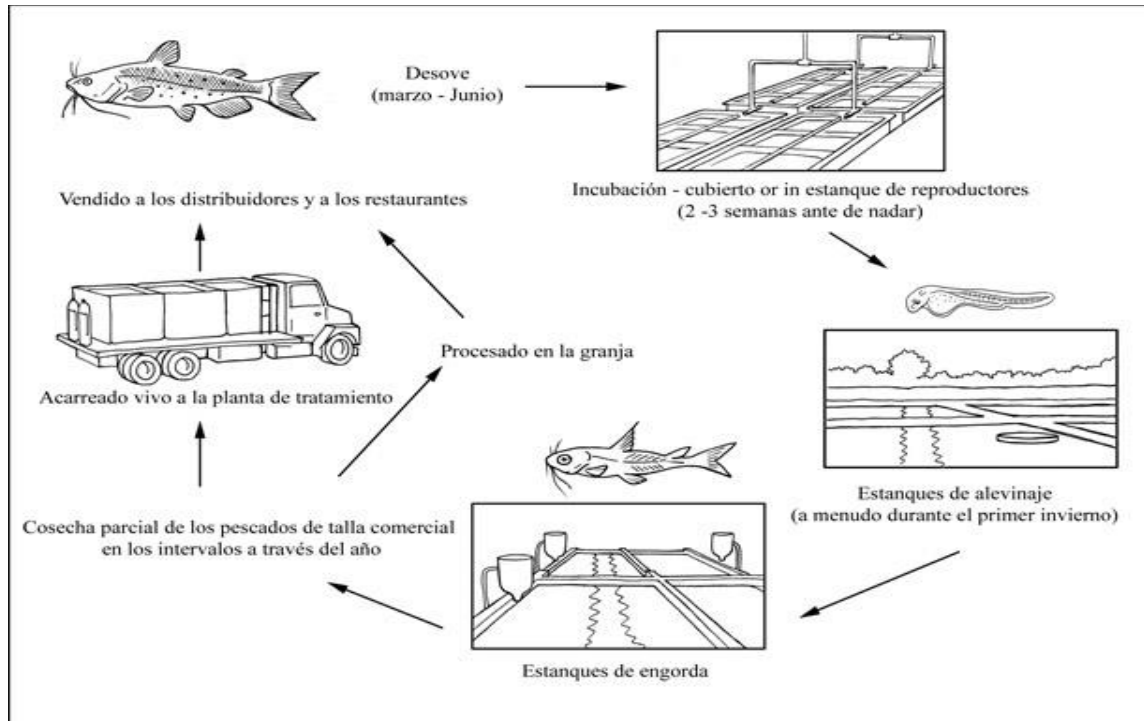


Figura 1.2. Ciclo de producción de bagre de canal. (FAO, 2014)

Los huevos eclosionan después de 9 ó 10 días a una temperatura de entre 16°C y 18°C o a los 6 ó 7 días a temperaturas entre 24°C y 26°C. La falta de sitios de desove adecuados puede traducirse en una importante disminución en la producción de crías (Tucker y Hargreaves, 2004). La producción en cautiverio requiere retirar las masas de huevo (llamadas también fresas) para su incubación en canales con flujo continuo de agua y aireación. Después de que los huevos eclosionan, las crías emergen y por algunos días obtienen nutrientes de su saco vitelino, hasta que son capaces de alimentarse. Las crías recién nacidas son réplicas del adulto, es decir, no poseen estadios larvarios de desarrollo. Una vez que las crías alcanzan el tamaño adecuado (alrededor de 3 pulgadas) son trasladadas a jaulas o estanques de engorda, donde son constantemente seleccionadas (desdobladas) en base a su tamaño. Los peces cosechados son cargados en camiones para transporte de peces vivos y llevados a las plantas de procesamiento (si es el caso) o los puntos de venta donde el bagre se exhibe vivo. Dependiendo del tamaño de los peces y la demanda del mercado, los peces pueden ser fileteados; o vendidos sin cabeza, eviscerados y sin piel. El manejo de la calidad del agua es crítico para la producción de bagres en estanques en tierra. Especialmente durante el verano, las

densidades de siembra altas pueden conducir a estrés, enfermedades y mortalidad debido al deterioro de la calidad del agua, particularmente por una baja concentración de oxígeno disuelto (Cuadro 1.1).

Cuadro 1.1. Requerimientos físico-químicos del agua para producción de bagre de canal

PARÁMETRO	RANGO
Temperatura °C	24 – 30
Oxígeno disuelto	5 – 12 mg/l
pH	6.5- 8.5
Dureza	20 – 150 ppm
Amonio	< 1.5 mg/l
Nitrito	< 0.2 mg/l

Fuente: SAGARPA, 2013

1.3.3. BAGRE DE CANAL EN MÉXICO

La acuicultura es una actividad considerada prioritaria para el desarrollo económico y el sostenimiento de la soberanía alimentaria en países en desarrollo, fundamentalmente por la posibilidad de generar grandes volúmenes de proteína de origen animal en áreas rurales o en zonas de marginación que dispongan de cuencas, ríos y cuerpos de agua naturales y artificiales. En México, la acuicultura constituye un elemento de política para coadyuvar a la generación de ingresos en el ámbito rural y un esquema para garantizar la seguridad alimentaria ante el aumento constante de la población (Juárez *et al.*, 2007). Datos de la SAGARPA (2006) indican que el sector pesquero produjo 0.87% del PIB nacional y empleó el 0.65% de la población ocupada nacional (equivalente a 276,185 personas) (Juárez *et al.*, 2007). El bagre de canal figura entre las especies más importantes para la acuicultura. Su cultivo es una actividad de particular importancia para la producción acuícola nacional como sistema de producción de proteína de origen animal, debido a su cada vez mayor aceptación y consumo, lo cual se refleja en el incremento sustancial de la producción nacional de los últimos años y una mayor participación de distintos estados de la república (SAGARPA, 2013).

El bagre de canal es un miembro de la familia *Ictaluridae*, del orden de los siluriformes, que comprende 478 géneros, 36 familias y al menos siete mil especies (Jackson, 2004). La fauna de esta familia está representada por varias especies en aguas mexicanas.

A pesar de su relevancia, existe muy poca información sobre la dinámica de las poblaciones endémicas y domésticas de esta especie en México. Los primeros reportes sobre el bagre en el territorio mexicano datan de hace varias décadas y describen principalmente la distribución geográfica de la especie en el país. A pesar de que no existe un consenso, pueden considerarse 10 especies del género *Ictalurus* en aguas continentales mexicanas (Espinosa-Pérez *et al*, 1993, Lee *et al* 1980) (Cuadro 1.2). La distribución nativa del bagre de canal es comúnmente reportada en las cuencas centrales de Estados Unidos, desde la cordillera de las rocallosas, sur de Canadá y costa Atlántica mexicana (Lee, 1980) hasta el río Cazones en Veracruz (Miller, 2005).

Cuadro 1.2. Bagres del género *Ictalurus* en México

Nombre Científico	Nombre Común	Avistamientos Reportados	Taxonomía Adicional
<i>Ictalurus punctatus</i>	Bagre de Canal	Río Bravo, Río Conchos, Río Pánuco (Page y Burr, 1991) Río Tuxpam/Pantepec (Pérez-Ponce de León y Choudhury, 2002)	<i>Silurus punctatus</i>
<i>Ictalurus furcatus</i>	Bagre Azul	Río Pánuco, Tamesí, Soto La Marina y Yaqui (Cuvier y Valenciennes, 1828), Río Bravo, Río Tuxtepec (Pérez-Ponce de León y Choudhury, 2002)	<i>Pimelodus furcatus</i> , <i>Pimelodus affinis</i> , <i>Amiurus meridionalis</i> y <i>Amiurus ponderosus</i>
<i>Ictalurus mexicanus</i>	Bagre del Pánuco	Río Pánuco, Río Valles (Miller <i>et al</i> , 2005)	<i>Amiurus mexicanus</i>
<i>Ictalurus melas</i>	Bagre Cabeza de Toro	Río Bravo (Page y Burr, 1991)	<i>Ameiurus melas</i>
<i>Ictalurus lupus</i> *	Bagre lobo	Río Bravo, Río, Soto La Marina, Río Sabinas, Río Pesquería, Río San Fernando, San Juan (Girard, 1858, Pérez-Ponce de León y Choudhury, 2002)	<i>Pimelodus lupus</i>
<i>Ictalurus balsanus</i>	Bagre del Balsas	Río Balsas y Río Ixtla (Morelos, Guerrero y Michoacán) (Jordan y Snyder, 1900)	<i>Istiaurus balsanus</i>
<i>Ictalurus dugesii</i>	Negro del Lerma	Río Lerma, Santiago, Ameca, Armería, Turbio y Lago de Chapala (Jordan y Evermann, 1896)	<i>Ameiurus dugesii</i>
<i>Ictalurus ochoteranai</i> ‡	Bagre de Chapala	Isla Patos, B.C. (De Buen, 1940)	<i>Haustorius ochoteranai</i>
<i>Ictalurus pricei</i>	Bagre del Yaqui	Río Yaqui, Río Mayo, Río Casas y Río Fuerte (Rutter, 1986)	<i>Villarius pricei</i> <i>Amiurus meeki</i>
<i>Ictalurus Australis</i> †	Bagre del Pánuco	Río Forlón (Minckley <i>et al</i> , 1986)	<i>Amiurus australis</i>

‡ Especie descrita como válida en Lundberg (1992), pero como sinónima de *I. dugesii* en Álvarez (1966) y Miller *et al.* (1986). *Miller *et al.* (2005) distinguen dos formas de *I. lupus*. Sin embargo, no existen referencias de la descripción de esta segunda forma. †Dos especies reciben el nombre de “Bagre del Pánuco”, sin embargo fueron reportadas como diferentes en Espinosa-Pérez *et al* (1993)

En México, debido a su potencial económico, la especie se ha introducido en diversos cuerpos de agua con el fin de aprovecharla comercialmente. Las diferentes introducciones y movilizaciones de bagre de canal reportadas históricamente en el país, proveen cierta perspectiva pero no pueden considerarse como determinantes para concebir el estado real de la especie en la actualidad. De entrada, las poblaciones domésticas se encuentran constantemente bajo la presión de factores sociales, económicos, políticos y por supuesto, naturales. Estos últimos suelen ser la principal amenaza para las poblaciones silvestres, ya que durante inundaciones y huracanes se pierde hasta 100% de los peces criados en jaulas flotantes. Conocer la distribución actual de la especie permite reconocer sus patrones de dispersión, identificarla como nativa o exótica y determinar su impacto potencial sobre distintos ecosistemas. Por otro lado, medir su desempeño productivo bajo diferentes esquemas o hábitats podría generar información que permita optimizar su aprovechamiento.

El objetivo del presente estudio consistió en analizar, mediante una búsqueda bibliográfica y análisis de campo, la situación actual del bagre de canal en México en referencia a su distribución geográfica y la problemática que enfrenta la acuicultura de la especie en México.

1.4. MATERIALES Y MÉTODOS

1.4.1. ANÁLISIS DEL SISTEMA PRODUCTIVO DE BAGRE DE CANAL EN MÉXICO

Se utilizó un análisis descriptivo en base a encuestas con el objetivo de obtener información sobre el sistema productivo de bagre de canal en México. Se diseñaron encuestas para analizar las dos modalidades de cultivo de la especie en el país: producción de crías y engorde. En el estudio participaron 24 de las granjas acuícolas privadas, estatales y federales más representativas del país, ya sea por el volumen de producción que reportan o por su participación en el mercado nacional mediante alevines o peces de talla comercial. Las encuestas fueron elaboradas para incluir el mayor número de aspectos sobre la acuicultura del bagre de canal y obtener datos sobre las prácticas cotidianas en los centros acuícolas; el origen de los individuos, el manejo de los mismos, la comercialización a distintas escalas, la gestión de residuos, los costos de producción, entre otros, así como identificar las tendencias y problemáticas de la acuicultura de bagre de canal en México.

1.4.2. REVISIÓN DE LA OCURRENCIA DE PECES ICTALÚRIDOS EN MÉXICO

Con la finalidad de recopilar información sobre los antecedentes de ocurrencia, avistamientos en el país, producción acuícola y pesquera, y reportes de importación de bagre de canal en México, se llevó a cabo una investigación en literatura y bases de datos oficiales. En México, la SAGARPA (2013) y CONAPESCA (2014) proveen información sobre producción en volumen, tipo de pesca, localización, estadísticas históricas y centros de producción federales, en tanto que la FAO (ONU, 2014) provee información sobre los países que producen bagre a nivel mundial y el volumen correspondiente a pesca y acuicultura. Se consultaron publicaciones científicas que contienen principalmente reportes sobre avistamientos en el país y las primeras importaciones de bagre de canal para la acuicultura. Se utilizó literatura gris, consistente en tesis de nivel licenciatura y posgrado con resultados producto de investigación

científica, pero que no han sido publicados, como referencia para detectar la presencia de bagre de canal en diferentes sitios del país. La consulta de sitios de internet, como blogs de pesca deportiva y anuncios clasificados también permitió ubicar al bagre de canal en diversos Estados en el país. La comunicación personal con los productores y pescadores mexicanos hizo posible identificar organismos en presas y ríos donde no existían reportes previos. Adicionalmente, se colocaron trampas en ríos y presas con la finalidad de determinar la presencia del bagre de canal en dichos cuerpos de agua.

1.5. RESULTADOS

1.5.1. ANÁLISIS DE LA INDUSTRIA PRODUCTIVA DEL BAGRE DE CANAL EN MÉXICO

El cultivo del bagre de canal inició de manera intensiva en la década de 1970, cuando en Estados Unidos se optimizaron las técnicas que son utilizadas en la actualidad. Sin embargo, y de acuerdo a los datos de campo obtenidos en este trabajo, los productores mexicanos se han visto obligados a experimentar constantemente en sus unidades de producción con el fin de ir acumulando experiencia de los éxitos y fracasos en su manejo. La problemática puede verse generalizada entre productores nacionales, pero existen dificultades específicas dependientes del objetivo de sistema productivo ya sea cría o engorde (Cuadros 1.3 y 1.4).

La producción constante de crías a lo largo del año para abastecer a los productores nacionales es clave en la industria productora de bagre de canal en el país. Por lo tanto, un análisis detallado de las virtudes y desventajas del sistema puede ser una herramienta muy útil en el manejo a futuro del recurso. Los productores mexicanos de bagre de canal dedicados a la reproducción de la especie utilizan entre 2 y 120 hectáreas para una dedicadas casi equilibradamente a las modalidades intensiva y extensiva. La actividad económica emplea un aproximado de 200 personas en las granjas adscritas a la investigación, en su mayoría hombres, siendo las mujeres mano de obra requerida específicamente durante la temporada de reproducción. Los productores entrevistados mencionaron su prioridad es tener peces con potencial de producir más crías (fertilidad). La mayor parte de los peces usados como pie de cría son de origen nacional, sin embargo, es también evidente la presencia de organismos importados. Los reproductores son elegidos en base a su tamaño por la mayoría de los productores y durante cada ciclo se reemplaza del 10 al 20% los peces, generalmente con peces de lotes propios. Con respecto a los problemas identificados, la disponibilidad de agua de calidad y los costos de alimentación suponen los conflictos más importantes en la actividad acuícola. El periodo de reproducción varía entre granjas durante el periodo de Marzo a Octubre. Los

peces son sembrados a densidades variables entre unidades de producción y la relación macho:hembra utilizada por los productores es muy diversa.

El ejemplo más claro de la variabilidad en el manejo en la acuicultura de bagre de canal de México es el tipo de nido usado en la reproducción. El uso de nido varía según la región y la experiencia de los productores, siendo los botes lecheros y los cajones de madera la elección más popular. Otros nidos incluyen cubetas de 20 L, ollas de barro, tubos de PVC e incluso llantas. Así mismo, en algunas granjas no se utilizan nidos, pudiendo observarse que los peces excavan en los estanques rústicos o utilizan las instalaciones de bombeo para depositar los huevos. Las masas de huevos pueden considerarse el primer producto en la acuicultura de bagre de canal. Los estanques, los tipos de nido, la calidad de agua y la fertilidad de los reproductores son algunos de los factores que afectan la calidad y cantidad de huevos producidos. Dado que se espera obtener un alevín de cada huevo, ésta etapa es de gran importancia. Sin embargo, el único control reportado por los productores es el número de masas ovígeras que produce cada estanque, aunque pudieran medirse la fertilidad, huevos por kg de peso de hembra, supervivencia, porcentaje de eclosión, temperatura e incubabilidad, entre otros. Otro aspecto que pudiera relacionarse con los factores anteriores es el tiempo que tardan las crías en eclosionar. De acuerdo a las encuestas, este periodo varía entre los 5 y 9 días, sin que se cuente con los datos necesarios para estimar dicha relación.

Las granjas de engorda comparten problemáticas como los costos de alimentación y disponibilidad de agua, entre otras. La engorda de bagre ocurre principalmente en jaulas flotantes en presas o ríos; esto reduce al mínimo los costos de producción, el mantenimiento necesario, al tiempo que proporciona un flujo constante de agua, así como regulación de la temperatura y oxigenación. El número de jaulas por unidad de producción varía entre 20 y 75. Los peces son comprados en los criaderos locales y seleccionados en base al tamaño del organismo; la talla de siembra varía entre las 4 y 6 pulgadas, variando en razón del tamaño de malla usada en las jaulas. La densidad de siembra fluctúa entre 50 y 120 peces por m³ y los peces son criados por un periodo de 8 a 12 meses hasta que alcanzan la talla comercial de 500 – 700 g. La temporada de mayor mortalidad se reporta de octubre a febrero, con tasas del 10 al 30%, en relación a las

bajas temperaturas. El personal empleado por las granjas de engorde es significativamente menor a los criaderos, y la mano de obra masculina representa la mayoría.

Otra de las tendencias identificadas en el presente estudio es que el bagre se produce a partir de la demanda local. Este hecho es fácilmente observable con la disponibilidad del pez en los alrededores de las granjas, ríos o embalses; ya sea fresco o cocinado a la usanza local. En este rubro pudo observarse además, que los productores que ofrecen el producto cocinado obtienen hasta 3 veces más ganancias de lo que se obtiene vendiendo los peces a pie de granja, por lo que es común que existan restaurantes asociados a las granjas o cooperativas pesqueras. Existe una sola procesadora de bagre de canal en el país: Integradora Piscícola de Tamaulipas S.A de C.V. En ella se recoge el producto de la cooperativa local asociada y se vende en diferentes presentaciones, que incluyen bagre entero, eviscerado, filete, *nuggets* y fajita, mediante marcas como “Blanco Santander” y “Farm Catch”. Este producto se distribuye en el país mediante cadenas comerciales como HEB y COSTO. Esta modalidad supone la ventaja de una producción continua, a diferencia de los mercados locales, donde la demanda del producto ocurre específicamente durante la época de Cuaresma.

Existen rubros que no han podido ser caracterizados debido a que los procesos no se encuentran bien estandarizados o simplemente no son documentados. Entre ellos, los costos de producción, la influencia que tiene el manejo sobre los peces o el posible impacto de las poblaciones domésticas sobre las silvestres o viceversa.

Cuadro 1.3. Características principales de las granjas reproductoras de Bagre de canal de México

Característica	Descripción y frecuencia
<i>Sistema de manejo</i>	Intensivo (54 %), Extensivo (46%)
<i>Superficie cultivada</i>	2 – 120 Ha
<i>Personal Empleado</i>	Hombres (86%) Mujeres (14%)
<i>Objetivo de Cría</i>	Fertilidad (36 %), Tasa de crecimiento (27 %), Talla (23 %), Resistencia a enfermedades (14 %)
<i>Origen de progenitores</i>	Tamaulipas (61 %), EUA (22 %), Coahuila (17 %)
<i>Criterio de selección</i>	Talla (63%), Edad (22 %), Apariencia (10 %), Fertilidad (5 %),
<i>Tasa de reemplazo (%)</i>	10 (83 %), 20 (17 %)
<i>Problemática</i>	Cantidad y calidad de agua (25%), Costos (25%), Calidad de progenitores (19 %), Inseguridad (12.5%), Capacitación (12.5%), Comercialización (6 %)
<i>Enfermedades prevalentes</i>	Ectoparásitos (37 %), Hongos (32 %), Bacterias (32 %)
<i>Período de crianza</i>	Marzo - Octubre
<i>Relación macho:hembra</i>	2:1 (30.7%), 3:1 (30.17%), 1:1 (15.3%), 5:1 (15.3%), 1:2 (7.6%)
<i>Edad de reproductores</i>	1 – 7 años
<i>Densidad de siembra (reproductores por m³)</i>	4 (46 %), 3 (31 %), 6 (23 %)
<i>Tipo de nido</i>	Cajas de madera (38 %), Botes de leche (25 %), Cubetas 20L (18 %), Ollas de barro (6 %), Tubos de PVC (6 %), Llantas (3 %), Ninguno (3 %)
<i>Registros productivos</i>	Peso de hueva (78%), Estanque (12%), Fecha (4%) Ninguno (4%) Color (2%)
<i>Período de incubación</i>	5 – 10 días
<i>Manejo de residuos</i>	Riego agrícola (76 %), Ninguno (24 %)

Cuadro 1.4. Características principales de las granjas de engorde de Bagre de canal de México.

Característica	Descripción y frecuencia
<i>Número de Jaulas</i>	20 - 75
<i>Problemática Principal</i>	Precio en el mercado (70%), Costo de Alimentación (30%)
<i>Personal Empleado</i>	Hombres (92%), Mujeres (8%)
<i>Origen de los Organismos</i>	Tamaulipas (100%)
<i>Criterio de Selección</i>	Talla (100%)
<i>Enfermedades Prevalentes</i>	Endoparásitos (70%) Ectoparásitos (30%)
<i>Registros Productivos</i>	Talla (36%) Ninguno (36%) Temperatura del Agua (28%)
<i>Densidad de Siembra (Peces por m3)</i>	50 - 120
<i>Talla a la Siembra (Pulgadas)</i>	4 - 6
<i>Periodo de Engorda (Meses)</i>	8 - 12
<i>Peso a la Cosecha (Gramos)</i>	500 - 700
<i>Tasa de Mortalidad (Porcentaje)</i>	10 - 30
<i>Temporada de Mayor Mortalidad</i>	Octubre - Febrero
<i>Presentación de Venta del Producto</i>	Vivo (53%), Eviscerado (26%), Filete (11%), Cocinado (10%)

1.5.2. OCURRENCIA DE PECES ICTALÚRIDOS EN MÉXICO

Hasta antes del presente reporte, existían 189 registros de avistamientos de bagres de vida libre en el país (Follet, 1960). El bajo Río Bravo, en la frontera norte del país, también está reportado como zona nativa de distribución de la especie y sería factible considerar sus ríos tributarios como el Conchos (Chihuahua), Salado (Coahuila y Nuevo León) y San Juan (Nuevo León), como posibles hábitats de bagre de canal.

Actualmente, se producen crías de bagre en dos centros acuícolas federales: “La Boquilla” en Chihuahua y “La Rosa” en Coahuila (SAGARPA, 2013). Las crías producidas en estos centros se distribuyen para su engorda a productores de todo el país, mientras que cierto número de organismos se destina para la repoblación de presas. Las presas Vicente Guerrero y Falcón en Tamaulipas, si bien no han sido objeto de “siembras”, sí son utilizadas para engordar peces en jaulas flotantes y el escape de los organismos, debido principalmente a incidencias medioambientales (p.e. huracanes, inundaciones), supone la liberación de toneladas de peces a los embalses (Cuadros 1.5 y 1.6). Los centros acuícolas privados más importantes se encuentran en los Estados de Michoacán y Tamaulipas.

Como consecuencia de la pesca en presas, engorda en jaulas, o su producción en estanques, el bagre de canal se ha esparcido a lo largo del territorio nacional mexicano y actualmente se reporta su cultivo en Estados como Durango, Baja California, Colima, Estado de México, Guanajuato, Hidalgo, Querétaro, San Luis Potosí, Aguascalientes, Chihuahua, Jalisco, Michoacán, Guerrero, Nuevo León, Morelos y Veracruz.

Cuadro 1.5. Avistamientos de bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) en ríos Mexicanos.

Estado	Sitio de Avistamiento
Baja California	Río Colorado, Río Hardy, Presa Emilio López Zamora (Ruiz-Campos, 1995) y Río Mayor (Follet, 1960)
Sonora	Río Yaqui y Canal Welton-Mohawk (Follet, 1960)
Sinaloa	Río Fuerte, Río San Lorenzo, Río Humaya, Río Sinaloa, puente Dren Pericos (Ruiz-Campos, 1995 y Hendrickson 1984)
Tamaulipas	Río Pílon, Río Purificación, Río Corona, Río Soto La Marina (Miller y Smith, 1986)
Veracruz	Río Cazones, Río Pánuco (Follet, 1960)

Cuadro 1.6. Presas Mexicanas reportadas como hábitat de bagre de canal

Presa	Río(s)	Estado
Vicente Guerrero	Purificación y Corona	Tamaulipas
Falcón	Bajo Bravo	Tamaulipas
La Boquilla	Conchos	Chihuahua
Gustavo Díaz Ordaz	Sinaloa	Sinaloa
Lázaro Cárdenas	Sextín y Ramos	Durango
La Lajilla	*	San Luis Potosí
José López Portillo	Pablillo y Camacho	Nuevo León
Rodrigo Gómez	San Juan	Nuevo León
Presa el Cuchillo-Solidaridad	San Juan	Nuevo León
Álvaro Obregón	Yaqui	Sonora
Lázaro Cárdenas	Bavispe y Yaqui	Sonora
Adolfo Ruiz Cortines	Mayo	Sonora

*La presa “La Lajilla” se alimenta del agua de la sierra de la Sierra Madre Oriental

La dinámica del bagre de canal en México y su situación actual no podría entenderse sin la referencia de los movimientos de introducción y movilización a los que ha estado sujeta la especie. Sin embargo, es complicado establecer los antecedentes debido a que son muy pocos los eventos reportados de manera oficial. La primera introducción oficial de bagre de canal a México ocurrió entre 1976 y 1981 mediante 800 pares de reproductores provenientes de Estados Unidos para su cría en Tamaulipas con fines comerciales (Miller, 2005), aunque existe un reporte sobre peces que fueron liberados probablemente en los ríos Yaqui en Sonora, Río Casas Grandes en Chihuahua y Elota en Sinaloa (Follet, 1960). El reporte más reciente sobre la importación oficial de bagre de canal data del 2010 (Parra-Bracamonte *et al*, 2010), donde se describe la introducción oficial de una línea de peces seleccionados para crecimiento procedentes de San Luis Missouri, EUA, hacia los centros acuícolas federales de Coahuila y Chihuahua. No existen reportes oficiales de movilizaciones posteriores de peces, pero se sabe que los productores a nivel nacional acostumbran comprar, vender e intercambiar reproductores y crías entre ellos en un intento empírico de aumentar la productividad de sus granjas por medio de la variabilidad genética.

Con respecto a la distribución actual de bagre de canal en México, en algunos casos, existe información sobre su origen, problemáticas y particularidades relacionadas con la actividad acuícola en los Estados (Cuadro 1.7). Estos reportes comprenden la presencia

del bagre en relación con la acuicultura, pudiendo derivar en el escape de los organismos cultivados hacia nuevos hábitats. Adicionalmente, se encontraron reportes sobre la introducción o producción de bagre de canal en los Estados de Guerrero, Durango, Chiapas y Nayarit. No existen, sin embargo, datos oficiales sobre la productividad de los mismos.

El Estado de Tamaulipas posee las condiciones climatológicas ideales para el cultivo del bagre de canal; inviernos fríos y cambios de temperatura que fomentan la maduración de las gónadas en los peces, además de ríos, presas y canales de riego disponibles para la acuicultura (González *et al.*, 2014). Actualmente se encuentran registradas 7 granjas reproductoras de bagre de canal en el Estado de Tamaulipas, en tanto que 22 unidades reportan la engorda del recurso en 664 jaulas flotantes en presas, ríos, estanques rústicos, semi rústicos y circulares que le permiten ser el principal productor de bagre de canal en el país con más del 50% de la producción nacional.

Cuadro 1.7. Ocurrencia de bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) en México.

Estado	Actividad Económica		Origen de los Organismos	Mercado	Observaciones
	Acuicultura	Pesca			
<i>Michoacán</i>	Estanques rústicos y semirústicos	No hay reportes	Tamaulipas: Granjas reproductoras y Pescadores	Venta de pescado cocinado en restaurantes adyacentes a las granjas. Distribuyen a Jalisco, Morelos, México y D.F.	Productores de crías para abastecimiento local y nacional
<i>Jalisco</i>	Estanques rústicos y semirústicos. Jaulas flotantes	Lago de Chapala	Tamaulipas y Michoacán	Local. En pescaderías, se exhiben peces vivos. Existen restaurantes anexos a las granjas más importantes	El Centro Acuícola Estatal produce crías para el abastecimiento local
<i>Coahuila</i>	Centro Acuícola Federal "La Rosa"		Líneas Importadas de EUA	Productores Nacionales	381, 045,000 crías producidas en 2013.
<i>Chihuahua</i>	Centro Acuícola Federal "La Boquilla"	Presa La Boquilla	Tamaulipas y Coahuila	Productores Nacionales	-
<i>Nuevo León</i>	Jaulas flotantes	Presas Rodrigo Gómez Santiago y José L. Portillo. Lago El Charal.	Tamaulipas y Coahuila (4,000 alevines introducidos a la Presa La Boca de origen desconocido)	Pie de granja; vivo para repoblar presas privadas, pescaderías en Linares, Montemorelos, Abasolo y Monterrey	Se reporta la pérdida de los peces engordados en jaulas, a partir de los huracanes, y su liberación hacia las respectivas presas
<i>San Luis Potosí</i>	Estanques rústicos y circulares. Jaulas flotantes.	Río Tamapaón	Tamaulipas	Pescaderías locales	
<i>Zacatecas</i>	Estanques rústicos	Presa Julián Adame	Coahuila	Repoblación de presas	Producción rústica: sin nidos ni incubación.
<i>Sinaloa</i>	Estanques rústicos	Gustavo Díaz Ordaz	Desconocido	Pescaderías locales	-
<i>Sonora</i>	No hay reportes	Presa Álvaro Obregón y Lázaro Cárdenas	Desconocido	Pescaderías locales	-
<i>Puebla</i>	Estanques circulares	No hay reportes	Tamaulipas	Pescaderías locales	La actividad ha decrecido. Se desintegró el Comité Sistema Producto Bagre y sólo quedan algunos productores

1.6. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

1.6.1. ANÁLISIS DE LA INDUSTRIA PRODUCTIVA DEL BAGRE DE CANAL EN MÉXICO

El análisis de las encuestas aplicadas a productores de bagre de canal en México permitió identificar estrategias de reproducción de bagre muy interesantes. Las técnicas usadas en México tienen una gran influencia de la industria estadounidense, sin embargo, es importante notar que el conocimiento se va generando de manera heurística con base al ensayo y error, por lo cual los resultados, en general, no son transmitidos, ni mucho menos documentados o publicados, por lo que se hace evidente la necesidad de desarrollar planes de manejo enfocados en las necesidades y ventajas particulares de cada tipo de producción y región.

México posee una gran variedad de recursos que hacen factible el cultivo de bagre de canal, entre ellos un gran número de ríos, presas y agua subterránea que han sido mencionados como precursores de la acuicultura. A pesar de esto, la obtención de agua de calidad fue identificada por los productores como la problemática principal en la acuicultura de bagre. En la región central del país, los productores usan agua de pozo para la cría de bagre y mencionan que los altos costos de operación influyen sobre sus ganancias. Sin embargo, el agua de pozo es reconocida como la mejor opción para la acuicultura debido a sus bajos niveles de abonos y pesticidas, o la ausencia de otros peces silvestres (Klinger *et al.*, 1983). Por otro lado, el Centro Acuícola “La Rosa”, en Coahuila, es uno de los más productivos del país y se ubica en una zona desértica con claras limitaciones en la disponibilidad de agua en cantidad y calidad. Por otra parte, el Centro Acuícola “La Boquilla” en Chihuahua, se nutre de una presa que le brinda agua templada durante todo el año, lo que permite un mayor dinamismo en la reproducción.

A pesar de la creciente producción nacional de bagre de canal y del evidente potencial productivo del país, la importación de peces de EUA sigue siendo una realidad. Desde sus inicios, la acuicultura de bagre de canal se ha basado en peces importados. El mercado estadounidense maneja varias líneas, incluso cruza, que han demostrado ser sobresalientes en algunas características productivas (Waldbieser *et al.*, 2001). Sin embargo, puesto que, como se ha comprobado, la acuicultura de bagre es un medio

importante para la diseminación de los peces en nuevos hábitats, la introducción no controlada de peces americanos al país debe ser tomada con mucha seriedad para evaluar correctamente los riesgos que la misma supone a las poblaciones silvestres de bagres mexicanos (Mendoza *et al.*, 2014).

Por otro lado, a pesar de que los productores manifiestan interés en tener peces más fértiles, la selección de los reproductores se hace en base a la talla de los mismos. La fertilidad y la talla son dos características independientes con base genética. Seleccionar arbitrariamente a los peces más grandes de un lote de ningún modo permite suponer que dichos peces serán más fértiles. Por el contrario, si se toma en cuenta que el 10% de los reproductores son reemplazados cada año con juveniles emparentados, es de esperarse que la depresión consanguínea conduzca a una acuicultura cada vez menos productiva (Para-Bracamonte *et al.*, 2011).

Probablemente uno de los aspectos más importantes en la producción de bagre de canal es el uso de nidos. En su hábitat natural, los bagres eligen cuevas, troncos huecos, raíces y demás cavidades para depositar huevos (Tucker y Hargreaves, 2004). La gran variedad de nidos usados en México es el indicador más claro de la falta de homologación en el sistema productivo nacional. Los bagres prefieren ciertos nidos cuando tienen la oportunidad de elegir (Busch, 1983) pero el éxito de los nidos depende en mayor medida de que estos se ajusten al tamaño de la pareja de reproductores. La selección del nido por los productores mexicanos varía en función de la disponibilidad y de su precio, manejabilidad, disponibilidad, facilidad de limpieza, etcétera. Es probable que la naturaleza de los nidos influya sobre la producción de huevos, sin embargo no existen datos para validar esta hipótesis. También en relación con el "montaje" de la reproducción, la relación hembra:macho es un aspecto ampliamente estudiado desde hace varias décadas (Tucker y Hargreaves, 2004). Sin embargo, los productores mexicanos caen incluso en el exceso de usar dos machos por cada hembra, desencadenando de este modo disputas territoriales que resultan en lo que pudiera interpretarse como una tasa de fertilidad nula.

Una de las observaciones más relevantes a partir de las encuestas es que los productores no llevan registro de los diversos parámetros que observan en sus granjas. Particularmente, la medición de parámetros productivos (tolerancia a diversos niveles de

oxígeno y salinidad, eficiencia de conversión alimenticia, resistencia, crecimiento, facilidad de manejo, palatabilidad, fertilidad, incubabilidad, supervivencia, entre otros) puede permitir relacionar el desempeño de los organismos bajo distintos esquemas de producción. Específicamente, podría evaluarse si el tipo de alimento influye sobre el crecimiento de los peces, la densidad de siembra en la supervivencia y el crecimiento diferencial de los peces, la proporción de reproductores o nidos sobre los huevos y parámetros relacionados con la rentabilidad del sistema. Es evidente además que la captura de datos debe homogenizarse entre todos los productores; por ejemplo, en la acuicultura en jaulas los peces son medidos al inicio del ciclo porque se requieren peces de al menos 4 pulgadas para producirse en jaulas flotantes, sin embargo, al término del proceso los peces se pesan para venderlos a los 500 g, por lo que resulta difícil un comparativo de la producción puesto que son empleadas distintas unidades de medida. Estos registros pueden relacionarse también con la necesidad de capacitación mencionada por los productores a corto plazo. La generación de material didáctico o asesores profesionales se relaciona con la disponibilidad de la información, la capacidad para generarla y el compromiso de diversos sectores de la sociedad para con la industria. Mediante el análisis de la información recopilada en el presente, pueden identificarse fortalezas y debilidades en el sistema productivo bagre de canal en México. Poseer poblaciones silvestres de una especie de gran potencial acuícola, recursos hídricos y regiones climáticas adecuadas, favorecen la producción de la especie en el país. Los productores mexicanos cuentan con décadas de experiencia empírica en la producción de bagre de canal. La colaboración de instituciones gubernamentales y privadas, así como la toma de decisiones con base al método científico coadyuvaría a la formación de un sistema productivo altamente eficaz. Asimismo, en México ya existe un mercado de distribución del producto. El 100% del bagre producido en el país se consume y es factible considerar la exportación del producto. Como ejemplo, se puede considerar a la industria de bagre de canal en Estados Unidos en la que la publicidad jugó un papel clave en su éxito.

Entre las principales debilidades identificadas pueden nombrarse la falta de planeación para tener peces de talla comercial disponibles durante todo el año. La estratificación de los cultivos y la organización de los productores en cooperativas son muy importantes

para proveer crías para engorde durante todo el año y del mismo modo cosechar animales de talla comercial de manera regular.

Por otro lado, los productores mexicanos señalan el alimento como el principal gasto en la producción de bagre; los residuos de las procesadoras -tales como piel y huesos- pudieran ser utilizados para el diseño de formulaciones con los requerimientos nutricionales específicos del bagre de canal. Tamaulipas es el principal productor de soya a nivel nacional y ésta podría ser una buena alternativa para abaratar el costo del alimento (Islas-Rubio e Higuera-Ciapara, 2002).

La optimización del sistema productivo debe verse reflejada en el precio final de los productos y subproductos. El descenso del costo ayudaría al mercadeo del producto, a la vez que lo haría más competitivo frente a los productos asiáticos. En general, la homogenización de los procedimientos y la optimización de los mismos en base a las necesidades de los productores, permitirá sentar las bases sobre las cuales puede comenzar a planearse un programa de mejoramiento genético que resulte en la obtención de una línea mexicana de bagre de canal que permita explotar al máximo el potencial productivo del país con el fin de consolidar una cadena productiva exitosa y contribuir así de manera significativa a la economía nacional.

1.6.2. OCURRENCIA DE PECES ICTALÚRIDOS EN MÉXICO

Pocas especies acuícolas mexicanas son susceptibles de explotación con fines comerciales y el bagre de canal posee un potencial que ha pasado desapercibido hasta la fecha. Sin embargo, la acuicultura es considerada como una de las principales causas de la presencia de especies acuícolas invasoras en México y el bagre de canal ha sido recientemente clasificado como una especie exótica en cualquier presa del territorio nacional (Mendoza *et al*, 2014), puesto que su presencia en embalses es mediada por la introducción incidental. Los fenómenos naturales son la vía de escape más común de organismos domésticos hacia presas y ríos. La ocurrencia de una especie exótica está sujeta a la presencia de depredadores naturales, disponibilidad de alimento y su capacidad reproductiva y, debido a que los peces domésticos son a menudo elegidos por sus características superiores (facilidad de adaptación, resistencia a enfermedades, eficiencia en la conversión alimenticia, entre otras), es factible que tengan mayor

probabilidad de sobrevivir en un hábitat natural (Houde *et al.*, 2010). Por lo tanto, es de gran importancia determinar si el bagre de canal ha podido adaptarse a nuevos hábitats y la influencia que pudiera tener sobre estos ecosistemas.

No existen datos recientes sobre las poblaciones silvestres de bagre de canal nativas del Norte del país; si han sufrido por la influencia de la industrialización en la zona fronteriza, si han sido capaces de sobrevivir a los fenómenos naturales, si su población se ha dividido por barreras geográficas o si se han mezclado con bagres domésticos cultivados en Texas, Tamaulipas, Durango o Chihuahua. Las poblaciones silvestres suelen tener mayores niveles de variabilidad genética debido a la dinámica poblacional por la que se rigen (McKinna *et al.*, 2010), lo que las convierte en una fuente potencial de reproductores para iniciar o mejorar las granjas acuícolas mexicanas.

Adicionalmente, conocer las características genéticas y fenotípicas del bagre mexicano permitirá la identificación de productos y subproductos comercializados en el país. Este hecho cobra importancia al analizar la influencia de las especies del género *Pangasius*, que durante la última década se importa al país a precios que no permiten la competencia del producto nacional. El etiquetado de productos bajo el nombre de “bagre” es una práctica muy común en el mercado mexicano. Inclusive los reportes oficiales sobre pesca y acuicultura incluyen bagre bandera, bagre de canal o bagre genérico en las estadísticas productivas. La implementación de un método de identificación molecular del bagre mexicano, como la secuenciación del gen de la citocromo oxidasa I (Wong *et al.*, 2011), permitiría rastrear su origen, desplazamiento, importación e inocuidad, proveyendo así una herramienta para el mercado y reglamentación del producto en el país. Desde cualquier perspectiva, la caracterización de las poblaciones silvestres de bagre de canal en México es una necesidad que se acompaña de beneficios indudables para la acuicultura nacional.

Uno de los aspectos identificados mediante el presente trabajo es la falta de literatura científica arbitrada. Es importante tomar conciencia sobre la importancia del bagre de canal como especie nativa mexicana y su potencial económico.

1.7.AGRADECIMIENTOS

El presente se realizó con el apoyo de 1) Fondo Mixto de Fomento a la Investigación Científica y Tecnológica CONACyT-Gobierno del Estado de Tamaulipas. Proyecto 150598. 2) Secretaría de Investigación y Postrado del Instituto Politécnico Nacional. Proyecto SIP 20143982. 3) Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

M.C. Isidro Montelongo Alfaro, Ing. Hector Gojón Báez, Biol. Nely Reyes (Comité Sistema Producto Bagre Tamaulipas), Biol. Hugo Arias (Comité de Sanidad Acuícola Jalisco), Dr. José Herrera Camacho y M.C. Jessica Herrera Hojeda (Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo). Ing. Armando Pacheco (CONAPESCA, Chihuahua), M.C. Lorena Vázquez (CIIDIR-IPN, Sinaloa). Ing. Manuel Ochoa, Ing. Daniel Montaña e Ing. Julio Ortiz. C. Sergio Balboa, Ignacio Lara, Syntia Villarreal e Ing. Roque Cantú por su aportación en la colecta de bagres silvestres.

A todos los productores que tan amablemente nos abrieron sus puertas y proporcionaron información sobre sus unidades de producción.

1.8.LITERATURA CITADA

Busch, R.L. 1983. Evaluation of three spawning containers for channel catfish. *Prog. Fish. Cult.* 45:97-99.

Comisión Nacional de Acuicultura y Pesca, México. CONAPESCA. 2014. Organismos en Centros Acuícolas Federales (Programa e5cinco). Consultado en Julio de 2014. http://www.conapesca.gob.mx/wb/cona/cona_venta_de_organismos_ca.

Cuvier, G.y A. Valenciennes. 1828. *Histoire Naturelle des Poissons.* Paris, Francia.

De Buen, F. 1940. Un Nuevo Genero de la Familia Goodeidae Perteneiente a la Fauna Ictiologica Mexicana. *An. Esc. nac. Cienc. biol.* 40(2-3): 133-140.

Espinosa-Perez, H.T., P. Gaspar-Dillanes y A. Fuentes-Mata. 1993. Los Peces Dulceacuicolas Mexicanos. Serie Listados Faunisticos de Mexico. III. Instituto de Biologia, Universidad Nacional Autónoma de Mexico, D.F. México.

Follet, W.I. 1960. The freshwater fishes: Their origins and affinities. Symposium on biogeography of Baja California and adjacent seas. *Syst. Zool.*, 9: 212-232.

Girard, C.F. 1858. Notes upon various new genera and new species of fishes, in the museum of the Smithsonian Institution, and collected in connection with the United States and Mexican boundary survey: Major William Emory,Comissioner. *P. Acad. Nat. Sci. Phila.*, 10: 167-171.

González, A.I., Y. Barrios, G. Born-Schmidt y P. Koleff. 2014. El sistema de información sobre especies invasoras. En: Mendoza RE, Koleff P. (Coords). *Especies Acuáticas Invasoras en México.* Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D.F. 95-112.

Hendrickson, D.A. 1984. Distribution records of native and exotic fishes in the Pacific drainages of northern México. *J. Arizona-Nevada Acad. Sci.*, 18: 33-38.

Houde, A.L., Fraser, D.J. y Hutchings, J.A. 2010. Fitness-related consequences of competitive interactions between farmed and wild Atlantic salmon at different proportional representations of wild–farmed hybrids *ICES J. Mar. Sci.* 67: 657-667.

Islas-Rubio, A.R. y I. Higuera-Ciajara. 2002. Soybeans: Post-harvest Operations. Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Jackson, D.C. 2004. Natural History and Fisheries. In: Tucker CS, Hargreaves JA. *Biology and Culture of Channel Catfish.* Elsevier, EEUUA, pp. 15-35.

Jordan, D.S. y B.W. Evermann. 1896-1900. The fishes of North and Middle America. *Bull. U.S. Nat. Mus.*, 47(1-4): 1-3313.

Jordan, D.S. y J.O. Snyder. 1900. Notes on a collection of fishes from the rivers of Mexico, with descriptions or twenty new species. *Bull. U.S. Fish. Comm.* 19:115-147.

Klinger, H., Delventhal, H. y Hilge, V. 1983. Water quality and stocking density as stressors of channel catfish (*Ictalurus punctatus* Raf.). *Aquaculture*, 30(1), 263-272.

Levêque, C., Oberdorff, T., Paugy, D., Stiassny, M. L. J., y Tedesco, P. A. 2008. Global diversity of fish (Pisces) in freshwater. In *Freshwater Animal Diversity Assessment*). Springer Netherlands. pp. 545-567.

Lundberg, J.G. 1992. The phylogeny of ictalurid catfishes: a synthesis of recent work. En: Mayde RL. *Systematics, Historical Ecology, and North American Freshwater Fishes*. SUPS. Stanford, California, pp. 392-420.

McKinna, E. M., Nandlal, S., Mather, P. B., & Hurwood, D. A. 2010. An investigation of the possible causes for the loss of productivity in genetically improved farmed tilapia strain in Fiji: inbreeding versus wild stock introgression. *Aquaculture Research*, 41(11), e730-e742.

Mendoza, R., Ramírez-Martínez, C., Aguilera, C. y Meave, M.A. 2014. Principales vías de introducción de las especies exóticas. En: Mendoza, R.E. y Koleff, P. (Coord). 2014. *Especies Acuáticas Invasoras en México*. CONABIO. México, D.F. México. Pp: 44-67

Miller, R.M. 2005. *Freshwater Fishes of México*. U. Chicago Press, Chicago. U.S.A.,

Miller, R.R. y M.L. Smith. 1986. Origin and geography of the fishes of Central Mexico. In: C.H. Hocutt & E.O. Wiley (eds.). *The Zoogeography of North American Freshwater Fishes*. John Wiley and Sons, New York, pp. 491-517.

Miller, R.R., W.L. Minckley y S.M. Norris. 2005. *Freshwater Fishes of México*. U. Chicago Press, Chicago.

Minckley, W.L., D.A. Hendrickson y C.E. Bond 1986. Geography of Western North American freshwater fishes: description and relationships to Intracontinental Tectonism. In: C.H. Hocutt & E.O. Wiley (eds.). *The Zoogeography of North American Freshwaters Fishes*. John Wiley and Sons. 15: 519-613.

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. ONU. 2014. Departamento de Pesca y Acuicultura. Programa de información de especies acuática: *Ictalurus punctatus*. Consultado Junio de 2014. http://www.fao.org/fishery/culturedspecies/Ictalurus_punctatus/es.

Page, L.N. y B.M. Burr. 1991. *A field guide to freshwater fishes. North America north of Mexico*. Houghton Mifflin Co., Boston.

Parra-Bracamonte G. M., Sifuentes-Rincón, A.M., De la Rosa-Reyna, X.F., Arellano-Vera, W. y Sosa-Reyes, B. 2010. Desarrollo Tecnológico para el Mejoramiento de Especies Acuícolas de Interés Comercial, Recurso Bagre de Canal - Informe final. Instituto Politécnico Nacional. Tamaulipas, México.

- Parra-Bracamonte, G. M., Sifuentes-Rincón, A. M. De la Rosa-Reyna, X. F., Arellano-Vera, W. & B. Sosa-Reyes 2011.** Inbreeding evidence in a traditional channel catfish (*Ictalurus punctatus*) hatchery in Mexico. *Elec. J. Biotech.*, 14: 1-11.
- Pérez-Ponce, G.y A. Choudhury. 2002.** Adult Endohelminth Parasites of *Ictalurid* Fishes (*Osteichthyes: Ictaluridae*) in Mexico: empirical Evidence for Bio Geographical Patterns. *Comp Parasitol.*, 69: 10-19.
- Ruiz-Campos, G. 1995.** First occurrence of the yellow bullhead, *Ameiurus natalis*, in the lower Colorado River, Baja California. *Calif. Fish Game*,
- Rutter, C.M. 1986.** Notes on fresh water fishes of the Pacific slope of North America. The fishes of Rio Yaqui, Sonora, with the description of a new genus of *Siluridae*. *Proc. Calif. Acad. Sci.*, 255-262.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. SAGARPA. 2013.** Diario Oficial de la Federación. Carta Acuícola.
- Tucker, C.S. y J.A. Hargreaves. 2004.** *Biology and Culture of Channel Catfish.* Elsevier, pp. 15-35.
- Waldbieser, G. C., Bosworth, B. G., Nonneman, D. J. y Wolters, W. R. 2001.** A microsatellite-based genetic linkage map for channel catfish, *Ictalurus punctatus*. *Genetics*, 158(2), 727-734.
- Wong, L.L., E. Peatman, J. Lu, H. Kucuktas, S. He, C. Chou, U. Na-nakorn y Z. Liu. 2011.** DNA Barcoding of Catfish: species Authentication and Pjylogenetic Assessment. *PLoS ONE* 6(3):e17812. doi:10.1371/journal.pone.0017812.

CAPÍTULO 2.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE ESPECIES DEL GÉNERO *ICTALURUS* MEDIANTE CÓDIGO DE BARRAS DE ADN

2.1 RESUMEN

Los bagres del género *Ictalurus* son peces de gran importancia para la acuicultura a nivel mundial, y México es sitio de origen de al menos diez especies. En este capítulo, se reporta la identificación molecular de bagres de vida libre (n= 74) en México mediante la secuenciación del gen de la citocromo oxidasa I (COI) del genoma mitocondrial. Se identificaron tres especies de bagre: *Ictalurus punctatus*, *Ictalurus furcatus* e *Ictalurus lupus* en cinco ríos, cinco presas, un lago y una laguna del país, entre los cuales se reportan cinco nuevos sitios de avistamiento del género *Ictalurus* en México. Se propone el uso del código de barras de ADN para la identificación biológica, trazabilidad o el estudio de poblaciones de bagre de México.

Palabras Clave: Acuicultura, COI, COX, genética de conservación

2.2. ABSTRACT

The catfishes are a group of fish of great importance in aquaculture worldwide. Northeast Mexico is site or origin of at least ten species of the genus *Ictalurus*. In this study, we report the molecular identification of 74 feral catfish by sequencing the cytochrome oxidase I gene (COI). Three different species (*Ictalurus punctatus*, *Ictalurus furcatus* and *Ictalurus lupus*) were found from a five rivers, five reservoirs and one lake. Five new sites of sighting are reported for the genus in Mexico. DNA barcode analysis is a reliable tool for identification, traceability or natural conservation studies of catfish populations in Mexico.

Aquaculture, COI, COX, conservation genetics

2.3. INTRODUCCIÓN

México contribuye con cerca del 10% de la biodiversidad de peces del mundo (CONABIO, 2014) y en el país, 543 de 3000 especies se aprovechan mediante pesca o acuicultura (SAGARPA, 2013). Sin embargo, se ha propuesto que casi el 86% de los organismos terrestres y el 91% de los oceánicos no han sido aún descritos (Mora *et al.*, 2011). Gran parte de la problemática para la descripción y clasificación de nuevas especies reside en la disponibilidad de taxónomos y especímenes correctamente preservados. La secuenciación de la región 1 del gen de la citocromo oxidasa (COX o COI) se reconoce actualmente como una herramienta muy útil para la identificación confiable de vertebrados. Una de las mayores cualidades de la técnica es que puede aplicarse a productos procesados como, filetes, *nuggets*, hueso, heces, piel, entre otros, permitiendo la identificación de especies amenazadas, mal etiquetadas o potencialmente dañinas para el consumidor (Smith *et al.*, 2008).

El bagre de canal, *Ictalurus punctatus*, es nativo de Estados Unidos, Canadá y México y es considerada una especie con gran potencial para la industria acuícola. Debido a su creciente explotación, la especie se ha introducido en al menos 20 estados del territorio Mexicano, principalmente en presas, para promover la pesca de subsistencia. Está bien documentado que el escape de las granjas acuícolas representa una de las principales causas de la presencia de especies acuáticas invasoras (Mendoza *et al.*, 2014). Puesto que la acuicultura de bagre de canal en México inició a partir de la importación de alevines de Estados Unidos, es importante evaluar la distribución de la especie en aguas continentales del país para determinar su presencia e impacto económico y ecológico. El presente estudio tuvo como objetivo la identificación de bagres capturados en aguas continentales mexicanas, mediante código de barras de ADN.

2.4. MATERIALES Y MÉTODOS

Se obtuvieron 74 muestras de peces con características propias del género *Ictalurus* de 5 ríos y 5 presas 1 lago y 1 laguna (Cuadro 2.1). Los peces fueron capturados mediante redes o trampas y, previa colecta de una porción de aleta anal, los especímenes fueron liberados. El ADN fue purificado usando el estuche comercial GenElute Mammalian Genomic DNA Miniprep (SIGMA Aldrich®) siguiendo las recomendaciones del fabricante. La integridad del ADN fue verificada en geles de agarosa al 1.5% usando SybrGreen y Lambda 0.578 ng/μl (GIBCOBRLλ®) para su cuantificación en el programa Image Analysis Software (Kodak Digital Science v5.0). La concentración del ADN se determinó con el espectrofotómetro Nano Drop 2000c (Thermo Scientific v1.1). Se amplificó mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa la región 1 del gen de la citocromo oxidasa (COX1) con los iniciadores C_FishF1t1 y C_FishR1t1 (Ivannova *et al.*, 2007 y Wong *et al.*, 2011). Las reacciones se llevaron a cabo en un volumen total de 10 μl incluyendo 0.5X de Buffer (Promega), 0.2 mM de cada desoxinucleótido trifosfato (dNTPs), 2.5 mM MgCl₂, 0.2 pmol de cada iniciador, 100 ng de ADN total y 1.2 U/μl de *Taq* ADN polimerasa (Promega M3005) en un termociclador MJ Research bajo las siguientes condiciones: Desnaturalización inicial a 95°C por 2 min, 35 ciclos de 95°C por 30s, 52°C por 40s y 72°C por 1 min, seguido de una elongación final a 72°C por 10 minutos. Para verificar el tamaño de los fragmentos amplificados (650-700 pares de bases), los amplicones fueron visualizados en geles de agarosa al 2.5% usando el marcador de peso molecular 100 bp DNA Ladder (Promega®). Los productos de PCR se purificaron con Exo-SAP (Dugan *et al.*, 2002) y la secuenciación se llevó a cabo con el estuche BigDye Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems Inc., CA, USA) en el Analizador Genético ABI 3130 (Applied Biosystems Inc., CA, USA). Las secuencias resultantes se editaron con el programa Chromas Lite v 2.1.1 (Technelysium, Pty Ltd). Posteriormente, todas las secuencias fueron alineadas en el programa BioEdit (Hall, 1999) y finalmente se utilizó MEGA versión 6 (Tamura *et al.*, 2013) para calcular la distancia genética entre las secuencias analizadas y construir un árbol filogenético. Para la identificación específica de las muestras analizadas, se utilizaron las herramientas BLASTn (Altschul *et al.*, 1990) y Animal Identification (COI)

(Ratnasingham y Hebert, 2007) de las plataformas en línea NCBI y BOLDSYSTEMS, respectivamente. Para la asignación de especies durante el alineamiento comparativo se tomaron en cuenta la cobertura, el puntaje (score), probabilidad (*E Value*) y el porcentaje de identidad.

2.5. RESULTADOS

Se obtuvieron secuencias de entre 580 y 700 pares de bases del gen de citocromo oxidasa. Se identificaron tres especies del género *Ictalurus* (*I. punctatus*, *I. furcatus* e *I. lupus*) (Cuadro 2.1). Se registró la presencia de Bagre de Canal (*I. punctatus*) en los Ríos Purificación, Pílon, Corona, Bravo y Pánuco (Tamaulipas), además de las presas Vicente Guerrero, República Española, Gustavo Díaz Ordaz (Tamaulipas) y La Boquilla (Chihuahua). Se encontró bagre azul (*I. furcatus*) en el Río Bravo además de la Laguna Champayán (Altamira, Tamaulipas). Por otro lado, se identificaron especímenes de bagre lobo (*I. lupus*) en los Ríos Corona y Pílon (Tamaulipas), y en el Lago de Chapala (Jalisco).

Cuadro 2.1 Identificación de Bagres del Género *Ictalurus* en Aguas Continentales Mexicanas

Muestra	Localidad	Especie	Porcentaje de Identidad	*Score	*Cobertura	*Accesión de GeneBank
RBr1	Río Bravo Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
RBr2		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1219	96%	AF482987.1
RBr3		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	987	77%	JF292353.1
RBr4		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1240	61%	AF482987.1
RBr5		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1219	96%	AF482987.1
RBr6		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1219	96%	AF482987.1
RBr7		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1214	96%	AF482987.1
RBr8		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1208	96%	AF482987.1
RBr9		<i>Ictalurus furcatus</i>	100%	1223	84%	JF292373.1
RPu1	Río Purificación, Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	95%	JF292380.1
RPu2		<i>Ictalurus punctatus</i>	91%	811	51%	HQ024943.1
RPu3		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1173	52%	JF292354.1
RPu4		<i>Ictalurus punctatus</i>	93%	79	12%	KF558290.1
RPu5		<i>Ictalurus punctatus</i>	88%	374	31%	EU524678.1
RPu6		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1181	94%	AF482987.1
RPu7		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	92%	JF292392.1
RPu8		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1151	90%	JF292353.1
RPu9		<i>Ictalurus punctatus</i>	98%	1053	86%	JF292353.1
RPu10		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1122	91%	JF292353.1
RPu11		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	736	89	JF292353.1
RPi1	Río Pílon, Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1197	92%	JF292353.1
RPi2		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	81%	JF292380.1
RPi3		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1219	87%	AF482987.1
RPi4		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1205	87%	AF482987.1
RPi5		<i>Ictalurus lupus</i>	98%	1140	92%	JN026911.1
RPi6		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1214	64%	AF482987.1
RPi7		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1072	87%	JF292353.1
RPi8		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1107	88%	JF292353.1
RPi9		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1077	85%	JF292353.1
RCo1	Río Corona, Tamaulipas	<i>Ictalurus lupus</i>	98%	1138	93%	JN026911.1
RCo2		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	95%	JF292380.1
RCo3		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	11.03	92%	JF292353.1
RCo4		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1182	91%	JF292386.1
RCo5		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1142	93%	JF292353.1
RCo6		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1098	91%	JF292354.1

RCo7		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1035	92%	JF292353.1
RCo8		<i>Ictalurus punctatus</i>	92%	981	92%	JF292360.1
RPa1	Río Pánuco, Tampico, Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	87%	†	†	†BCFB131-06
PreViGro1		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1162	94%	JF292353.1
PreViGro2	Presa Vicente Guerrero, Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1229	97%	AF482987.1
PreViGro3		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1225	96%	AF482987.1
PreBo2		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1201	96%	AF482987.1
PreBo3		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1216	96%	AF482987.1
PreBo4		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1197	96%	AF482987.1
PreBo5	Presa La Boquilla, Chihuahua	<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	92%	JF292392.1
PreBo6		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1227	96%	AF482987.1
PreBo7		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1219	96%	AF482987.1
PreBo8		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
PreGuD1		<i>Ictalurus punctatus</i>	90%	793	80%	JF292390.1
PreGuD2		<i>Ictalurus punctatus</i>	90%	848	56%	JF292358.1
PreGuD3		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1131	57%	JF292353.1
PreGuD4	Presa Gustavo Díaz Ordaz, Sinaloa	<i>Ictalurus punctatus</i>	94%	1020	58%	JF292387.1
PreGuD5		<i>Ictalurus punctatus</i>	86%	610	48%	JF292388.1
PreGuD6		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1208	65%	HQ024943.1
PreGuD7		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1177	97%	JF292392.1
PreRaCa1		<i>Ictalurus punctatus</i>	98%	828	98%	HQ024943.1
PreRaCa2		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	929	90%	JF292362.1
PreRaCa3		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1216	96%	AF482987.1
PreRaCa4	Presa Ramiro Caballero, Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1099	87%	JF292353.1
PreRaCa5		<i>Ictalurus punctatus</i>	94%	922	61%	JF292392.1
PreRaCa6		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	92%	JF292392.1
PreRaCa7		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1171	91%	JF292392.1
PreRaCa8		<i>Ictalurus punctatus</i>	99%	1214	98%	AF482987.1
PreReEs1		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1221	93%	JF292380.1
PreReEs2		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
PreReEs3		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1214	96%	AF482987.1
PreReEs4	Presa República Española, Tamaulipas	<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
PreReEs5		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1225	96%	AF482987.1
PreReEs6		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
PreReEs7		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
PreReEs8		<i>Ictalurus punctatus</i>	100%	1203	93%	JF292392.1
LCpl1	Lago de Chapala, Jalisco	<i>Ictalurus lupus</i>	98%	1116	95%	JN026911.1
LCpy1	Laguna de Champayán, Tamaulipas	<i>Ictalurus furcatus</i>	94%	985	88%	JF292369.1

*Identificación mediante la base de datos GenBank. †Identificación mediante FishBol: no contiene datos de cobertura o “E-Value”

2.6.DISCUSIÓN

Como ha sido previamente reportado (Carvalho *et al.*, 2011) a pesar de que el grupo de código de barras de la vida para peces (FISH-BOL) supone una base de datos sumamente confiable debido a sus altos estándares para la identificación de los organismos, una limitante es que contiene información primordialmente de especies de alta relevancia ecológica o comercial, por lo que resulta complicado identificar especímenes de especies menos notorias. En contraste, para este trabajo, la base de datos del NCBI fue una plataforma más informativa al identificar especies no reportadas en FISH-BOL. La identificación adecuada de las especies es de gran relevancia en aspectos como monitoreo de biodiversidad, genética poblacional, reconocimiento de patrones de apareamiento, migración y dispersión de las diversas poblaciones de peces. Concerniente a este tema, en el presente trabajo no solamente fue posible verificar la distribución reportada de tres especies de bagre en el país, sino que se identificó la presencia de bagre de canal en sitios de los que no se tiene información precisa previa al agrupar diferentes ríos en sistemas hidrológicos (Cuadro 2.2).

El bagre azul (*I. furcatus*) ha sido ampliamente reportado previamente en el Río Bravo de Tamaulipas; en el presente análisis se confirma su presencia en el mismo, además de la Laguna Champayán (sur de Tamaulipas). Por otro lado, se identificaron especímenes de bagre lobo (*I. lupus*) en los Ríos Corona y Pílon (Tamaulipas). Así mismo, se registró un espécimen de bagre lobo en el Lago de Chapala, donde no existían reportes previos de avistamientos. De acuerdo a los resultados aquí reportados, tres especies de bagre: *I. punctatus*, *I. furcatus* e *I. lupus* han expandido su rango de distribución natural con un

total de 5 nuevos sitios de avistamiento. Este fenómeno puede atribuirse al éxito de una industria acuícola en desarrollo. La acuicultura es considerada como una alternativa que pudiera incluso sustituir la actividad pesquera en un futuro cercano debido a la sobreexplotación de las poblaciones acuáticas silvestres (Naylor *et al.*, 2000). Sin embargo, debe tomarse en cuenta que introducción, movilización o liberación no documentada de peces puede tener un impacto negativo en las poblaciones de bagre nativas, como la adquisición de nuevos parásitos, la degradación del hábitat o la pérdida de diversidad genética. En la actualidad, el bagre de canal se ha llegado a considerar como una especie invasiva en gran parte del territorio nacional (Mendoza *et al.*, 2014). Las líneas de bagre usadas en acuicultura son generalmente el resultado de años de manejo dirigido hacia características como mayor crecimiento, fertilidad o conversión alimenticia, entre otras; por lo que pudiera considerarse que los peces domésticos que escapen tendrían un desempeño más agresivo en el nuevo ecosistema y podrían ocasionar el deterioro paulatino de las poblaciones nativas. A la fecha no hay evidencia que sustente este riesgo, pero sí debe considerarse que los avistamientos de adultos indican el éxito reproductivo de una población de dicha especie en un hábitat distinto al natural. La inclusión de herramientas moleculares facilitará nuestra capacidad de descripción, caracterización y en consecuencia, aprovechamiento de los recursos acuícolas de país. Esta aportación podría ayudar a mejorar los programas de conservación y legislación sobre especies que poseen un gran potencial de aprovechamiento comercial, como es el caso del género *Ictalurus*.

Cuadro 2.2. Distribución de bagres en México: reportes previos y actuales

Especie	DPR	DA
		Río Purificación
		Río Pílon
		Río Corona
		Río Bravo
		Río Pánuco
<i>Ictalurus punctatus</i>	Sistema Hidrológico Río Bravo ⁽¹⁾	Presa Vicente Guerrero
	Sistema Hidrológico San Fernando ⁽²⁾	Presa República Española
	Sistema Hidrológico Soto La Marina ⁽³⁾	Presa Gustavo Díaz Ordaz
	Sistema Hidrológico Guayalejo-Tamesí ⁽⁴⁾	Presa La Boquilla
<i>Ictalurus furcatus</i> ^a		Laguna Champayán
		Río Bravo
<i>Ictalurus lupus</i> ^b		Río Pílon
		Río Corona
		Lago de Chapala

DPR: Distribución previa reportada. DA: Nueva distribución reportada en el presente estudio. 1: El Sistema Hidrológico Río Bravo incluye el Río Salado, Río Álamo, Río San Juan, Río Bravo y las presas Anzaldúas y Retamal y la Laguna Madre. 2: El Sistema Hidrológico San Fernando incluye los Ríos San Fernando, Potosí y Linares. 3: El Sistema Hidrológico Soto La Marina incluye los Ríos Soto la Marina, San Carlos, Pílon, Purificación, Corona, San Felipe, Santa Ana, San Marcos y Arroyo Grande. 4: El Sistema Hidrológico Guayalejo-Tamesí incluye los Ríos hiue, Arroyo Los Ángeles, Nogales, San Vicente, Jaumave, Guayalejo, Sabinas, Frío, Las Flores, Río Mante, Tigre y Tamesí. a *I. furcatus* previamente reportado en el Río Yaqui (Cuvier y Valenciennes, 1828). b *I. lupus* previamente avistado en Río Balsas y Río Ixtla (Jordan y Snyder, 1900)

2.7.LITERATURA CITADA

Altschul, S.F., W. Gish, W. Miller, E.W. Myers y D.J. Lipman. 1990. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215:403-410.

CONABIO. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Biodiversidad Mexicana. <http://www.biodiversidad.gob.mx/especies/especies.html>.
Última consulta: 25.11.14.

Carvalho, D.C., D.A. Neto, B.S. Brasil y D.A. Oliveira. 2011. DNA barcoding unveils a high rate of mislabeling in a commercial freshwater catfish from Brazil. *Mitochondrial DNA.* 22: 97-105.

Cuvier, G. y A. Valenciennes. 1828. *Histoire Naturelle des Poissons.* Paris. Francia.

Dugan, K.A., H.S. Lawrence, D.R.Hares, C.L. Fisher y B. Budowle, 2002. An improved method for post-PCR purification for mtDNA sequence analysis. *Journal of Forensic Sciences* 47: 1–8.

Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41:95-98.

Ivannova N.V., T.S. Zemlak, R.H. Hanner y P.D. Hebert. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes.* 7:544-548.

Jordan, D.S. y J. Snyder. 1900. Notes on a collection of fishes from the rivers of Mexico, with descriptions of twenty new species. *Bulletin of the U.S. Fish Commission.* 19:115-147.

Mendoza, R.E. y P. Koleff (Coords). 2014. *Especies acuáticas invasoras en México.* Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México.

Mora, C., D.P. Tittensor , S. Adl, A.G.B. Simpson y B. Worm. 2011. How Many Species Are There on Earth and in the Ocean? *Plos Biol* 9(8): e1001127.
[doi:10.1371/journal.pbio.1001127](https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127)

Naylor, R., K. Hindar, I. Fleming, R. Goldberg, S. Williams, J. Volpe, y M. Mangel. 2005. Fugitive salmon: assessing the risks of escaped fish from net-pen aquaculture. *Bioscience*, 55(5), 427-437

Ratnasingham, S. y P.D.N. Hebert. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). *Molecular Ecology Notes* 7, 355-364. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x

SAGARPA. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Diario Oficial de la Federación. Carta Acuícola. 2013.

Smith, P.J., S.M. McVeagh y D. Steinke. 2008. DNA barcoding for the identification of smoked fish products. *Journal of Fish Biology*. 72: 464-471.

Tamura K., G. Stecher, D. Peterson, A. Filipski y S. Kumar. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30:12. 2725-2729.

Valentini, A., Pompanon, F., & Taberlet, P. 2009. DNA barcoding for ecologists. *Trends in Ecology & Evolution*, 24(2), 110-117.

Wong, L.L., E. Peatman, J. Lu, H. Kucuktas, S. He, C. Zhou, U. Na-nakorn, y Z. Liu. 2010. DNA Barcoding of Catfish: Species Authentication and Phylogenetic Assessment. *PLoS ONE* 6(3): e17812. doi:10.1371/journal.pone.0017812.

CAPÍTULO 3

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE BAGRE DE CANAL (*Ictalurus punctatus*, RAFINESQUE, 1818) EN AGUAS CONTINENTALES DE MÉXICO

3.1. RESUMEN

México es sitio de origen de 10 especies del género *Ictalurus*, entre las cuales el bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) posee gran relevancia en la acuicultura a nivel mundial. Las poblaciones silvestres de bagre no solamente tienen potencial para la acuicultura sino que constituyen un recurso biológico que debe ser preservado. El objetivo del presente estudio fue determinar la estructura y diversidad genética de poblaciones de bagre de canal en aguas continentales en México. Se analizaron 292 peces de 4 ríos y 5 presas mexicanas con 13 microsatélites de ADN nucleares. Los valores de heterocigidad observada variaron entre 0.66 y 0.88 (Río Bravo y Río Pílon, respectivamente). El análisis de distancia genética (F_{ST}) evidenció baja, moderada y gran diferenciación entre las poblaciones, siendo el Río Bravo y las Presas La Boquilla y Gustavo Díaz Ordaz las poblaciones más divergentes. El análisis bayesiano de coancestría permitió identificar dos grupos ancestrales: uno formado por El Río Bravo y la Presa Gustavo Díaz Ordaz y otro que agrupó al resto de las poblaciones. Los resultados permiten sugerir el manejo de las poblaciones del centro de Tamaulipas como una sola unidad pesquera. Este trabajo aporta las bases para la futura caracterización de los rasgos productivos de las diferentes poblaciones mexicanas de bagre para su uso como pie de cría en la acuicultura.

3.2. ABSTRACT

Mexico is site of origin of 10 species of the genus *Ictalurus*, of which channel catfish (*Ictalurus punctatus*) has great a strong presence in aquaculture worldwide. Wild populations of catfish not only have potential for aquaculture but constitute a biological resource that must be preserved. The aim of this study was to determine the structure and genetic diversity of channel catfish freshwater populations in Mexico. 292 fish from 5 rivers and 4 reservoirs were analyzed at 13 microsatellite loci. Observed heterozygosity values ranged between 0.66 and 0.8 (Bravo and Pilon River, respectively). The genetic distance analysis (F_{ST}) showed low to great differentiation among populations, being Bravo River, La Boquilla, and Gustavo Diaz Ordaz reservoirs the most divergent populations. Coancestry bayesian analysis allowed the identification of two ancestral groups: one formed by Bravo River and Gustavo Diaz Ordaz and the other populations on another cluster. The results suggest a single management population on the Central Tamaulipas. This work provides the basis for future characterization of productive traits of Mexican catfish population so they can be used as breeding source for aquaculture.

3.3. INTRODUCCIÓN

México es sitio de origen de 10 especies de peces del género *Ictalurus* (Lara-Rivera *et al.*, 2015), de las cuales únicamente el bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) es explotado mediante pesca y acuicultura (SAGARPA, 2013). Las poblaciones naturales de bagres mexicanos fueron descritas entre los años 1828 y 2005 (Cuvier y Valenciennes, 1828; Girard, 1858; Jordan y Evermann, 1896; Jordan y Snyder, 1900; De Buen, 1940; Minckley *et al.*, 1986; Rutter, 1986; Page y Burr, 1991; Lundberg, 1992; Espinosa-Pérez *et al.*, 1993; Pérez-Ponce de León y Choudhury, 2002 y Miller *et al.*, 2005) y la información existente se limita a la presencia de las mismas en aguas continentales mexicanas.

Los bagres mexicanos pueden verse desde tres perspectivas principalmente; como un recurso natural endémico de nuestro país, como peces de gran potencial productivo y por último, como un riesgo ecológico en forma de especie invasora.

El éxito creciente de la acuicultura de bagre de canal ha llevado a la especie a gran parte del territorio nacional (Lara-Rivera *et al.*, 2015). En México, el cultivo de bagre se inició en la década de 1970 con peces de Estados Unidos (Miller, 2005) y no existen datos que indiquen que los bagres nativos se hayan utilizado alguna vez con fines productivos. La difusión descontrolada de organismos puede impactar fuertemente las poblaciones naturales, conduciendo a eventos de extinción por medio de la hibridación (Rhymer y Simberloff, 1996; Allendorf *et al.*, 2001). Uno de los aspectos de mayor relevancia bajo este supuesto es que los peces cultivados en acuicultura usualmente presentan ventajas competitivas en comparación con su contraparte silvestre debido a que son constantemente seleccionados en base a rasgos como crecimiento, ganancia de peso, prolificidad, entre otros (Blann y Healey, 2006). La acuicultura es considerada como una de las principales causas de la presencia de especies acuícolas invasoras en México y el bagre de canal ha sido recientemente clasificado como una especie exótica en cualquier presa del territorio nacional (Mendoza *et al.*, 2014), puesto que su presencia en embalses es mediada por la introducción incidental.

Por otro lado, las poblaciones naturales poseen genes que son favorables a su medio ambiente: esta riqueza es el componente de su diversidad genética. Asimismo, las poblaciones silvestres suelen tener mayores niveles de variabilidad genética debido a la dinámica poblacional por la que se rigen (Simmons *et al.*, 2006) (por ejemplo, el apareamiento aleatorio, el flujo genético entre distintas poblaciones y la selección natural), lo que las convierte en una fuente potencial de reproductores para la acuicultura. La diversidad genética es uno de los tres tipos de diversidad prioritarios de conservación según organizaciones ecológicas mundiales (CONABIO, 2015). En Noviembre de 1988, la Organización de las Naciones Unidas convocó a expertos en biodiversidad con el objeto de explorar la necesidad de un convenio internacional sobre la diversidad biológica. El Convenio fue firmado por México en el marco de la Conferencia de las Naciones Unidas sobre Medio Ambiente y Desarrollo en 1992, conocida como “La Cumbre de la Tierra”. En dicho tratado, se adquirieron compromisos como la conservación de la diversidad biológica, la utilización sostenible de sus componentes, la participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos, el acceso a los recursos genéticos y la transferencia de tecnologías pertinentes.

Para asegurar la conservación de la biodiversidad existen esfuerzos por preservar germoplasma representativo de las poblaciones naturales. Sin embargo, en peces la conservación de las poblaciones en su hábitat original se sugiere como una opción más viable para conservar su diversidad genética (Brummett *et al.*, 2004). En México, los estudios genéticos en peces se concentran en determinar unidades pesqueras (subpoblaciones) de especies marinas de interés comercial como atunes, sardinas y camarones (SAGARPA, 2013). No existen datos recientes sobre las poblaciones silvestres de bagre de canal nativas del Norte del país; si han sufrido por la influencia de la industrialización en la zona fronteriza, si han sido capaces de sobrevivir a los fenómenos naturales o si su población se ha dividido por barreras geográficas

Los microsatélites nucleares son una de las herramientas más utilizadas en el estudio de poblaciones naturales debido a que son altamente polimórficos, codominantes y

tienen un gran poder estadístico para la definición de estructura poblacional y diversidad genética (Oleksiak, 2010). Dada la relevancia tanto ecológica como económica de la especie, la información genética que permita definir las poblaciones más diversas, así como aquellas en estado más crítico, es crucial para el establecimiento de planes de manejo adecuados. Derivado de lo anterior, el objetivo del presente estudio fue determinar la estructura y diversidad genética de poblaciones de bagre de canal en aguas continentales en México.

3.4. MATERIALES Y MÉTODOS

3.4.1. MATERIAL BIOLÓGICO

Se colocaron trampas para bagre (Apéndice 7) en ríos donde se ha reportado previamente la ocurrencia de bagre de canal o donde existieran reportes de avistamientos. Adicionalmente, se hizo un sondeo en presas donde se practica la acuicultura de bagre de canal mediante jaulas flotantes o donde se hayan liberado crías de bagre para la pesca comercial. De los organismos capturados, se cortó un fragmento de 2 cm² de aleta anal. El tejido se conservó en etanol al 90 %. Los peces fueron liberados después de obtenerse el tejido correspondiente. Los sitios de colecta incluyeron 4 ríos y 5 presas de 3 estados en México (Figura 3.1).

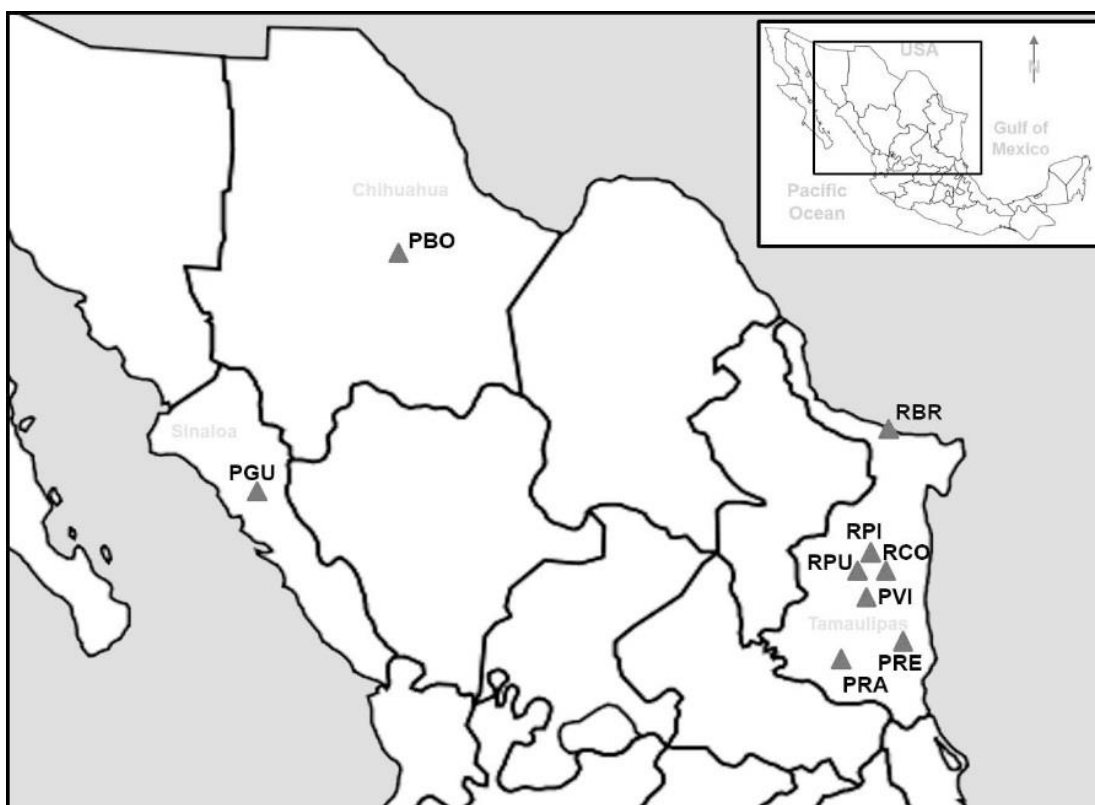


Figura 3.1. Sitios de muestreo de poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en aguas continentales de México.

3.4.2. PURIFICACIÓN DE ADN

Las extracciones de ADN genómico se llevaron a cabo con el estuche comercial tipo columna GenElute Mammalian Genomica DNA Miniprep (SIGMA Aldrich®), siguiendo un protocolo modificado del establecido por el fabricante (Apéndices). La integridad del ADN se verificó en geles de agarosa al 1.5%, usando como buffer de carga Sybr Green y el Lambda 0.578 ng/μl de GIBCOBRL® como referencia para la cuantificación en el Image Analysis Software™ de Kodak Digital Science v 5.0. Una vez verificada la integridad del ADN, la concentración se cuantificó usando el espectrofotómetro Nano Drop 2000c de Thermo Scientific v 1.1.

3.4.3. AMPLIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES NUCLEARES

Se utilizó un panel de 13 marcadores microsatélites (Cuadro 3.1). Dicho panel fue reportado con anterioridad y probó ser polimórfico e informativo. Algunos de los *loci* incluidos en el presente trabajo, fueron usados con anterioridad para identificar la línea mejorada USDA103 (Waldbieser y Wolters, 2007). Se verificó la presencia de bandas del tamaño esperado mediante geles de agarosa al 2% usando como referencia el marcador de peso molecular 100bp DNA Ladder de Promega®.

Cuadro 3.1. Panel de microsatélites usado para el análisis de poblaciones de *Ictalurus punctatus*

<i>Loci</i>	Secuencia	Unidades repetidas	MgCl ₂ (mM)	TM °C	Rango Alélico Reportado (pb)
Ip077^a	VICGAAACACAATGTACAGTAAGCTG GCTGCTTCTTATGGAATCTC	GT	3.0	65	69-115
Ip265^a	NEDAGAGGTTGAAATAAACACAGCC AAGACCCCACTTCCATCA TC	CA	3.0	65	141-220
Ip591^a	NEDFCTGCTTTAGGTCCACCCACTGC AGGCACTTGACATTTAGCCTGC	GT, GA	3.0	65	117-149
Ip427^a	FAMCATTGCTAGGTGCGCGCACG GGTGCCTTTA TATGTA TATAC	CA	3.0	62	221-254
Ip607^a	NEDCAGGCACAAATCTTGATGG TTGTAGTTCTGCCTCTAACCGC	GA	3.0	62	102-174
IpCG0038^b	VICGTGTGCCTGATTACTAATGATAAG TGTATTGGTATAGAACACATTA GCC	ATAG	2.0	58	102-161
IpCG00189^b	FAMGATCCTGTGCTAAAGAAACCAAG GTGCCGCAGTGTGTTGTAAG	AAT	3.0	62	201-261
IpCG00195^b	FAMAACGTGTCATTACACACATTCATCTA GCAGGTCTGTCGTCA TCTA	AAT	2.0	58	220-249
IpCG00273^b	NEDCGTTTTACTTCCTCATACAGCAC GCACCAAGAGACCTGTGACA	AAG	1.75	55	143-254
IpCG00032^b	VICTAAGATGCGTATGAAGACAA/ GTTACAATATTTAGAACGGTATAAGC	ATAG	2.0	55	270-326

IpCG00035 ^b	VICAACCACTAAGCCTAGCACGTTC/ AGTATGGGTACTGCAACAAA	ATAG	3.0	55	281-349
IpCG00070 ^b	FAMATCATTTTCTGCTTCTTATA CATAGGCT CCTTTAGATGAACTCACCTGCC	ATAG	3.0	55	218-355
IpCG00128 ^b	VIC GATCCA CTGAGAAA TAAGAGCACA GGAGTATAGCACAGAAACAGAA	AAAG	1.75	55	252-328

Referencias: a: Tan *et al.*, 1999; b: Waldbieser y Wolters, 1999, Waldbieser y Wolters, 2007.

Las amplificaciones se llevaron a cabo siguiendo protocolos de PCR de tipo Touch-Down de acuerdo a los requerimientos de cada loci (Apéndices).

3.4.4. GENOTIPIFICACIÓN

Los productos de PCR se diluyeron en una proporción 1:4 con agua miliQ estéril. Dependiendo del marcaje de los oligonucleótidos (cuadro 3.1), pudieron combinarse productos de PCR de diferente fluorescencia para su análisis. El volumen final de las reacciones fue de 20 μ l, conteniendo 1 μ l de producto de PCR de cada loci, 0.5 μ l de ROX 500 (GeneScanTM) como marcador de peso molecular, y el volumen restante compuesto se completó con formamida Hi-DiTM (GeneScanTM). Las muestras se desnaturalizaron mediante una incubación de 5 minutos a 95°C, seguida de un shock térmico (las muestras se colocaron en hielo).

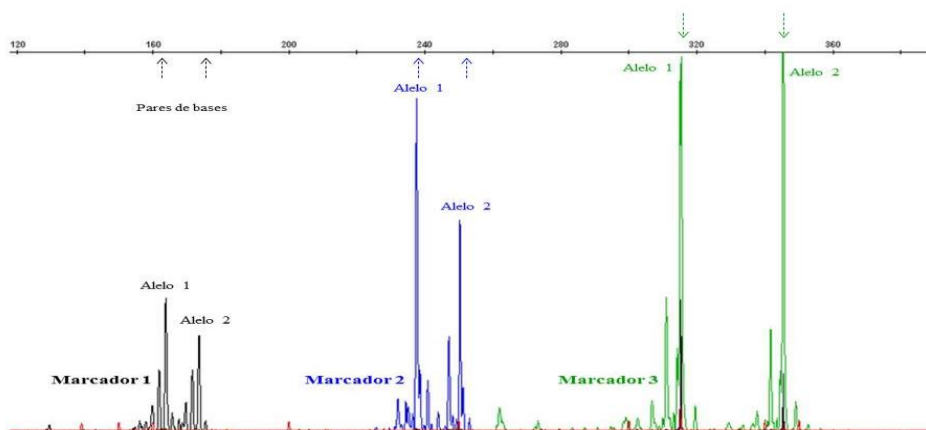


Figura 3.2. Electroferograma para la asignación de tamaños alélicos. En negro, los alelos correspondientes un marcador NED, en azul FAM, en verde VIC y en rojo el marcador de peso molecular ROX. Todos los genotipos en la figura son heterocigotos.

Una vez desnaturalizadas, las muestras se cargaron en una placa de 96 pozos, se centrifugaron y se procedió a su análisis con un capilar de 50 cm en el analizador genético ABI3130 con número de serie 19336-003 (Applied Biosystems®). El equipo presenta los resultados en forma de electroferogramas para cada muestra cargada. En el electroferograma pueden distinguirse picos correspondientes a tamaños de banda, en distintos colores dependiendo del marcaje de los oligonucleótidos. Con base en el marcador de peso molecular contenido en cada muestra, puede asignarse el tamaño del fragmento visualizado (Figura 3.2).

3.4.5 ANÁLISIS DE DATOS

Se utilizó el programa CONVERT 1.31 (Glaubitz, 2004) para calcular los alelos privados de cada población y convertir las bases de datos conforme a los requerimientos de los distintos paquetes estadísticos. MICRO-CHECKER versión 2.2.3 (Van Oosterhout *et al.*, 2004) se utilizó para probar la presencia de alelos nulos, alelos dominantes y "bandas fantasmas" durante la genotipificación. Las frecuencias alélicas fueron calculadas con CERVUS (Marshall *et al.*, 1998). GenAEx 6.3 (Peakal y Smouse, 2012) se utilizó para el cálculo del número de alelos y número efectivo de alelos por población y loci. La plataforma en línea GENEPOP 4.2 (Raymond y Rousset, 1995) se usó para hacer la prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg por *loci* y población, así como exceso y déficit de heterocigotos y número de migrantes. Otros indicadores de diversidad genética, como la heterocigocidad esperada (H_E), la heterocigocidad observada (H_O) y el coeficiente de endogamia (F_{IS}) se calcularon usando el programa Arlequín 3.11 (Excoffier *et al.*, 2005). Se hizo una estimación del tamaño efectivo de cada población (N_e) mediante NESTIMATOR (Peel *et al.*, 2004) usando el método de desequilibrio de ligamiento. El programa FSTAT 1.2 (Goudet, 1995) se utilizó para el cálculo de la distancia genética en forma (F_{ST}) así como la varianza molecular (AMOVA).

Para la estimación de la estructura poblacional, se recurrió a un enfoque Bayesiano para determinar el número de orígenes ancestrales de las poblaciones analizadas. Se

utilizó el programa STRUCTURE 2.3.1 (Pritchard *et al.*, 2000) para un análisis usando el modelo "Admixture" y "Correlated", en base a las recomendaciones de Pritchard *et al.*, (2000), Hubisz *et al.*, (2009) y Falush *et al.*, (2003), con un periodo de "burnin length" de 500,000, 750,000 MCMC y 20 repeticiones. El número de "K" o subgrupos, se determinó con la plataforma en internet STRUCTURE HARVESTER (Dent y VonHoldt, 2012), usando el método propuesto por Evano *et al.*, 2005. Para visualizar la estructura poblacional, se llevó a cabo un análisis de correspondencia con el programa GENETIX 4.05 (Belkhir *et al.*, 1996).

3.5. RESULTADOS

Se analizaron un total de 292 individuos pertenecientes a 9 poblaciones (Cuadro 3.2) de bagre de canal en aguas continentales mexicanas. No se encontraron errores de tipificación según MICROCHECKER. Las pruebas de desequilibrio de ligamiento no fueron significativas para ningún marcador ($p > 0.001$). El porcentaje de *loci* polimórficos estuvo en el rango de 85% al 100%. El número de alelos varió entre 9 y 15 y el número efectivo de alelos entre 5 y 9, siendo la Presa La Boquilla y el Río Purificación las poblaciones con menor y mayor proporción, respectivamente. Todas las poblaciones tuvieron alelos privados, siendo la Presa La Boquilla la población con mayor número. Los valores de heterocigocidad esperada fluctuaron entre 0.69 y 0.86, en tanto que la heterocigocidad observada fluctuó entre 0.7 y 0.9. El índice de fijación fue bajo para todas las poblaciones, incluso negativo para la mayor parte (6 de 9). Todas las poblaciones mostraron desviaciones del Equilibrio de Hardy Weinberg para el menos 3 *loci* (cuadro 3.4). Únicamente la población Vicente Guerrero mostró exceso de heterocigotos. Por otro lado, las poblaciones RBR, PRA y PBO fueron significativas para la prueba de déficit de heterocigotos. Con respecto al tamaño efectivo de las poblaciones analizadas (N_e) se obtuvieron valores de entre 44.9 y 491 siendo LBO y PGU las poblaciones con menor y mayor número estimado de reproductores activos, respectivamente (Cuadro 3.6). Los valores de distancia genética variaron en función del método de análisis. En base a Distancia de Nei, los valores de diferenciación genética variaron entre 0.17 y 0.82. Los valores de F_{ST} fluctuaron entre 0.03 y 0.16. La población PBO presenta los valores más altos para ambos análisis (Cuadro 3.5). El análisis de varianza molecular permitió identificar como fuente de variación a la de orden intrapoblacional con un 85%, en tanto que un 15% de la variación total puede atribuirse a la diferenciación genética entre las distintas subpoblaciones. El valor de F_{ST} del análisis de AMOVA es de 0.14. El número de migrantes estimado por generación es de 1.4 (Cuadro 3.3). Para el análisis de coancestría, se determinó que existen 2 grupos ancestrales entre las poblaciones de bagre de canal en aguas continentales en México: el primer *cluster* está integrado por las poblaciones RPU, RPI, RCO, PVI, PRA, PRE y BO; el segundo *cluster* lo integran las poblaciones RBR y PGU (Figura 3.3).

Cuadro 3.2. Principales Indicadores de Diversidad Genética de Poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en Aguas Continentales de México

Población	Clave	N	A	Ae	AP	AR	H _O	H _E	G	F _{IS}	% P	EHW	H _{EX}	H _{DFT}
Río Purificación*	RPU	30	15	9	39	12.71	0.84	0.86	0.88	0.017	100%	**		
Río Pilón*	RPI	30	13	7	8	12.67	0.88	0.85	0.87	-0.035	100%	**		
Río Corona*	RCO	26	13	8	11	12.71	0.86	0.86	0.88	-0.011	100%	**		
Río Bravo*	RBR	50	11	5	14	11.49	0.74	0.73	0.81	-0.007	92 %	**		**
Presa Vicente Guerrero*	PVI	28	11	7	6	11.25	0.89	0.82	0.84	-0.088	100%	*	**	
Presa Ramiro Caballero*	PRA	23	13	8	9	12.68	0.82	0.86	0.88	0.041	100%	**		**
Presa República Española*	PRE	30	12	7	9	11.90	0.87	0.84	0.86	-0.032	100%	**		
Presa Gustavo Díaz Ordaz ^φ	PGU	51	10	6	4	-	0.78	0.75	0.82	-0.048	92%	*		
Presa La Boquilla ¹	PBO	24	9	5	14	-	0.66	0.69	0.84	0.036	85%	*		**

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, AP: Alelos Privados, AR: Riqueza Alélica. H_O: Heterocigocidad Observada, H_E: Heterocigocidad Esperada, UH_E: Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS}: Coeficiente de Endogamia. Todos los valores, excepto AP reportados representan la media de los valores individuales para los 13 marcadores. AR no pudo estimarse para PGU y PBO debido a los genotipos faltantes en los marcadores Ip427 & Ip265

Cuadro 3.3. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)				
Fuente de Variación	GL	%	F _{ST}	Nm
Entre Poblaciones	8	15%		
Dentro de Poblaciones	283	85%	0.148	1.4
Total	291	100%		

GL: Grados de Libertad, Nm: Número de Migrantes.

Cuadro 3.4. Equilibrio de Hardy Weinberg de Poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en Aguas Continentales de México con 13 microsatélites nucleares

	IpCG0273	IpCG0128	IpCG0195	IpCG0038	IpCG0032	IpCG0070	IpCG0035	IpCG0189	Ip591	Ip607	Ip427	Ip265	Ip077
RPU	**	NS	**	**	***	NS	***	*	**	NS	***	***	NS
RPI	NS	***	NS	**	NS	***	NS	NS	***	**	***	***	*
RCO	NS	**	**	*	NS	NS	NS	NS	NS	*	***	***	NS
RBR	**	NS	NS	***	***	***	**	NS	***	***	NS	MN	*
PVI	**	NS	NS	*	***	NS	NS	NS	NS	**	***	NS	NS
PRA	NS	NS	NS	***	NS	NS	***	NS	***	NS	***	*	NS
PRE	NS	**	**	NS	***	NS	NS	**	NS	***	***	***	**
PGU	NS	NS	**	NS	NS	NS	NS	NS	NS	*	MN	***	***
PBO	NS	NS	NS	***	***	NS	NS	NS	NS	NS	MN	MN	***

NS =no significativo, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001MN: Monomórfico

Cuadro 3.5. Distancia genética de poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en aguas continentales de México

	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
RPU		0.018	0.015	0.086	0.025	0.027	0.027	0.055	0.100
RPI	0.244		0.013	0.084	0.019	0.023	0.019	0.051	0.095
RCO	0.218	0.182		0.083	0.015	0.021	0.019	0.051	0.096
RBR	0.672	0.625	0.626		0.094	0.079	0.078	0.107	0.163
PVI	0.324	0.233	0.178	0.735		0.031	0.032	0.058	0.108
PRA	0.417	0.342	0.307	0.531	0.435		0.018	0.051	0.096
PRE	0.386	0.256	0.250	0.495	0.414	0.240		0.042	0.098
PGU	0.548	0.476	0.482	0.624	0.542	0.478	0.339		0.138
PBO	0.721	0.593	0.640	0.816	0.772	0.634	0.634	0.821	

Distancia Genética de Nei: bajo la diagonal. F_{ST}: sobre la diagonal

Cuadro 3.6. Tamaño Efectivo de Población (N_e) e Intervalos de Confianza (95%) de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en México.

Población	N_{eLD}	Intervalo de Confianza
RPU	267.3	168.1-624.9
RPI	86	69.2-112.2
RCO	266.7	148.3-1155.3
RBR	52.7	46.7-60.1
PVI	275.8	145.1-2019.9
PRA	123.9	88.6-211.8
PRE	74.5	60.5-95.6
PGU	491.5	251-5464.9
PBO	44.9	34.6-62.6

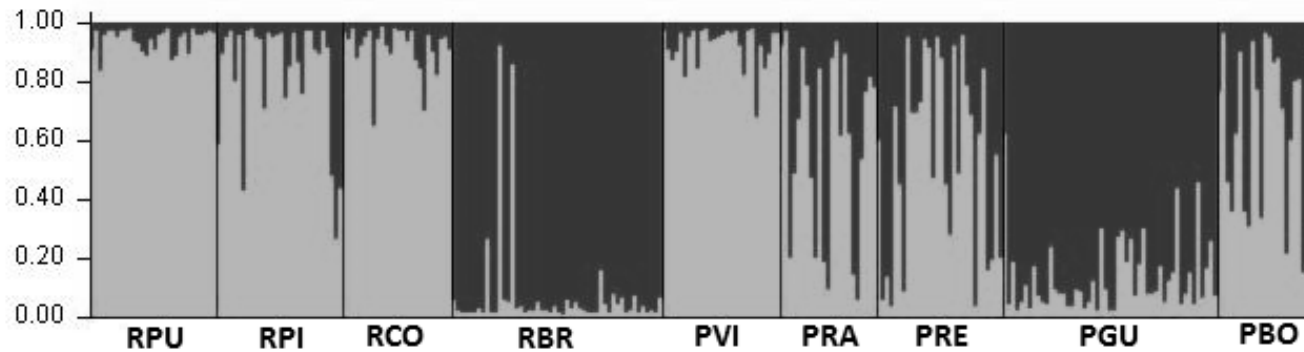


Figura 3.3. Estructura población inferida de Poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) de Aguas Continentales Mexicanas. RPU: Río Purificación, RPI: Río Pílon, RCO: Río Corona, RBR: Río Bravo, PVI: Presa Vicente Guerrero

3.6. DISCUSIÓN

Los principales objetivos del presente fueron determinar la diversidad genética y la estructura poblacional de poblaciones silvestres de bagre de canal en México.

Entre las poblaciones estudiadas, puede reconocerse un rango muy variable de valores para los diferentes indicadores de diversidad genética. Sin embargo, sería incorrecto definir las poblaciones más o menos diversas en base a un solo indicador. Por ejemplo, RPU y PBO tuvieron el mayor y menor número de alelos y número efectivo de alelos, respectivamente. La riqueza alélica es una medida de diversidad que toma en cuenta el número de muestra, pero no pudo determinarse para PBO debido a que faltaban genotipos para algunos *loci*. PVI es la población con menor riqueza alélica, aunque se encontró por encima de la media para otros indicadores. La riqueza alélica es una medida sumamente sensible a la pérdida de diversidad a través del tiempo y es muy susceptible a los cambios en el tamaño poblacional (Allendorf, 1986), por lo que PVI pudiera haber perdido recientemente reproductores. Coincidentemente, PVI fue la única población cuyos valores fueron significativos en la prueba de exceso de heterocigotos. Este fenómeno poblacional generalmente está relacionado a niveles altos de endogamia. No es el caso de PVI, para la cual el valor de F_{IS} es incluso negativo. Una alternativa es que la población pudo haber atravesado recientemente un cuello de botella genético del cual sobrevivieron una gran cantidad de organismos homocigotos. Estos fenómenos se reflejan en un porcentaje elevado de heterocigotos en las generaciones subsecuentes a los cuellos de botella y suponen una buena explicación a los altos niveles de heterocigocidad observados en este estudio.

Todas las poblaciones tuvieron alelos privados. RPU fue la población con la mayor proporción de los mismos y PGU tuvo el menor número. Si bien el número de alelos privados no puede considerarse como el principal indicador para la diversidad de una población, sí contribuye significativamente a la diferenciación genética de esa población y hará más evidente la estructura poblacional a través del tiempo.

Tradicionalmente, la diversidad genética de una población se mide en términos de Heterocigocidad Observada (H_O) y Diversidad Génica (G). Bajo este supuesto, PVI resultó ser la población más diversa en tanto que PBO fue la población con el menor valor (0.89 y 0.66 respectivamente) de H_O . Sin embargo, los valores de G se distribuyeron de manera diferente: RPU, RCO y PRA fueron las poblaciones con mayores niveles de diversidad (0.88) y RBR resultó la población menos diversa (0.81). Otro de los indicadores más relevantes en una población es el coeficiente de endogamia (F_{IS}). En este estudio no se encontraron niveles significativos de endogamia, por el contrario, los valores fueron negativos para la mayoría de las poblaciones. Uno de los efectos relacionados con niveles bajos de F_{IS} es el exceso de heterocigotos (H_{EX}); en el presente solo se encontró evidencia de H_{EX} en la población PVI, como se discute con anterioridad, de manera que los datos permiten concluir que ninguna de las poblaciones analizadas muestra efectos genéticos de endogamia.

Un estudio comparativo de los principales parámetros de diversidad genética entre diversos grupos de peces y otros organismos mostró que el número medio de alelos y heterocigocidad es de 9.2 y 0.60 para los peces dulceacuícolas al ser analizados con microsatélites nucleares (DeWoody y Avise, 2000). Para el caso específico de bagre de canal, existen pocos estudios realizados en peces silvestres con microsatélites. En un estudio de clonación y caracterización de microsatélites en *I. punctatus*, se reportaron valores de heterocigocidad superiores a 0.7 en 13 de los loci estudiados y encontraron de 3 a 7 alelos por locus (Waldbieser y Bosworth, 2003). Sin embargo, la población estudiada fue definida como “feral”, la cual se asume consiste en peces que viven en libertad pero que tienen un origen doméstico reciente. En el presente estudio, se reporta un rango de número de alelos entre 9 y 15 y heterocigocidades entre 0.66 y 0.89, superiores a los reportes previos. En este sentido, podría ser que la técnica utilizada en el presente haya influido en la facilidad de detectar nuevos alelos en comparación con las metodologías previas (asignación alélica en secuenciador *vs* asignación mediante bandas en gel). Con respecto a trabajos más antiguos, los resultados se obtuvieron mediante técnicas como AFLPs (Simmons *et al.*, 2006 y Mickett *et al.*, 2003) y por lo tanto, no pueden compararse con los datos aquí presentados.

Con respecto a la estructura poblacional de las poblaciones de bagre de canal en aguas continentales mexicanas, el cálculo pareado de distancia genética (F_{ST} y Nei) mostró evidencia de que RBR, PBO y PGU son las poblaciones más lejanas a las demás. Los valores de F_{ST} indican niveles de diferenciación muy variados que pueden interpretarse como poca, moderada y gran diferenciación genética entre las poblaciones. El análisis bayesiano agrupa a RBR y PGU en un *cluster* distinto al resto de las poblaciones. No existe conexión física entre el Río Bravo en Tamaulipas y la presa Gustavo D. Ordaz en Sinaloa, tampoco existe evidencia de algún intercambio mediado por acuicultores entre ambas. Sin embargo, es interesante observar que precisamente RBR y PGU fueron las poblaciones con los valores más bajos de los indicadores de diversidad genética más importantes (H_O y G). El Río Bravo y sus poblaciones de bagre de canal, son un recurso compartido con Estados Unidos, donde la acuicultura de la especie se desarrolla desde hace décadas. Por esta razón, RBR es una de las poblaciones más representativas en México y, en el presente trabajo, se perfila como una de las poblaciones menos diversa en términos de riqueza genética. Las poblaciones nativas, las que han existido por generaciones y están adaptadas a las condiciones regionales, son la base de la biodiversidad y por lo tanto, su conservación es prioritaria. La adaptación local es uno de los factores con mayor influencia en la diversidad genética de poblaciones silvestres (Kawecki y Ebert, 2004) y puede ser afectado fácilmente por la aportación genética de peces domésticos. La contaminación del agua en los ríos por desechos tanto municipales como industriales, el turismo, la construcción de represas y la pesca no regulada son factores que influyen sobre la dinámica poblacional de los bagres en los ríos, afectando la reproducción y la migración de sus individuos y, por lo tanto, causando efectos directos sobre la diversidad genética de estas poblaciones (Bickham *et al.*, 2000).

Parte de la relevancia de la adaptación local es el supuesto de que las poblaciones silvestres son una fuente de material genético para el establecimiento de granjas acuícolas de bagre de canal. Un estudio llevado a cabo con productores mexicanos indicó que la prioridad del mercado mexicano es obtener peces más grandes con una menor inversión de recursos (Lara-Rivera *et al.*, 2015). En este sentido, la diversidad genética no se refleja directamente sobre estos caracteres productivos, pero sí define en gran medida la capacidad de estas poblaciones de superar eventos ambientales adversos.

Bajo este supuesto, las poblaciones del centro de Tamaulipas son un buen reservorio de diversidad genética, en particular RPU, RPI y RCO. Por otra parte, PBO, PGU y RBR son poblaciones que pudieron haber atravesado recientemente por eventos que ocasionaron la baja diversidad genética que muestran actualmente.

El presente trabajo constituyó un esfuerzo por representar todas las poblaciones de bagre canal en aguas continentales: se visitaron los sitios que habían sido previamente reportados como hábitat de bagre de canal (Page y Burr, 1991, Pérez-Ponce de León y Choudhury, 2002) y adicionalmente se colocaron trampas en los embalses y ríos donde existen avistamientos recientes de la especie. Uno de los principales alcances de esta investigación es la definición de grupos poblacionales como unidades de manejo pesquero. En base a los análisis de distancia genética y agrupamiento bayesiano, se identificaron dos grupos principales. Si bien no existen datos morfométricos que indiquen la superioridad productiva de ninguno de los mismos, este trabajo sienta las bases para una evaluación del potencial productivo de las poblaciones analizadas y su posible utilización en la acuicultura de bagre de canal en México.

La acuicultura se proyecta como una de las actividades económicas de mayor crecimiento en un futuro para satisfacer la creciente demanda alimenticia a nivel mundial (FAO, 2012). A medida que el número de especies y granjas crezca, crecerá el riesgo de escape de peces domésticos y es necesario considerar los efectos que la acuicultura seguirá teniendo sobre las poblaciones nativas de bagre en México, para poder establecer planes de acción que ayuden a mitigar el impacto ecológico de este fenómeno. La aportación genética de los peces domésticos sin duda juega un papel muy importante en la estructura poblacional de los peces del presente estudio. De hecho, las poblaciones de bagre de canal presentes en embalses son generalmente el producto de la liberación intencional de alevines para fomentar la pesca deportiva y de subsistencia. En este escenario, sería muy recomendable tomar en cuenta la presencia de especies del género *Ictalurus* en los ríos tributarios que alimenten o se alimenten de las presas, además de fomentar un riguroso control de las unidades de producción acuícolas que practiquen la engorda o reproducción de bagre en jaulas flotantes o estanques aledaños a los embalses.

Finalmente, independientemente del potencial que las poblaciones analizadas tengan para la acuicultura, de su estructura poblacional, de sus adaptaciones locales, de la posible introgresión con peces domésticos, de su historia demográfica y de sus diferentes valores de diversidad genética, las diferentes poblaciones de bagre de canal en aguas continentales mexicanas son un valioso recurso natural que debe caracterizarse, monitorearse, manejarse y conservarse de manera prioritaria para beneficio de las futuras generaciones.

3.7. LITERATURA CITADA

Allendorf, F. W., Leary, R. F., Spruell, P., y Wenburg, J. K. 2001. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in Ecology y Evolution*, 16(11), 613-622.

Bickham, J. W., Sandhu, S., Hebert, P. D., Chikhi, L., y Athwal, R. 2000. Effects of chemical contaminants on genetic diversity in natural populations: implications for biomonitoring and ecotoxicology. *Mutation research/Reviews in Mutation research*, 463(1), 33-51.

Blann, C. A. y Healey, M. C. 2006. Effects of species, culture history, size and residency on relative competitive ability of salmonids. *Journal of Fish Biology*, 69(2), 535-552.

Brummett, R. E., Angoni, D. E. y Pouomogne, V. 2004. On-farm and on-station comparison of wild and domesticated Cameroonian populations of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, 242(1), 157-164.)

Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. CONABIO. Biodiversidad Mexicana. <http://www.biodiversidad.gob.mx/especies/especies.html>. Última consulta: 28.07.15.

Cuvier, G. y A. Valenciennes. 1828. *Histoire Naturelle des Poissons*. Paris, Francia.

De Buen, F. 1940. Un Nuevo Género de la Familia Goodeidae Perteneiente a la Fauna Ictiologica Mexicana. *An. Esc. nac. Cienc. biol.* 40(2-3): 133-140.

DeWoody, J. A. y Avise, J. C. 2000. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *Journal of Fish Biology*, 56(3), 461-473.

Espinosa-Perez, H.T., P. Gaspar-Dillanes y A. Fuentes-Mata. 1993. Los Peces Dulceacuicolas Mexicanos. Serie Listados Faunisticos de Mexico. III. Instituto de Biologia, Universidad Nacional Autónoma de Mexico, D.F. México.

FAO. 2012. *The State of World Fisheries and Aquaculture*. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome. p 209.

Girard, C.F. 1858. Notes upon various new genera and new species of fishes, in the museum of the Smithsonian Institution, and collected in connection with the United States and Mexican boundary survey: Major William Emory, Comissioner. *P. Acad. Nat. Sci. Phila.*, 10: 167-171.

Jordan, D.S. y B.W. Evermann. 1896-1900. The fishes of North and Middle America. Bull. U.S. Nat. Mus., 47(1-4): 1-3313.

Jordan, D.S. y J.O. Snyder. 1900. Notes on a collection of fishes from the rivers of Mexico, with descriptions or twenty new species. Bull. U.S. Fish. Comm. 19:115-147.

Kawecki, T. J. y Ebert, D. 2004. Conceptual issues in local adaptation. Ecology letters, 7(12), 1225-1241.

Lara-Rivera, A. L., Parra-Bracamonte, G. M., Sifuentes-Rincón, A. M., Gojón-Báez, H. H., Rodríguez-González, H., y Montelongo-Alfaro, I. O. 2015. El bagre de canal (*Ictalurus punctatus* Rafinesque, 1818): estado actual y problemática en México. 2015. Lat. Am. J. Aquat. Res. 43(3): 424-434.

Lundberg, J.G. 1992. The phylogeny of ictalurid catfishes: a synthesis of recent work. En: Mayde RL. Systematics, Historical Ecology, and North American Freshwater Fishes. SUPS. Stanford, California, pp. 392-420.

Mendoza R. y Koleff P. 2014. Introducción de especies exóticas acuáticas en México y en el mundo. In: R. Mendoza y Koleff P. (coords.). Especies acuáticas invasoras en México Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México, pp. 17-41.

Mendoza, R., C. Ramírez-Martínez, C. Aguilera y M.E. Meave. 2014. Principales vías de introducción de las especies exóticas. En: R. Mendoza y P. Koleff (coords.). Especies acuáticas invasoras en México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México. pp 43-73.

Miller, R.M. Freshwater Fishes of México. 2005. U. Chicago Press, Chicago. U.S.A.

Miller, R.R., W.L. Minckley y S.M. Norris. 2005. Freshwater Fishes of México. U. Chicago Press, Chicago.

Mickett, K., Morton, C., Feng, J., Li, P., Simmons, M., Cao, Dunham, R.A. y Liu, Z. 2003. Assessing genetic diversity of domestic populations of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) in Alabama using AFLP markers. Aquaculture, 228(1), 91-105.

Minckley, W.L., D.A. Hendrickson y C.E. Bond 1986. Geography of Western North American freshwater fishes: description and relationships to Intracontinental Tectonism. In: C.H. Hocutt & E.O. Wiley (eds.). The Zoogeography of North American Freshwaters Fishes. John Wiley and Sons. 15: 519-613.

Moritz, C. 2002. Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. Systematic biology, 51(2), 238-254.

Oleksiak, M.F. 2010. Genomic approaches with natural fish populations. *J Fish Biol.* 76: 1067-1093.

Page, L.N. y B.M. Burr. 1991. A field guide to freshwater fishes. North America north of Mexico. Houghton Mifflin Co., Boston.

Peel, D., Ovenden, J.R. y Peel, S.L. 2004. NeEstimator: software for estimating effective population size, Version 1.3. Queensland Government, Department of Primary Industries and Fisheries.

Pérez-Ponce, G. y A. Choudhury. 2002. Adult Endohelminth Parasites of Ictalurid Fishes (Osteichthyes: Ictaluridae) in Mexico: empirical Evidence for Bio Geographical Patterns. *Comp Parasitol.*, 69: 10-19.

Randi, E. 2008. Detecting hybridization between wild species and their domesticated relatives. *Molecular Ecology*, 17, 285–293.

Rhymer, J. M., y Simberloff, D. 1996. Extinction by hybridization and introgression. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 83-109.

Rutter, C.M. 1986. Notes on fresh water fishes of the Pacific slope of North America. The fishes of Rio Yaqui, Sonora, with the description of a new genus of Siluridae. *Proc. Calif. Acad. Sci.*, 255-262.

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. SAGARPA. 2013. Diario Oficial de la Federación. Carta Acuícola. 2013.

Simmons, M., Mickett, K., Kucuktas, H., Li P., Dunham. R. y Liu Z. 2006. Comparison of domestic and wild channel catfish (*Ictalurus punctatus*) populations provides no evidence for genetic impact. *Aquaculture*. 252: 133-146.

Tan, G., A. Karsi, P. Li, X. Zheng, H. Kucuktas, B.J. Argue, R.A. Dunham y Z.J. Liu. 1999. Polymorphic microsatellite markers in *Ictalurus punctatus* and related catfish species. *Molecular Ecology* 8:1753-1768.

Waldbieser, G. C., y Bosworth, B. G. 1997. Cloning and characterization of microsatellite loci in channel catfish, *Ictalurus punctatus*. *Animal genetics*, 28(4), 295-298.

Waldbieser, G.C. y W. R. Wolters. 1999. Application of polymorphic microsatellite loci in a channel catfish, *Ictalurus punctatus*, breeding program. *Journal of the World Aquaculture Society* 30:256–262.

Waldbieser, G. C. y W. R. Wolters. 2007. Definition of the USDA103 strain of channel catfish (*Ictalurus punctatus*). *Animal Genetics* 38:180–183.

CAPÍTULO 4

BAGRE DE CANAL (*Ictalurus punctatus*) EN LA ACUACULTURA MEXICANA: ESTRUCTURA POBLACIONAL Y DIVERSIDAD GENÉTICA

4.1. RESUMEN

El bagre de canal, *Ictalurus punctatus*, es una de las especies dulceacuólicas más utilizadas en la acuicultura a nivel mundial. La acuicultura de bagre en México comenzó en la década de 1970 con peces importados de Estados Unidos. No existen reportes oficiales sobre las movilizaciones de peces en el territorio nacional a partir de entonces, pero la comunicación con los productores permite aseverar que existe un constante intercambio de peces entre las distintas poblaciones. La diversidad genética es de particular importancia para poblaciones domésticas de interés comercial. El manejo intensivo al cual se someten los peces en las granjas tiende a disminuir la diversidad genética en las mismas. Está ampliamente documentado que esta disminución en la diversidad puede representar pérdidas importantes en la productividad de las granjas acuólicas. El objetivo del presente estudio fue determinar la estructura y diversidad genética de las poblaciones de bagre de canal más representativas en la acuicultura de México. Se utilizó un panel de 13 marcadores microsatelites. Se estimaron los indicadores más importantes de diversidad genética intrapoblacional y se determinó la distancia genética entre las poblaciones. Adicionalmente, se hizo un análisis bayesiano para determinar el número de poblaciones ancestrales entre las poblaciones de bagre doméstico en México. El número de alelos varió entre 10 y 16. El número de alelos privados varió entre 0 y 24. Se encontraron tamaños efectivos de población entre 67.4 y 241, siendo FAM y STT las poblaciones con menor y mayor proporción respectivamente. El valor total de F_{ST} para todas las poblaciones mediante el análisis de varianza molecular fue de 0.010 y la fuente de variación a la que se le atribuye el mayor porcentaje de diferenciación genética (91%) es a la variación intrapoblacional. Todas las poblaciones presentaron desviaciones del equilibrio de Hardy Weinberg para al menos un locus. En el análisis de coancestría, se detectaron cuatro grupos ancestrales entre las poblaciones analizadas. El primer clúster está integrado por LDN, LIS, SCN, FAM, AQQ, JSA y MIC; el segundo grupo lo integran las poblaciones ETP, STT, PUE, ZAC y CHI en tanto JBA y COH se encuentran formando un clúster cada una. En el análisis de coancestría, se detectaron cuatro grupos ancestrales entre las poblaciones analizadas. El primer clúster está integrado por LDN, LIS, SCN, FAM, AQQ, JSA y MIC; el segundo grupo lo integran las poblaciones ETP, STT, PUE, ZAC y CHI en tanto JSA y COH se encuentran formando un clúster cada una. No se encontró evidencia de endogamia

en ninguna población. JSA fue la población con valores más altos para diversos indicadores de diversidad genética y ZAC tuvo los más bajos. Es probable que un constante intercambio de crías y reproductores, así como pocos productores de crías a nivel nacional expliquen la baja diferenciación genética entre la mayor parte de las poblaciones. La población JSA es un claro ejemplo de la diferenciación genética que ocurre debido al aislamiento temporal y espacial, ya que esta población se formó originalmente con peces de Tamaulipas pero se ha diferenciado al grado de agruparse de manera diferencial. Por otro lado, COH posee una línea genética única, probablemente de peces importados que vale la pena caracterizar para determinar su posible influencia en la acuicultura mexicana de bagre de canal. Estos resultados proveen la base sobre la cual pueden identificarse las diferentes líneas de bagre presentes actualmente en el país con el fin de determinar aquellas con mejor potencial productivo. Asimismo, este trabajo provee las bases para la selección de reproductores en base a su diversidad genética, contemplando utilizar diferentes líneas para el establecimiento de granjas bajo un adecuado programa de mejoramiento genético.

4.2. ABSTRACT

Channel catfish, *Ictalurus punctatus*, is one of the most important species in world aquaculture. Catfish aquaculture in Mexico began in the 1970s with fish imported from the United States. There are no official reports of subsequent transfers of fish in the country, but communication with producers allows us to affirm that there is a constant exchange of fish between different populations. Genetic diversity is of particular importance in domestic populations of commercial interest. Intensive management to which fish are subject in farms tends to decrease their genetic diversity. It is widely documented that this decline in diversity may represent significant losses in productivity. The aim of this study was to determine the structure and genetic diversity of the most representative catfish populations in Mexico. A panel of 13 microsatellite markers was used to determine most important indicators of genetic diversity within populations were estimated and the genetic distance between populations. Additionally, a Bayesian analysis was conducted to determine the number of ancestral populations. The number of alleles varied between 10 and 16. The number of private alleles ranged between 0 and 24. Effective population sizes were between 67.4 and 241, being FAM and STT populations the lowest and highest, respectively. The overall value of F_{ST} was 0.010 and the source of variation can be attributed to genetic differentiation within populations (91%). All populations showed deviations from Hardy Weinberg for at least one locus. Four ancestral groups were detected by bayesian analysis. The first cluster consists of LDN, LIS, SCN, FAM, AQQ, JSA and MIC; the second group comprises the ETP, STT, PUE, CHI and ZAC. By last, both JBA and COH form a separate cluster each. No evidence of inbreeding was found in any population. JSA was the population with higher values for various indicators of genetic diversity and ZAC had the lowest. It is likely that a constant exchange of fry and broodstock among producers is responsible for the low genetic differentiation among most populations. The JSA population is a clear example of genetic differentiation occurring due to temporal and spatial isolation, since this population was originally formed with fish from Tamaulipas and has differentiated into a new cluster. On the other hand, COA constitutes a unique genetic line worth characterization for its potential influence on Mexican channel catfish aquaculture. These results provide the basis on which different lines of Mexican

catfish could be identified due to their productive potential. Also, this work provides the basis for selection based on their genetic diversity and the establishment of new farms under a proper breeding program.

4.3. INTRODUCCIÓN

El bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) es un pez dulceacuícola nativo de Norteamérica (Figura 4.1). Diez especies del género *Ictalurus* habitan aguas mexicanas, de las cuales, únicamente el bagre de canal se aprovecha mediante pesca y acuicultura (SAGARPA, 2013).



Figura 4.1. Área de distribución nativa del bagre de canal *Ictalurus punctatus* (Modificado de flmnh, 2015)

La acuicultura de bagre de canal en México es una actividad de particular importancia para la producción acuícola nacional y como sistema de producción de proteína de origen animal, debido a su cada vez mayor, aceptación y consumo, lo cual se refleja en el incremento sustancial de la producción nacional de los últimos años y una mayor participación de distintos Estados de la República (Figura 4.2). El Estado de Tamaulipas posee las condiciones climatológicas ideales para el cultivo del bagre de canal; inviernos fríos y cambios de temperatura que fomentan la maduración de las gónadas en los peces, además de ríos, presas y canales de riego disponibles para la acuicultura (González *et al.*, 2014). La producción de bagre en México inició en la década de 1970 (SAGARPA, 2013). Desde un inicio, el cultivo de bagre en el país se llevó a cabo con peces importados de

Estados Unidos. La primera introducción oficial de bagre de canal a México ocurrió entre 1976 y 1981 mediante 800 pares de reproductores a Tamaulipas con fines comerciales (Miller, 2005). El reporte más reciente sobre la importación oficial de bagre de canal data del 2010 (Parra-Bracamonte *et al.*, 2010), donde se describe la introducción oficial de una línea de peces seleccionados para crecimiento procedentes de San Luis Missouri, EUA hacia el centro acuícola federal “La Rosa” en el Estado de Coahuila. No existen reportes oficiales de movilizaciones posteriores de peces, pero se sabe que los productores a nivel nacional acostumbran comprar, vender e intercambiar reproductores y crías entre ellos en un intento empírico de aumentar la productividad de sus granjas por medio de la variabilidad genética.

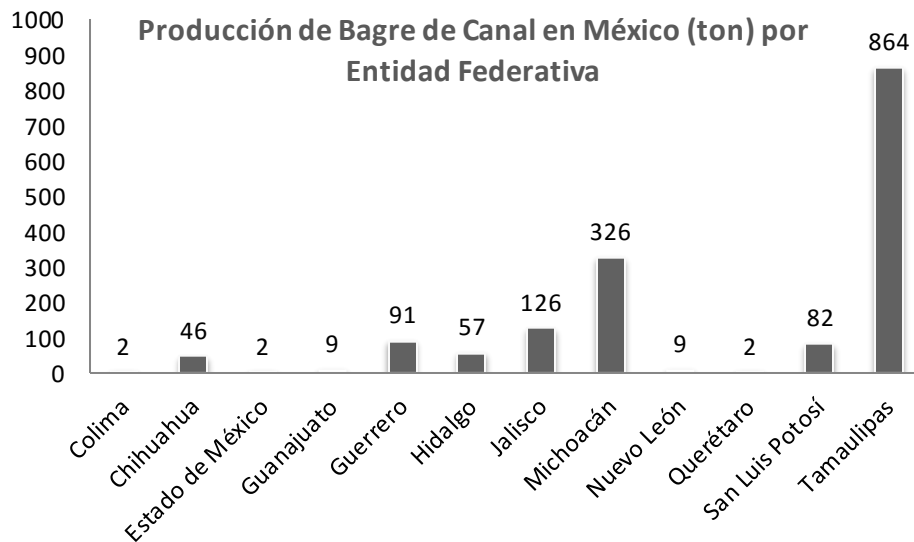


Figura 4.2. Producción de Bagre de Canal por Estado en México mediante Acuicultura

En poblaciones acuícolas domésticas, los peces son constantemente seleccionados en base a características de interés productivo (por ejemplo su talla o peso) y, por otro lado, son manejados bajo condiciones controladas que impiden la acción de procesos naturales como el apareamiento aleatorio, la selección natural y la migración. Generalmente, la domesticación está acompañada por un descenso en la variación genética con relación a las poblaciones silvestres originales, debido a la deriva génica, selección y endogamia. Los cambios genéticos de alguna característica son resultado de la acción de dos fuerzas: selección natural o artificial y deriva génica. Esta última puede generar endogamia y

erosionar la varianza genética. Ambas condiciones pueden afectar características de importancia productiva. Está ampliamente documentado que la disminución de la diversidad genética en poblaciones acuícolas domésticas puede relacionarse de manera directa con la disminución en la productividad de las mismas (Brummett et al., 2004).

La investigación en bagre de canal se ha enfocado en la reproducción, la nutrición y las condiciones ecológicas de los estanques de producción (Hargreaves y Tucker, 2004). El campo de la genética apenas comienza a ser aceptado por los productores como alternativa para la interpretación y solución de problemas. La mayor parte de la investigación se centra en elucidar los rasgos de importancia económica (como son resistencia a enfermedades, índice de crecimiento, eficiencia de conversión de alimento, resistencia a estrés ambiental, rendimiento de canal, facilidad de captura y reproducción). La constante experimentación ha permitido lograr avances muy importantes en materia de producción de bagre de canal. Por ejemplo, se han logrado mejoras de hasta el 50% en eficiencia de conversión de alimento mediante selección (Padi,1995), hibridación interespecífica e ingeniería genética (Dunham,1996). La resistencia a enfermedades se ha logrado mediante hibridación interespecífica (Argue *et al.*, 2003) y cruzamiento intraespecífico (Wolters y Johnson, 1994). La hibridación interespecífica es el método más efectivo para la tolerancia a bajos niveles de oxígeno (Dunham *et al.*, 1983), mientras que la selección de líneas y la hibridación se usan ampliamente para mejorar el rendimiento de los peces en canal (Dunham *et al.*, 2000).

Existen pocos antecedentes sobre la genética de poblaciones domésticas de bagre de canal en México. Con respecto a la estructura genética poblacional de las mismas, un estudio llevado a cabo con 5 granjas tamaulipecas identificó dos grupos ancestrales en Tamaulipas (De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014). Otro trabajo con 5 marcadores microsátélites reveló una baja diferenciación ($F_{ST} = 0.038$) entre distintas poblaciones domésticas del Estado de Tamaulipas (Perales-Flores *et al.*, 2007). Un estudio previo, mediante métodos genómicos moleculares, permitió identificar en granjas de Tamaulipas cierto nivel de consanguinidad que es necesario disminuir para evitar el riesgo de alguna depresión en el desempeño productivo o reproductivo de los reproductores (Parra-Bracamonte *et al.*, 2010).

Los microsatélites son marcadores moleculares codominantes y de herencia Mendeliana. Los SSRs (por sus siglas en inglés) consisten en reiteraciones de motivos secuenciales compuestos por de uno a seis nucleótidos, por ejemplo (CA) n o (GATA) n , donde “n” puede repetirse n veces. La variación en el número de repeticiones permite a los microsatélites proveer un gran número de alelos, distinguibles por su tamaño alélico (DeWoody y Avise, 2000). A partir de su descubrimiento (Litt y Luty, 1989; Tautz, 1989 y Weber y May, 1989), se han descrito miles de *loci* microsatélites para muchos organismos eucariotas. Debido a su tendencia a la hipervariabilidad, los microsatélites constituyen el marcador molecular por excelencia en la resolución de un gran número de problemas, incluyendo análisis forense, determinación de paternidad, mapeo genético y ecología poblacional (Waldbieser, *et al.*, 1997). Los microsatélites son muy efectivos para una gran variedad de aspectos en la industria de la acuicultura, particularmente para detectar diferenciación genética dentro y entre poblaciones. Su potencial permite incluirlos en el monitoreo de los cambios de variación genética como consecuencia de diferentes estrategias de manejo, en la investigación de las interacciones entre poblaciones silvestres y cultivadas, asignación de paternidad y la estimación del potencial de apareamiento de determinados progenitores (Liu y Cordes, 2004).

La definición de la estructura poblacional y diversidad genética de las poblaciones mexicanas de bagre canal en la acuicultura, sin duda es esencial para el desarrollo de la industria acuícola mexicana y aporta en gran medida las bases necesarias para el futuro mejoramiento genético de la especie. El objetivo del presente estudio fue determinar la estructura y diversidad genética de las poblaciones actuales de bagre de canal más representativas en la acuicultura de México.

4.4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.4.1. MATERIAL BIOLÓGICO

Se seleccionaron las granjas con mayor producción de bagre en México en todas sus modalidades (reproducción y engorde en estanques o en jaulas), así como los Centros Acuícolas Federales y Estatales responsables de la producción de crías y alevines para el mercado nacional. Se cortó un fragmento de 2 cm² de aleta anal de los individuos adultos. En el caso de los alevines y crías, se colectó el espécimen completo. El tejido se conservó en etanol al 90 %. El estudio incluyó 586 peces de 15 poblaciones pertenecientes de 7 Estados de la República Mexicana (Figura 4.3).

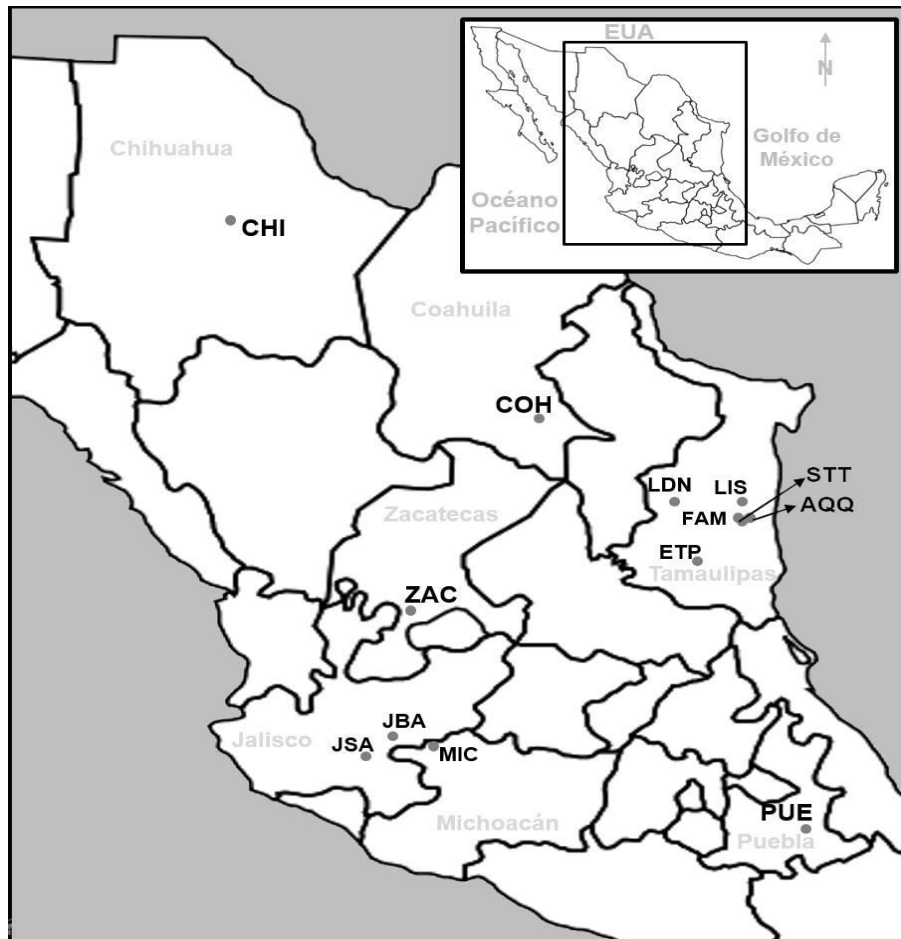


Figura 4.3. Sitios de muestreo de poblaciones domésticas de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en México

4.4.2. PURIFICACIÓN DE ADN

Las extracciones de ADN genómico se llevaron a cabo con el estuche comercial tipo columna GenElute Mammalian Genomica DNA Miniprep (SIGMA Aldrich®), siguiendo un protocolo modificado del establecido por el fabricante (Ver Apéndices). La integridad del ADN se verificó en geles de agarosa al 1.5%, usando como buffer de carga Sybr Green y el Lambda 0.578 ng/μl de GIBCOBRLλ[®] como referencia para la cuantificación en el Image Analysis Software[™] de Kodak Digital Science v 5.0. Una vez verificada la integridad del ADN, la concentración se cuantificó usando el espectrofotómetro Nano Drop 2000c de Thermo Scientific v 1.1.

4.4.3. AMPLIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES NUCLEARES

Se utilizó un panel de 13 marcadores microsatélites (Cuadro 4.1). Dicho panel fue reportado con anterioridad y probó ser polimórfico e informativo. Algunos de los *loci* incluidos en el presente trabajo, fueron usados con anterioridad para identificar la línea mejorada USDA103 (Waldbieser y Wolters, 2007). Se verificó la presencia de bandas del tamaño esperado mediante geles de agarosa al 2% usando como referencia el marcador de peso molecular 100bp DNA Ladder de Promega®.

Cuadro4.1. Panel de microsatélites usado para el análisis de poblaciones domésticas de bagre de canal *Ictalurus punctatus* en México

<i>Loci</i>	Secuencia	Unidades Repetidas	MgCl ₂ (mM)	Temperatura de Alineamiento
Ip077^a	VICGAAACACAATGTACAGTAAGCTG GCTGCTTCTTATGGAATCTC	GT	3.0	65
Ip265^a	NEDAGAGGTTGAAATAAAACACAGCC AAGACCCCACTTCCATCATC	CA	3.0	65
Ip591^a	NEDFCTGCTTTAGGTCCACCCACTGC AGGCACTTGACATTTAGCCTGC	GT, GA	3.0	65
Ip427^a	FAMCATTTTGCTAGGTGCGCGCACG GGTGCCTTTATATGTATATAC	CA	3.0	62
Ip607^a	NEDCAGGCACAAATCTTGTGATGG TTGTAGTTCTGCCTCTAACCGC	GA	3.0	62
IpCG0038^b	VICGTGTGCCTGATTTACTAATGATAAG TGTATTGGTATAGAACACATTAGCC	ATAG	2.0	58
IpCG00189^b	FAMGATCCTGTGCTAAAGAAACCAAG GTGCCGCAGTGTGTTGTAAG	AAT	3.0	62
IpCG00195^b	FAMAAGTGCATTTACACACATTCATCTA GCAGGTCTGTCGTCATCTA	AAT	2.0	58
IpCG00273^b	NEDCGTTTTACTTCTCATAACAGCAC GCACCAAGAGACCTGTGACA	AAG	1.75	55

IpCG00032^b	VICTAAGATGCGTATGAAGACAA/ GTTACAATATTTAGAACGGTATAAGC	ATAG	2.0	55
IpCG00035^b	VICAACCACTAAGCCTAGCACGTTC/ AGTATGGGTACTGCAACAAA	ATAG	3.0	55
IpCG00070^b	FAMATCATTCTGCTCTTA TACATAGGCT CCTTTAGATGAACTCACCTGCC	ATAG	3.0	55
IpCG00128^b	VIC GATCCACTGAGAAAT AAGAGCACA GGAGTATAGCACAGAAACACGAA	AAAG	1.75	55

Referencias: a: Tan *et al.*, 1999; b: Waldbieser y Wolters, 1999, Waldbieser y Wolters, 2007.

Las amplificaciones se llevaron a cabo siguiendo protocolos de PCR de tipo Touch-Down de acuerdo a los requerimientos de cada loci (Apéndices).

4.4.4. GENOTIPIFICACIÓN

Los productos de PCR se diluyeron en una proporción 1:4 con agua miliQ estéril. El volumen final de las reacciones fue de 20 μ l, conteniendo 1 μ l de producto de PCR de cada loci, 0.5 μ l de ROX 500 (GeneScanTM) como marcador de peso molecular, y el volumen restante compuesto se completó con formamida Hi-DiTM (GeneScanTM). Las muestras se desnaturalizaron mediante una incubación de 5 minutos a 95°C, seguida de un shock térmico (las muestras se colocaron en hielo). Una vez desnaturalizadas, las muestras se cargaron en una placa de 96 pozos, se centrifugaron y se procedió a su análisis con un capilar de 50 cm en el analizador genético ABI3130 con número de serie 19336-003 (Applied Biosystems®). Con base en el marcador de peso molecular contenido en cada muestra, se asignaron los alelos correspondientes a los tamaños amplificados en una base de datos conteniendo para cada individuo dos alelos (iguales en caso de ser homocigotos) para cada uno de los 13 microsatélites.

4.4.5 ANÁLISIS DE DATOS

Se utilizó el programa CONVERT 1.31 (Glaubitz, 2004) para calcular los alelos privados de cada población, calcular frecuencias alélicas y convertir las bases de datos conforme a los requerimientos de los distintos paquetes estadísticos. MICRO-CHECKER versión 2.2.3 (Van Oosterhout *et al.*, 2004) se utilizó para probar la presencia de alelos nulos, alelos dominantes y "bandas fantasmas" durante la genotipificación. GenAlEx 6.3 (Peakal y Smouse, 2012) se utilizó para el cálculo del número de alelos y número efectivo de alelos por población y loci. La plataforma en línea GENEPOP 4.2 (Raymond y Rousset, 1995) se

usó para hacer la prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg por *loci* y población, así como exceso y déficit de heterocigotos y número de migrantes. Otros indicadores de diversidad genética, como la heterocigocidad esperada (H_E), la heterocigocidad observada (H_O) y el coeficiente de endogamia (F_{IS}) se calcularon usando el programa Arlequín 3.11 (Excoffier *et al.*, 2005). Se hizo una estimación del tamaño efectivo de cada población (N_e) mediante NESTIMATOR (Peel *et al.*, 2004) usando el método de desequilibrio de ligamiento. El programa FSTAT 1.2 (Goudet, 1995) se utilizó para el cálculo de la distancia genética en forma de F_{ST} , R_{ST} , así como la varianza molecular (AMOVA).

Para la estimación de la estructura poblacional, se recurrió a un enfoque Bayesiano para determinar el número de orígenes ancestrales de las poblaciones analizadas. Se utilizó el programa STRUCTURE 2.3.1 (Pritchard *et al.*, 2000) para un análisis usando el modelo "Admixture" y "Correlated", en base a las recomendaciones de Pritchard *et al.*, (2000), Hubisz *et al.*, (2009) y Falush *et al* (2003), con un periodo de "burnin lenght" de 500,000, 750,000 MCMC y 20 repeticiones. El número de "K" o subgrupos, se determinó con la plataforma en internet STRUCTURE HARVESTER (Dent y VonHoldt, 2012), usando el método propuesto por Evano *et al* (2005).

4.5. RESULTADOS

No se encontraron errores de tipificación según MICROCHECKER. Las pruebas de desequilibrio de ligamiento no fueron significativas para ningún marcador ($p > 0.001$). El porcentaje de loci polimórficos estuvo en el rango de 92% al 100%. El número de alelos varió entre 10 y 16. Los valores de heterocigidad observada fueron iguales o superiores a los de heterocigidad esperada para todas las poblaciones. El número de alelos privados varió entre 0 y 24. El coeficiente de endogamia resultó en cifras negativas para todas las poblaciones. Tres poblaciones (SCN, FAM y AQQ) fueron significativas para la prueba de exceso de heterocigotos, en tanto que LIS, JSA y JBA presentaron un déficit de heterocigotos (Cuadro 4.2). Con respecto al tamaño efectivo de las poblaciones analizadas (N_e) se obtuvieron valores de entre 67.4 y 241 siendo FAM y STT las poblaciones con menor y mayor número estimado de reproductores activos, respectivamente (Cuadro 4.6).

Los valores de distancia genética variaron entre las diferentes poblaciones (Cuadro 4.3). Los más bajos ($F_{ST}=0.01$) se observaron entre granjas de Tamaulipas (LDN, ETP, LIS, AQQ, FAM) y los valores más altos de diferenciación se presentaron entre Zacatecas y Chihuahua al ser contrastadas con el resto de las poblaciones ($F_{ST}= 0.05 - 0.09$). El valor total de F_{ST} para todas las poblaciones mediante el análisis de varianza molecular fue de 0.010 y la fuente de variación a la que se le atribuye el mayor porcentaje de diferenciación genética (91%) es a la variación intrapoblacional (Cuadro 4.4.). Todas las poblaciones presentaron desviaciones del equilibrio de Hardy Weinberg para al menos un *locus* (Cuadro 4.5). Los *loci* IpCG0032 e IpCG0035 resultaron estar en equilibrio en la prueba de Hardy Weinberg ($P=0.22$ y $P=0.41$, respectivamente)

En el análisis de coancestría, se detectaron cuatro grupos ancestrales entre las poblaciones analizadas. El primer clúster está integrado por LDN, LIS, SCN, FAM, AQQ, JSA y MIC; el segundo grupo lo integran las poblaciones ETP, STT, PUE, ZAC y CHI en tanto JBA y COH se encuentran formando un clúster cada una (Figura 4.4).

Cuadro 4.2. Principales Indicadores de Diversidad Genética de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal *Ictalurus punctatus* en México

	Ae	AP	AR	H _O	H _E	G	F _{IS}	% P	EHW	HEX	DFT
LDN	7	2	9.4	0.89	0.83	0.84	-0.073	100.00%	**		
ETP	6	2	8.8	0.86	0.82	0.83	-0.052	100.00%	**		
CAT	7	7	10	0.87	0.85	0.87	-0.023	100.00%	0		
LIS	7	7	9.9	0.87	0.84	0.85	-0.042	100.00%	**		**
SCN	7	1	8.3	0.91	0.82	0.84	-0.103	100.00%	**	**	
FAM	5	0		0.81	0.74	0.81	-0.094	92.31%	0.4002	**	
AQQ	6	7	8.8	0.91	0.83	0.84	-0.095	100.00%	0	**	
STT	7	7	9.5	0.88	0.84	0.85	-0.044	100.00%	**		
PUE	6	16	9.3	0.87	0.85	0.85	-0.032	100.00%	**		**
JSA	8	22	9.9	0.86	0.86	0.86	-0.017	100.00%	**		**
JBA	6	9	8.3	0.87	0.83	0.83	-0.060	100.00%	0		
MIC	8	24	10.2	0.87	0.86	0.86	-0.026	100.00%	**		
COH	7	4	8.9	0.85	0.84	0.84	-0.024	100.00%	**		
ZAC	5	3	6.8	0.81	0.77	0.76	-0.078	100.00%	**		
CHI	7	6	8.9	0.83	0.82	0.82	-0.027	100.00%	**		

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, AP: Alelos Privados, AR: Riqueza Alélica, H_O: Heterocigocidad Observada, H_E: Heterocigocidad Esperada, UH_E: Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS}: Coeficiente de Endogamia Todos los valores, excepto AP reportados representan la media de los valores individuales para los 13 marcadores

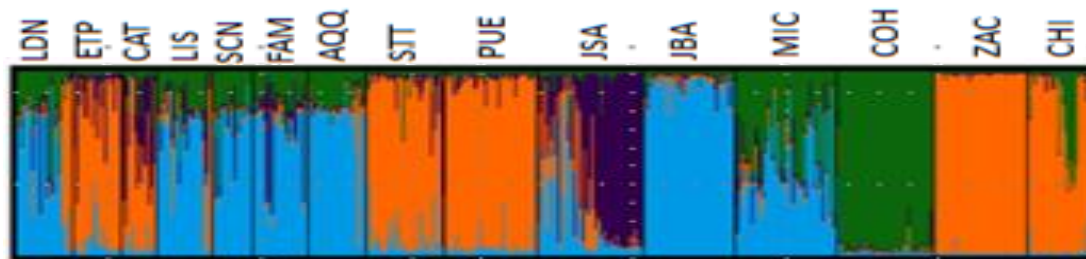


Figura 4.4. Estructura población inferida de poblaciones domésticas de bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) en México

Cuadro 4.3 . Distancia genética de poblaciones domésticas de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) de México

	LDN	EIP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
LDN		0.6339	0.615	0.0002	0.0454	0.0651	0.0217	0.6517	0.5647	0.2143	0.2511	0.0865	0.0912	0.6319	0.6029
EIP	0.0236		0.1594	0.6625	0.8045	0.8279	0.6632	0.0379	0.1435	0.2703	0.8391	0.6538	0.7923	0.069	0.055
CAT	0.0221	0.0219		0.6429	0.7859	0.8246	0.648	0.132	0.0535	0.2907	0.8353	0.6502	0.7827	0.188	0.0969
LIS	0.0102	0.0219	0.0234		0	0.0062	0.0057	0.6827	0.5937	0.2531	0.1487	0.0423	0.0451	0.6683	0.6384
SCN	0.013	0.0352	0.0307	0.0097		0	0.033	0.7892	0.6624	0.3149	0.1334	0.0559	0.0151	0.7709	0.7414
FAM	0.0194	0.0332	0.0348	0.0204	0.0162		0.047	0.8117	0.6899	0.3293	0.1043	0.0648	0.0587	0.8102	0.7802
AQQ	0.0127	0.0359	0.0358	0.0199	0.0141	0.02		0.6816	0.5809	0.2392	0.1368	0.0293	0.0666	0.6681	0.6382
STT	0.0253	0.0224	0.0228	0.0265	0.0259	0.0261	0.0288		0.1458	0.3398	0.8322	0.6792	0.7873	0.0816	0.048
PUE	0.0321	0.0335	0.0329	0.0325	0.03247	0.0491	0.0374	0.0133		0.3392	0.741	0.6088	0.6931	0.2371	0.1738
JSA	0.0322	0.0295	0.0272	0.0277	0.0315	0.0334	0.038	0.0285	0.0413		0.4294	0.2678	0.3535	0.3294	0.2677
JBA	0.0372	0.0483	0.037	0.0408	0.0374	0.0472	0.0436	0.035	0.0493	0.0397		0.1058	0.1432	0.8208	0.8039
MIC	0.0297	0.0428	0.0315	0.0305	0.0323	0.0483	0.0352	0.0395	0.0477	0.0404	0.0366		0.0583	0.6679	0.6459
COH	0.0319	0.0464	0.042	0.0343	0.0305	0.0477	0.0449	0.0419	0.0457	0.0493	0.0529	0.0353		0.7723	0.7519
ZAC	0.0748	0.0755	0.0758	0.08	0.0879	0.0861	0.0812	0.06	0.0689	0.0754	0.0776	0.0776	0.0911		0.066
CHI	0.044	0.049	0.0429	0.0523	0.0495	0.0724	0.0608	0.092	0.0422	0.074	0.0581	0.0621	0.0464	0.072	

F_{ST}:bajo la diagonal. Distancia Genética de Nei sobre la diagonal

Cuadro 4.4. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en México

Fuente de Variación	GL	%	F _{ST}	Nm
Entre Poblaciones	14	9%		
Dentro de Poblaciones	571	91%	0.010	2.420
Total	585	100%		

GL: Grados de Libertad, Nm: Número de Migrantes.

Cuadro4.5. Equilibrio de Hardy Weinberg de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en México

	IpCG0273	IpCG0128	IpCG0195	IpCG0038	IpCG0032	IpCG0070	IpCG0035	IpCG0189	Ip591	Ip607	Ip427	Ip265	Ip077
LDN	NS	NS	NS	*	NS	NS	NS	NS	***	NS	***	**	NS
ETP	NS	**	NS	**	NS	NS	NS	*	NS	NS	**	***	*
CAT	NS	NS	NS	NS	NS	**	NS	*	NS	NS	NS	***	*
LIS	NS	**	*	NS	***	NS	NS	NS	*	NS	***	***	***
SCN	NS	NS	NS	**	*	NS	NS	NS	**	NS	***	*	NS
FAM	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	***	NS	NS	MN	NS	NS
AQQ	NS	NS	NS	NS	***	NS	***	NS	***	NS	***	***	NS
STT	***	NS	NS	***	NS	***	NS	***	***	***	NS	NS	***
PUE	NS	***	NS	***	NS	NS	NS	*	***	***	***	NS	***
JSA	***	NS	NS	***	***	**	***	***	***	***	***	***	***
JBA	***	**	NS	***	NS	NS	***	NS	***	NS	**	**	*
MIC	NS	***	*	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
COH	**	NS	*	***	***	***	*	***	***	***	***	***	NS
ZAC	NS	NS	NS	*	NS	***	***	*	***	***	***	***	NS
CHI	*	***	*	***	NS	***	NS	***	**	***	***	***	NS

NS =no significativo, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001 MN: Monomórfico

Cuadro 4.6. Tamaño Efectivo de Población (N_e) e Intervalos de Confianza (95%) de Poblaciones Domésticas de Bague de Canal (*Ictalurus punctatus*) en México.

Población	N_{eLD}	Intervalo de Confianza
LDN	130.7	95.7-201.3
ETP	99.7	71.6-159.7
CAT	75.8	54.5-121.0
LIS	143.4	102.3-233.1
SCN	75.2	54.2-118.9
FAM	67.4	53.1-90.8
AQQ	82.3	65.2- 110.0
STT	241.3	167.0-422.5
PUE	226.4	164.0-357.5
JSA	140.6	117.9-173.0
JBA	159.8	121.0-230.5
MIC	120.0	103.7-141.4
COH	91.9	77.6-110.8
ZAC	80.7	67.8-98.4
CHI	159.7	117.2-244.9

4.6. DISCUSIÓN

La diversidad genética intrapoblacional puede evaluarse en base a el número de alelos por locus, el número medio de alelos (A), la heterocigocidad (H_E y H_O) y el contenido de información polimórfica (PIC). Los diferentes estimadores de diversidad genética intrapoblacional mostraron valores muy variados. A pesar de se encontró un rango bajo en el número de alelos (5 a 8), la riqueza alélica obtenida para las poblaciones analizadas varió entre 6.8 y 10.2. La riqueza alélica toma en cuenta el número de muestra utilizado, por lo que es un indicador más confiable. Los valores de PIC para las poblaciones domésticas de bagre de canal en México fueron muy altos, casi de 100%, lo cual indica también que los marcadores utilizados son útiles para la evaluación genética de las poblaciones en cuestión. Uno de los indicadores de diversidad más utilizados es la heterocigocidad. Existen reportes de H_E para prácticamente todos los estudios de genética poblacional, por lo que además es un indicador que puede compararse fácilmente entre poblaciones, especies o taxones. Takezaki y Nei (1996) determinaron que, para que un marcador pueda ser útil en estudios de diversidad genética, estos deben tener heterocigocidades medias de entre 0.3 y 0.8 en cada población. Las poblaciones analizadas cumplen con este requisito, revelando valores de entre 0.74-0.86 H_E y 0.81-0.91 H_O . Hay dos factores en particular que pueden causar valores tan altos de H_O . En primer lugar, la presión de selección a la que están sometidas las poblaciones domésticas debido a la implementación adecuada de planes de manejo. Adicionalmente, el exceso de heterocigotos (reflejado en valores altos de H_O) pudiera deberse al llamado efecto Walhund en el que el aislamiento de determinadas poblaciones da lugar a un exceso de homocigotos en las subpoblaciones resultantes. A pesar de que pudiera parecer contradictorio, cuando dos poblaciones con grandes proporciones de homocigotos se reproducen, las nuevas generaciones tienden a poseer un grado muy elevado de heterocigocidad. En base a la riqueza alélica (AR) y la diversidad génica (G), pudo observarse una gran homogeneidad entre las diferentes poblaciones. Probablemente una de las observaciones que vale la pena resaltar es que JSA obtuvo los valores más altos para diversos indicadores, por lo que podría considerarse la más diversa de las poblaciones analizadas. Por otro lado, ZAC obtuvo los valores más bajos en parámetros como AR, H_O , H_E y G, lo que la convierte en la población con menor proporción de diversidad genética

intrapoblacional. La población de Zacatecas no ha sido explotada hasta el momento, aunque existen planes por parte del Gobierno del Estado para iniciar formalmente la producción de crías para abastecer la pesca de subsistencia local.

Uno de los indicadores de diversidad más importantes en poblaciones domésticas es el coeficiente de endogamia (F_{IS}) debido a que el manejo intensivo y la selección no aleatoria de los peces en las granjas tienden a disminuir la diversidad genética de las mismas a través de la cruce de peces con el mismo fondo genético. F_{IS} es un estimado de variación intrapoblacional que mide la reducción de la heterocigocidad debido al apareamiento no aleatorio entre los individuos de las subpoblaciones. En el presente estudio, no se encontró evidencia de endogamia en ninguna población. De hecho los valores de F_{IS} fueron negativos para todas las poblaciones, lo que indica que no existe apareamiento entre consanguíneos en ninguna de las granjas analizadas.

La mayoría de las poblaciones presentaron desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW). Esto quiere decir que la distribución de las frecuencias alélicas en la población no se mantienen constantes de una generación a otra. Las desviaciones en EHW son aquellos fenómenos que afectan la dinámica genética de las poblaciones como la mutación, migración, selección natural y deriva génica. En poblaciones domésticas es lógico esperar desviaciones en el equilibrio de Hardy Weinberg por dos razones muy importantes. En primer lugar la reproducción en las granjas no ocurren de manera aleatoria, es decir, los machos y las hembras no tienen la misma probabilidad de procrear, sino que son elegidos en base a determinadas características de interés productivo (por ejemplo los machos más grandes o las hembras con mejores registros en la producción de huevos). Por otro lado, la migración en poblaciones domésticas está mediada por el intercambio que existe entre los productores de bagre de canal, mismo que se lleva a cabo con la intención de "renovar la sangre" de los criaderos, provocando así un constante flujo genético.

Este fenómeno a su vez explica parte de la estructura poblacional definida en 4 clústeres. Era de esperarse que diferentes poblaciones presentaran bajos niveles de diferenciación genética debido al flujo genético. Debido a que en este estudio se incluyeron las granjas acuícolas que producen crías, es normal que los productores que adquieren alevines para engorde pertenezcan al clúster del cual se abastecen.

Con respecto a la estimación de estructura poblacional de poblaciones domésticas de bagre de canal, en términos de F_{ST} , se encontraron valores de entre 0.009 y 0.09, lo que se considera como una baja diferenciación genética entre las poblaciones. Esto es consistente con el análisis de varianza molecular en el que el 91% de la variación se atribuye a la variabilidad intrapoblacional, con un valor de 0.010 F_{ST} para la comparación entre todas las poblaciones. El número de migrantes estimado fue de 2.4, lo que ayuda a explicar la baja diferenciación entre poblaciones, mediada por flujo genético. El análisis de coancestría permitió identificar 4 clústeres ($K=4$) en la estructura poblacional de bagres domésticos mexicanos. En un clúster se agrupan LDN, LIS, SCN, FAM, AQQ, JBA y MIC. Las dos últimas se encuentran fuera de Tamaulipas. Es probable que todas estas granjas simplemente adquieran crías de una granja en común. Para el segundo clúster, integrado por ETP, STT, PUE, ZAC y CHI, aplica el mismo principio. Se sabe que ZAC y CHI obtuvieron sus peces de COH, que a su vez tuvo en su poder peces de una línea importada de Estados Unidos (Parra-Bracamonte *et al.*, 2010). El Centro Acuícola “La Rosa” (COH) es operado por el Gobierno Federal Mexicano y, por cuestiones de logística, se deshizo de la mencionada línea en algún momento no determinado en los últimos 5 años. Esto explica por qué COH compone un clúster diferente y quiere decir que los peces de esta población constituyen una línea distinta a las que se manejan en el resto del país. Por último, la población de JSA es un claro ejemplo de diferenciación genética temporal. A través de la comunicación con los productores del Estado de Jalisco, pudimos identificar que JSA y JSA obtuvieron sus crías originalmente en Tamaulipas. Sin embargo, hace años que los productores de JSA no compran peces, por lo que el aislamiento ha logrado diferenciar completamente a esta población del resto de la República Mexicana.

En México, la acuicultura constituye un elemento de política para coadyuvar a la generación de ingresos en el ámbito rural y un esquema para garantizar la seguridad alimentaria ante el aumento constante de la población (Juárez *et al.*, 2007). Datos de la SAGARPA, en el 2006 indican que el sector pesquero produjo 0.87% del PIB nacional y empleó el 0.65% de la población ocupada nacional, equivalente a 276,185 personas. La elucidación de la estructura poblacional del bagre mexicano usado en la acuicultura tiene connotaciones muy importantes. La más notable es que, a partir de la identificación de lo que parecen ser 4 líneas distintas, se establecen las bases para una futura caracterización de

las mismas. En el presente estudio no se contempló la identificación de las poblaciones con respecto a sus características productivas. Sin embargo, se provee la base para un futuro análisis de los aspectos productivos más sobresalientes de las poblaciones (p.e. definir qué poblaciones producen tallas comerciales más rápido, cuales poseen peces más grandes, adultos más prolíficos, cuales son más resistentes a enfermedades y parásitos, entre otras). Asimismo, este trabajo provee las bases para la selección de reproductores en base a su diversidad genética, contemplando utilizar diferentes líneas para el establecimiento de granjas bajo un adecuado programa de mejoramiento genético.

4.7. LITERATURA CITADA

- Argue, B. J., Z. Liu y R. A. Dunham . 2003.** Dress-out and fillet yields of channel catfish, *Ictalurus punctatus*, blue catfish, *I. furcatus*, and their F1, F2 and backcross hybrids. *Aquaculture* 228:81–90.
- De La Rosa-Reyna, X., AM. Sifuentes-Rincón, G.M. Parra-Bracamonte, y W. Arellano-Vera. 2014.** Identification of Two Channel Catfish Stocks, *Ictalurus punctatus*, Cultivated in Northeast Mexico. *Journal of the World Aquaculture Society*, 45(2), 104-114.
- Dent, E. A. y B. M. VonHoldt. 2012.** STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* vol. 4 (2) pp. 359-361.
- DeWoody, J. A. y J. C. Avise. 2000.** Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *Journal of Fish Biology*, 56(3), 461-473.
- Dunham, R.A. 1996.** Contribution of genetically improved aquatic organisms to global food security. Presented at the international conference on sustainable contribution of fisheries to food security, government of Japan and FAO, Rome, Italy.
- Dunham, R. A., R. O Smitherman y C. Webber. 1983.** Relative tolerance of channel x blue hybrid and channel catfish to low oxygen concentrations. *The Progressive Fish-Culturist*, 45(1), 55-57.
- Evanno G., S. Regnaut y J. Goudet. 2005.** Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* 14(8):2611–2620.
- Excoffier, L., G. Laval y S Schneider. 2005.** Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47-50.
- Falush, D., M. Stephens, y J. K. Pritchard. 2003.** Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567–1587.

Florida Museum of Natural History. 2015 Channel Catfish. *Ictalurus punctatus*. Consultado en Octubre de 2015. <http://www.flmnh.ufl.edu/catfish/ictaluridae/channelcatfish.htm>

Glaubitz J.C. 2004. CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Notes* 4: 309-310.

González, A.I., Y. Barrios, G. Born-Schmidt y P. Koleff. 2014. El sistema de información sobre especies invasoras. En: Mendoza RE, Koleff P. (Coords). *Especies Acuáticas Invasoras en México*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D.F. 95-112.

Goudet, J. 1995. FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *J Hered* 86:485–486.

Hargreaves, J.A. y C.S. Tucker. 2004. Industry Development. En: Tucker, C.S. and Hargreaves, J.A. (Editors). 2004. *Biology and Culture of Channel Catfish*. Elsevier. U.S.A. Pp. 1 - 15.

Hubisz, M. J., D. Falush, M. Stephens, y J. K. Pritchard. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources* 9:1322–1332.

Litt, M y J.A. Luty. 1989. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of dinucleotide repeats within the cardiac muscle actin gene. *Am J Hum Genet* 44:397-401.

Liu, Z. J. y J. F. Cordes. 2004. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture* 238:1–37

Miller, R. M. 2005. *Freshwater Fishes of México*. University of Chicago Press, Chicago. USA.

Parra-Bracamonte G. M., A.M. Sifuentes-Rincón, X.F. De la Rosa-Reyna , W. Arellano-Vera y B. Sosa-Reyes. 2010. Desarrollo Tecnológico para el Mejoramiento de

Especies Acuícolas de Interés Comercial, Recurso Bagre de Canal - Informe final. Instituto Politécnico Nacional. Tamaulipas, México.

Peakall, R. y P.E. Smouse. 2012. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.

Peel, D., J.R. Ovenden y S.L. Peel. 2004. NeEstimator: software for estimating effective population size, Version 1.3. Queensland Government, Department of Primary Industries and Fisheries.

Perales-Flores, L. E., Sifuentes-Rincón, A. M., y León, F. J. 2007. Microsatellite variability analysis in farmed catfish (*Ictalurus punctatus*) from Tamaulipas, Mexico. *Genetics and Molecular Biology*, 30(3), 570-574.

Raymond, M. y F. Rousset. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86:248-249.

Pritchard, J.K., M. Stephens y P. Donnelly. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*. 155:2. 945-959.

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). 2013. Carta Nacional Acuícola. Diario Oficial de la Federación. México. 66 Pp.

Takezaki, N. y M. Nei. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144(1), 389-399.

Tan, G., A. Karsi, P. Li, X. Zheng, H. Kucuktas, B.J. Argue, R.A. Dunham y Z.J. Liu. 1999. Polymorphic microsatellite markers in *Ictalurus punctatus* and related catfish species. *Molecular Ecology* 8:1753-1768.

Tautz, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source of polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Res* 17:6463-6471

Van Oosterhout C, W.F. Hutchinson, D.P. Wills y P. Shipley. 2004. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol Ecol Notes* 4(3):535–538.

Waldbieser, G. C., y B. G. Bosworth. 1997. Cloning and characterization of microsatellite loci in channel catfish, *Ictalurus punctatus*. *Animal genetics*, 28(4), 295-298.

Waldbieser, G.C. y W. R. Wolters. 1999. Application of polymorphic microsatellite loci in a channel catfish, *Ictalurus punctatus*, breeding program. *Journal of the World Aquaculture Society* 30:256–262.

Waldbieser, G. C. y W. R. Wolters. 2007. Definition of the USDA103 strain of channel catfish (*Ictalurus punctatus*). *Animal Genetics* 38:180–183.

Weber, J.L. y P.E. May. 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am J Hum Genet* 44:388–396

Wolters, W. R. y M. R. Johnson. 1994. Enteric septicemia resistance in blue catfish and three channel catfish strains. *Journal of Aquatic Animal Health*, 6(4), 329-334.

xii. CONCLUSIONES GENERALES

En base a las encuestas aplicadas a los productores pudo identificarse que la acuacultura de bagre de canal en México se genera de manera heurística en base a ensayo y error, que los resultados no son documentados y que existe una evidente necesidad de desarrollar planes de manejo específicos para cada tipo de cultivo y región. Específicamente, se propone la medición de parámetros productivos para la construcción de bases de datos que permitan evaluar las diversas líneas utilizadas en la acuacultura de bagre en México. Nuestro país posee poblaciones silvestres de bagre, recursos hidrológicos abundantes y décadas de experiencia que permiten perfilar una acuacultura de bagre de canal de gran calidad con el esfuerzo conjunto de productores, instituciones gubernamentales e investigadores. La acuacultura es un medio de disseminación muy importante de peces domésticos y esto ha provocado que el bagre de canal se encuentre presente en gran parte del territorio Nacional fuera de su área de distribución natural, por lo que resulta preciso evaluar de manera eficiente su ocurrencia para poder determinar si representan una amenaza a las poblaciones nativas. En este sentido, en el presente trabajo se reporta la identificación de *Ictalurus punctatus*, *Ictalurus furcatus* e *Ictalurus lupus* mediante código de barras de ADN y se reportan 5 nuevos sitios de avistamiento para estos géneros y se sugiere como una herramienta en la identificación molecular y estudio de peces silvestres del género *Ictalurus* en aras de un mejor entendimiento, caracterización y aprovechamiento de los bagres mexicanos y su potencial productivo. Por otro lado, la caracterización genética de bagres de vida libre mediante microsatélites nucleares permitió identificar dos grupos ancestrales en México: uno formado por poblaciones del centro de Tamaulipas y Chihuahua y otro conformado por el Río Bravo

y Sinaloa; estos resultados suponen son la base para una futura caracterización de los rasgos productivos de las diferentes líneas genéticas presentes en aguas mexicanas para el uso de estos peces como pie de cría en acuicultura. Concerniente a las poblaciones domésticas, pudieron identificarse cuatro grupos genéticos distintos. Dos poblaciones (en Jalisco y Coahuila) presentan genotipos que las hacen únicas. La baja diferenciación genética entre la mayoría de las poblaciones es evidencia del constante intercambio de crías y reproductores entre las granjas, así como de una industria dominada por un grupo pequeño de distribuidores a nivel nacional. Por otro lado, la población JSA es un claro indicador de diferenciación genética generada por aislamiento temporal y espacial. Al igual que en los peces silvestres, la caracterización de las diferentes líneas de bagre existentes en México provee las bases para la selección de reproductores en base a su diversidad genética y el establecimiento de un programa de mejoramiento genético dedicado una eficiente acuicultura mexicana de bagre de canal.

xii. APÉNDICES

Apéndice 1. Protocolo Modificado de Extracción de ADN genómico

1. Pesar 16 mg de tejido y macerar
2. Adicionar 180 μ l de “solución de lisis T” y 20 μ l de proteinasa K. Mezclar al vortex por 15 segundos.
3. Incubar a 55°C con 800 rpm. Mezclar al vortex a máxima velocidad cada 15 minutos por 10 segundos durante 2 horas.
4. Adicionar 200 μ l de “solución de lisis C”. Mezclar al vortex por 15 segundos. Incubar a 70 °C por 10 minutos.
5. Agregar 18 μ l de RNAsa. Mezclar suavemente e incubar por 2 minutos a temperatura ambiente.
6. Preparar la columna adicionando 500 μ l de “solución de preparación de columna” y centrifugar a 12,000 revoluciones por minuto durante 1 minuto. Descartar la solución.
7. Adicionar 200 μ l de etanol (100%) al lisado y llevar al vortex por 20 s.
8. Transferir el lisado a la columna preparada y centrifugar a 7000 rpm. Descartar solución.
9. Adicionar 500 μ l de “solución de lavado” y centrifugar a 7000 rpm durante 1 min. Descartar solución. Repetir.
10. Transferir la columna a un nuevo tubo y adicionar 110 μ l de “solución de elusión”. Centrifugar a 7,000 rpm durante 1 min.

Apéndice 2. Condiciones de amplificación mediante PCR de los microsátélites (Concentraciones y protocolos)

Cuadro 12.1 Concentraciones de los reactivos de PCR para la amplificación del panel de microsátélites.

Loci	Concentración de ADN	Buffer 10X	MgCl ₂ 25mM	dNTPs 10mM	Oligonucleótidos Forward y Reverse	Taq Polimerasa
IpCG0273²	50-100ng	1x	1.75mM	0.5mM	0.05µM	0.75U/µl
IpCG0128²	50-100ng	1x	1.75mM	0.5mM	0.05µM	0.075U/µl
IpCG0195	50ng	1x	2.0 mM	0.5mM	0.25 µM	0.50 U/µl
IpCG0038	50ng	1x	2.0 mM	0.5mM	0.25 µM	0.50 U/µl
IpCG0032	50ng	1x	2.0 mM	0.5mM	0.25 µM	0.50 U/µl
IpCG0070	50-100ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
IpCG0035	50-100ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
IpCG0189	50-100ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
Ip591	50ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
Ip607	50ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
Ip427	50-100ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
Ip265	50-100ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl
Ip077	50-100ng	1x	3.0 mM	0.4mM	0.1 µM	0.625 U/µl

Los superíndices en los loci indican el programa de PCR utilizado para la amplificación. Al número 1 le corresponde el programa TD55, al 2 el programa TD60 y al 3 el programa TDTG.

Cuadro 12.2. Protocolo de PCR para el programa de amplificación TD55.

Temperatura	Duración	Observaciones
95°C	5:00 min	
95°C*	45 s	
62°C*	45 s	Disminución de 2°C por ciclo
72°C*	45 s	
72°C	10 min	

*30 Ciclos

Cuadro 12.3 Protocolo de PCR para el programa de amplificación TD60.

Temperatura	Duración	Observaciones
95°C	5:00 min	
95°C*	45 s*	
65°C*	45 s*	Disminución de 2°C por ciclo
72°C*	45 s*	
72°C	10 min	

*30 Ciclos

Cuadro 12.4 Protocolo de PCR para el programa de amplificación TDTG

Temperatura	Duración	Observaciones
95°C	5:00 min	
95°C*	45 s*	
58°C*	45 s*	Disminución de 2°C por ciclo
72°C*	45 s*	
72°C	10 min	

*30 Ciclos

Apéndice 3. Frecuencias Alélicas por *Locus* de Poblaciones de Bagre de Canal en Aguas Continentales de México.

Cuadro 12.5. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0273

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
107	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024
119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024
134	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
137	0.100	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024
140	0.167	0.217	0.173	0.030	0.161	0.022	0.000	0.000	0.024
143	0.017	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
146	0.083	0.067	0.077	0.060	0.161	0.043	0.000	0.059	0.000
147	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
149	0.200	0.133	0.250	0.100	0.161	0.239	0.233	0.176	0.119
151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000
152	0.000	0.033	0.000	0.120	0.000	0.087	0.033	0.000	0.024
155	0.033	0.033	0.038	0.010	0.036	0.043	0.100	0.059	0.024
158	0.083	0.033	0.038	0.220	0.000	0.022	0.083	0.069	0.143
161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.078	0.024
164	0.017	0.017	0.019	0.140	0.036	0.109	0.033	0.059	0.143
167	0.017	0.067	0.077	0.080	0.036	0.239	0.150	0.078	0.071
170	0.017	0.033	0.000	0.200	0.036	0.022	0.150	0.118	0.048
173	0.067	0.217	0.192	0.000	0.143	0.087	0.200	0.294	0.310
176	0.067	0.083	0.135	0.010	0.214	0.043	0.000	0.010	0.000
182	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
185	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000
188	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
191	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
194	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
197	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.6. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG00128

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
155	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
239	0.017	0.034	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
243	0.000	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
247	0.033	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
251	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
255	0.033	0.000	0.000	0.163	0.000	0.087	0.000	0.000	0.000
259	0.117	0.017	0.115	0.293	0.143	0.217	0.054	0.069	0.071
263	0.050	0.034	0.019	0.054	0.054	0.065	0.125	0.137	0.286
267	0.050	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.036	0.049	0.048
271	0.083	0.138	0.173	0.011	0.250	0.087	0.161	0.235	0.048
275	0.183	0.224	0.096	0.043	0.125	0.022	0.161	0.078	0.071
276	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.024
279	0.017	0.017	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.024
283	0.117	0.000	0.096	0.011	0.143	0.065	0.054	0.078	0.000
287	0.033	0.052	0.077	0.207	0.036	0.065	0.036	0.000	0.238

291	0.000	0.017	0.077	0.022	0.000	0.109	0.071	0.000	0.000
295	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024
299	0.017	0.000	0.038	0.098	0.000	0.000	0.000	0.069	0.000
303	0.000	0.000	0.000	0.033	0.018	0.000	0.000	0.000	0.024
307	0.017	0.000	0.038	0.033	0.018	0.000	0.000	0.010	0.000
311	0.050	0.138	0.077	0.000	0.179	0.022	0.054	0.029	0.000
315	0.000	0.034	0.000	0.000	0.000	0.022	0.018	0.010	0.048
319	0.150	0.190	0.058	0.022	0.018	0.217	0.196	0.225	0.000
323	0.017	0.017	0.058	0.000	0.018	0.022	0.000	0.000	0.095
331	0.000	0.017	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.7. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG00195

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
148	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
221	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.017	0.000	0.000
227	0.050	0.067	0.077	0.010	0.000	0.043	0.050	0.000	0.000
228	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
230	0.067	0.100	0.038	0.270	0.036	0.065	0.150	0.070	0.000
233	0.050	0.083	0.192	0.080	0.286	0.043	0.033	0.130	0.023
236	0.117	0.183	0.269	0.040	0.107	0.217	0.333	0.140	0.182
239	0.100	0.167	0.058	0.030	0.161	0.109	0.083	0.190	0.250
242	0.067	0.033	0.077	0.140	0.036	0.174	0.067	0.030	0.136
245	0.283	0.050	0.096	0.110	0.018	0.087	0.083	0.170	0.159
248	0.100	0.183	0.077	0.270	0.321	0.065	0.083	0.160	0.182
251	0.067	0.100	0.038	0.040	0.018	0.022	0.067	0.110	0.068
254	0.050	0.017	0.019	0.000	0.000	0.065	0.017	0.000	0.000
257	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
260	0.033	0.000	0.019	0.000	0.000	0.022	0.017	0.000	0.000
263	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
266	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000
269	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.8. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0038

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
86	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
88	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
92	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
96	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
100	0.067	0.033	0.096	0.115	0.204	0.174	0.200	0.157	0.159
104	0.183	0.167	0.115	0.073	0.130	0.239	0.150	0.059	0.227
108	0.233	0.417	0.308	0.375	0.296	0.174	0.383	0.500	0.409
112	0.167	0.100	0.154	0.240	0.056	0.087	0.117	0.069	0.000
116	0.100	0.083	0.077	0.000	0.000	0.043	0.150	0.029	0.091
120	0.033	0.017	0.038	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000
124	0.033	0.017	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
128	0.050	0.050	0.019	0.000	0.019	0.065	0.000	0.010	0.000
132	0.017	0.033	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.039	0.000
136	0.000	0.017	0.019	0.000	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000

140	0.067	0.000	0.038	0.000	0.037	0.043	0.000	0.000	0.045
142	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
144	0.017	0.033	0.000	0.000	0.056	0.087	0.000	0.127	0.023
148	0.017	0.017	0.019	0.083	0.074	0.000	0.000	0.000	0.000
152	0.017	0.017	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
156	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
160	0.000	0.000	0.000	0.052	0.093	0.022	0.000	0.000	0.000
163	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
165	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
168	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.9. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0032

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
138	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
170	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
242	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
246	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
258	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
270	0.167	0.250	0.154	0.170	0.214	0.130	0.117	0.422	0.000
271	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
272	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.022	0.017	0.000	0.000
274	0.333	0.200	0.269	0.360	0.357	0.283	0.283	0.382	0.227
278	0.000	0.017	0.000	0.100	0.036	0.000	0.000	0.000	0.182
282	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
286	0.017	0.000	0.000	0.010	0.000	0.022	0.017	0.000	0.000
290	0.117	0.150	0.115	0.010	0.071	0.109	0.200	0.078	0.023
294	0.017	0.000	0.000	0.030	0.000	0.000	0.017	0.029	0.091
298	0.033	0.033	0.000	0.220	0.018	0.043	0.050	0.000	0.045
302	0.033	0.000	0.000	0.030	0.000	0.065	0.033	0.010	0.045
306	0.000	0.000	0.019	0.020	0.000	0.065	0.017	0.000	0.068
310	0.017	0.033	0.058	0.000	0.000	0.022	0.050	0.020	0.000
314	0.183	0.183	0.173	0.010	0.214	0.152	0.100	0.059	0.045
318	0.033	0.017	0.038	0.010	0.036	0.000	0.017	0.000	0.068
322	0.033	0.050	0.000	0.020	0.054	0.022	0.017	0.000	0.000
326	0.017	0.067	0.077	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.045
330	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
334	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
342	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
354	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
366	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
398	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.10. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0070

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045
199	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000
211	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
215	0.033	0.017	0.000	0.020	0.000	0.022	0.000	0.010	0.000
219	0.000	0.033	0.019	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
223	0.000	0.017	0.019	0.133	0.000	0.022	0.017	0.000	0.000

227	0.083	0.000	0.038	0.020	0.056	0.065	0.083	0.080	0.023
231	0.017	0.000	0.019	0.051	0.000	0.065	0.067	0.010	0.068
235	0.033	0.017	0.038	0.000	0.111	0.043	0.033	0.020	0.091
236	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
239	0.133	0.083	0.269	0.020	0.204	0.000	0.100	0.260	0.000
243	0.133	0.117	0.019	0.173	0.000	0.130	0.083	0.110	0.023
247	0.200	0.067	0.115	0.020	0.111	0.109	0.083	0.040	0.045
250	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
251	0.167	0.133	0.135	0.000	0.000	0.022	0.000	0.010	0.000
255	0.017	0.067	0.019	0.000	0.056	0.043	0.150	0.040	0.045
259	0.000	0.017	0.000	0.020	0.037	0.022	0.017	0.000	0.091
263	0.000	0.000	0.000	0.020	0.019	0.022	0.017	0.000	0.023
267	0.033	0.133	0.019	0.020	0.019	0.043	0.050	0.060	0.023
271	0.000	0.017	0.000	0.071	0.000	0.022	0.000	0.000	0.045
275	0.033	0.100	0.077	0.143	0.093	0.043	0.000	0.020	0.000
279	0.017	0.017	0.000	0.061	0.019	0.130	0.017	0.010	0.159
283	0.050	0.100	0.096	0.071	0.074	0.022	0.050	0.210	0.114
287	0.017	0.000	0.000	0.020	0.037	0.000	0.017	0.000	0.023
291	0.033	0.000	0.096	0.102	0.111	0.087	0.133	0.080	0.045
295	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.022	0.033	0.010	0.000
297	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.010	0.000
303	0.000	0.033	0.019	0.000	0.037	0.000	0.050	0.020	0.045
323	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
327	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023
331	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045

Cuadro 12.11. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0035

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
201	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
205	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
225	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
227	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
237	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
241	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
249	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
253	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
261	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
265	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
269	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
273	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
277	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
279	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
281	0.033	0.000	0.000	0.010	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
285	0.000	0.017	0.020	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
289	0.033	0.017	0.000	0.063	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
293	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000
295	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
297	0.067	0.033	0.080	0.052	0.000	0.087	0.067	0.137	0.000
298	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
299	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
301	0.133	0.117	0.180	0.229	0.037	0.152	0.217	0.118	0.125
305	0.017	0.067	0.000	0.229	0.000	0.087	0.217	0.294	0.021

309	0.083	0.150	0.040	0.219	0.019	0.152	0.183	0.118	0.146
313	0.133	0.100	0.200	0.083	0.167	0.174	0.083	0.108	0.250
315	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
317	0.100	0.267	0.140	0.052	0.259	0.130	0.083	0.049	0.313
318	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
321	0.017	0.067	0.020	0.000	0.074	0.022	0.033	0.029	0.021
325	0.000	0.083	0.220	0.010	0.296	0.087	0.017	0.049	0.021
329	0.000	0.033	0.040	0.000	0.037	0.043	0.033	0.029	0.021
333	0.000	0.017	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
337	0.000	0.000	0.060	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.083
341	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.029	0.000
345	0.000	0.033	0.000	0.000	0.074	0.000	0.000	0.020	0.000
389	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.12. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0189

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
150	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
174	0.172	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
177	0.069	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
180	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
183	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
186	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
189	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
192	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
195	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
198	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
201	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
207	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
210	0.034	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
213	0.034	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
216	0.034	0.000	0.000	0.000	0.107	0.000	0.000	0.000	0.000
219	0.034	0.033	0.096	0.000	0.018	0.068	0.000	0.000	0.100
222	0.000	0.000	0.019	0.000	0.143	0.045	0.000	0.000	0.000
225	0.034	0.133	0.058	0.110	0.018	0.114	0.000	0.069	0.150
228	0.034	0.083	0.038	0.290	0.071	0.045	0.000	0.108	0.125
231	0.017	0.117	0.115	0.000	0.018	0.068	0.083	0.000	0.175
234	0.017	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.050	0.020	0.000
237	0.000	0.183	0.288	0.120	0.250	0.318	0.417	0.186	0.150
240	0.017	0.083	0.019	0.110	0.000	0.091	0.083	0.176	0.050
243	0.052	0.067	0.058	0.220	0.054	0.114	0.050	0.275	0.125
245	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000
246	0.069	0.050	0.115	0.030	0.071	0.045	0.083	0.088	0.000
249	0.034	0.000	0.000	0.020	0.000	0.023	0.000	0.000	0.050
252	0.034	0.100	0.058	0.040	0.054	0.045	0.133	0.059	0.000
255	0.017	0.133	0.115	0.010	0.179	0.023	0.067	0.010	0.050
258	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.010	0.025
352	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.13. Frecuencias Alélicas del Locus Ip591

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
117	0.000	0.000	0.058	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

119	0.000	0.050	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125
121	0.034	0.100	0.135	0.000	0.074	0.043	0.083	0.000	0.125
123	0.069	0.033	0.077	0.000	0.037	0.000	0.050	0.000	0.042
125	0.224	0.150	0.192	0.020	0.241	0.109	0.067	0.078	0.000
127	0.069	0.133	0.096	0.260	0.074	0.283	0.217	0.382	0.313
129	0.121	0.150	0.115	0.200	0.093	0.109	0.250	0.186	0.146
131	0.069	0.033	0.077	0.370	0.000	0.065	0.100	0.108	0.021
133	0.103	0.033	0.019	0.030	0.074	0.000	0.050	0.000	0.000
135	0.017	0.000	0.000	0.010	0.019	0.000	0.033	0.020	0.000
137	0.017	0.017	0.077	0.030	0.056	0.152	0.017	0.029	0.083
139	0.069	0.133	0.000	0.010	0.019	0.087	0.100	0.088	0.083
141	0.052	0.083	0.135	0.030	0.296	0.065	0.033	0.108	0.042
145	0.017	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
147	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
149	0.052	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
151	0.017	0.017	0.000	0.020	0.000	0.043	0.000	0.000	0.021
155	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
157	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
159	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
161	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
169	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
179	0.017	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
187	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.14. Frecuencias Alélicas del Locus Ip607

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
102	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
126	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
132	0.000	0.000	0.019	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000
134	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
138	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
140	0.000	0.033	0.019	0.000	0.018	0.000	0.017	0.000	0.000
142	0.000	0.017	0.019	0.000	0.036	0.000	0.000	0.000	0.000
144	0.000	0.000	0.019	0.000	0.018	0.000	0.017	0.000	0.000
146	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.017	0.020	0.000
148	0.000	0.000	0.019	0.000	0.018	0.000	0.033	0.000	0.000
150	0.000	0.017	0.058	0.000	0.000	0.000	0.050	0.020	0.000
152	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.043	0.017	0.069	0.033
154	0.350	0.150	0.154	0.000	0.161	0.130	0.083	0.069	0.333
156	0.183	0.267	0.173	0.060	0.107	0.130	0.083	0.098	0.400
158	0.150	0.183	0.096	0.010	0.179	0.109	0.067	0.020	0.000
160	0.017	0.033	0.000	0.000	0.036	0.022	0.050	0.000	0.000
162	0.000	0.000	0.000	0.030	0.018	0.000	0.017	0.000	0.000
164	0.000	0.000	0.019	0.520	0.089	0.000	0.017	0.039	0.000
166	0.017	0.050	0.077	0.030	0.054	0.130	0.167	0.157	0.000
168	0.017	0.017	0.058	0.000	0.036	0.109	0.083	0.137	0.133
170	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
172	0.050	0.017	0.019	0.010	0.054	0.130	0.033	0.049	0.000
174	0.183	0.067	0.058	0.160	0.071	0.196	0.100	0.157	0.033
176	0.017	0.050	0.058	0.110	0.000	0.000	0.117	0.059	0.067
178	0.000	0.017	0.019	0.010	0.036	0.000	0.000	0.000	0.000
180	0.017	0.017	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.088	0.000

182	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
184	0.000	0.000	0.000	0.030	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000
188	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
190	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
284	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.5. Frecuencias Alélicas del Locus Ip427

Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
219	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000
221	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000
223	0.000	0.050	0.038	0.000	0.000	0.109	0.000	0.000	0.000
227	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.043	0.018	0.000	0.000
229	0.000	0.000	0.000	0.073	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
231	0.000	0.000	0.038	0.000	0.019	0.152	0.000	0.000	0.000
235	0.000	0.133	0.000	0.010	0.000	0.043	0.054	0.000	0.000
237	0.069	0.233	0.096	0.052	0.093	0.043	0.054	0.000	0.000
239	0.086	0.033	0.058	0.042	0.074	0.000	0.143	1.000	0.000
241	0.017	0.050	0.000	0.000	0.130	0.196	0.161	0.000	0.000
243	0.121	0.050	0.000	0.021	0.130	0.022	0.000	0.000	0.000
245	0.017	0.000	0.038	0.271	0.056	0.000	0.054	0.000	0.000
247	0.017	0.067	0.135	0.375	0.056	0.109	0.071	0.000	0.000
249	0.086	0.117	0.038	0.031	0.037	0.000	0.036	0.000	0.000
251	0.052	0.117	0.038	0.115	0.056	0.000	0.107	0.000	0.000
253	0.086	0.033	0.000	0.000	0.019	0.022	0.000	0.000	0.000
255	0.121	0.050	0.038	0.000	0.093	0.000	0.071	0.000	0.000
259	0.000	0.067	0.019	0.010	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
261	0.000	0.000	0.038	0.000	0.019	0.022	0.000	0.000	0.000
263	0.034	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
267	0.017	0.000	0.019	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
269	0.017	0.000	0.077	0.000	0.019	0.022	0.054	0.000	0.000
271	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
273	0.034	0.000	0.019	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000
275	0.086	0.000	0.058	0.000	0.074	0.000	0.000	0.000	0.000
277	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
279	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
283	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
285	0.034	0.000	0.077	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
289	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
293	0.017	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
295	0.034	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
297	0.017	0.000	0.058	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
299	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000
301	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
311	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
315	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.054	0.000	0.000
317	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.036	0.000	0.000
319	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.000
325	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.000
345	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.16. Frecuencias Alélicas del Locus Ip265									
Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
207	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000
219	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000
229	0.050	0.050	0.058	0.000	0.089	0.022	0.283	0.039	0.000
231	0.050	0.000	0.000	0.000	0.036	0.043	0.033	0.078	0.000
233	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.010	0.000
235	0.050	0.000	0.077	0.000	0.000	0.043	0.000	0.010	0.000
237	0.033	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.118	0.000
241	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.010	0.000
243	0.250	0.250	0.192	0.000	0.214	0.043	0.150	0.108	0.000
245	0.150	0.183	0.173	0.000	0.143	0.174	0.100	0.137	0.000
247	0.067	0.083	0.096	0.000	0.107	0.326	0.083	0.304	0.000
249	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000
251	0.100	0.000	0.115	0.000	0.000	0.022	0.133	0.010	0.000
253	0.217	0.283	0.212	0.000	0.375	0.043	0.067	0.010	0.000
255	0.017	0.033	0.000	0.000	0.018	0.130	0.083	0.088	0.000
257	0.000	0.017	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.010	0.000
259	0.000	0.033	0.038	0.000	0.000	0.022	0.000	0.029	0.000
261	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.010	0.000
263	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.010	0.000

Cuadro 12.17. Frecuencias Alélicas del Locus Ip077									
Alelo	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
103	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028
105	0.000	0.000	0.038	0.051	0.000	0.022	0.000	0.000	0.028
107	0.000	0.083	0.000	0.051	0.019	0.065	0.050	0.029	0.028
109	0.000	0.017	0.000	0.010	0.000	0.152	0.017	0.000	0.000
111	0.100	0.200	0.154	0.235	0.130	0.152	0.217	0.186	0.306
113	0.300	0.283	0.288	0.337	0.222	0.326	0.317	0.304	0.167
115	0.450	0.200	0.346	0.204	0.241	0.109	0.183	0.176	0.250
117	0.150	0.167	0.173	0.082	0.370	0.130	0.167	0.235	0.194
119	0.000	0.050	0.000	0.000	0.019	0.000	0.017	0.020	0.000
121	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.039	0.000
123	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000	0.010	0.000

Apéndice 4. Estimadores de diversidad genética de cada población para cada locus de Poblaciones de Bagre de Canal en Aguas Continentales de México

Cuadro 12.18. Estimadores de Diversidad Genética de Río Purificación

Locus	Na	Ne	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	17	9.326	0.900	0.893	0.908	-0.008
IpCG128	17	9.730	0.867	0.897	0.912	0.034
IpCG195	12	7.347	0.800	0.864	0.879	0.074
IpCG38	13	7.115	0.967	0.859	0.874	-0.125
IpCG32	12	5.217	0.867	0.808	0.822	-0.072
IpCG70	15	8.372	0.933	0.881	0.895	-0.060
IpCG35	25	13.846	0.900	0.928	0.944	0.030
IpCG189	25	15.431	0.897	0.935	0.952	0.041
Ip0591	18	9.667	0.862	0.897	0.912	0.038
Ip0607	10	4.627	0.667	0.784	0.797	0.150
Ip0427	21	13.565	1.000	0.926	0.943	-0.080
Ip0265	11	6.429	0.600	0.844	0.859	0.289
Ip0077	4	3.077	0.733	0.675	0.686	-0.086

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O: Heterocigicidad Observada, H_E: Heterocigicidad Esperada, UH_E: Heterocigicidad Esperada Corregida, F_{IS}: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.19 Estimadores de Diversidad Genética de Río Pílon

Locus	Na	Ne	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	14	7.469	0.900	0.866	0.881	-0.039
IpCG128	15	7.410	0.931	0.865	0.880	-0.076
IpCG195	11	7.660	0.833	0.869	0.884	0.042
IpCG38	13.	4.433	0.833	0.774	0.788	-0.076
IpCG32	10	5.941	0.933	0.832	0.846	-0.122
IpCG70	17	11.111	0.967	0.910	0.925	-0.062
IpCG35	13	7.287	0.900	0.863	0.877	-0.043
IpCG189	11	8.696	0.967	0.885	0.900	-0.092
Ip0591	15	9.474	0.833	0.894	0.910	0.068
Ip0607	17	7.031	0.833	0.858	0.872	0.028
Ip0427	12	8.295	1.000	0.879	0.894	-0.137
Ip0265	11	5.263	0.867	0.810	0.824	-0.070
Ip0077	7	5.056	0.700	0.802	0.816	0.127

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O: Heterocigicidad Observada, H_E: Heterocigicidad Esperada, UH_E: Heterocigicidad Esperada Corregida, F_{IS}: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.20. Estimadores de Diversidad Genética de Río Corona

Locus	Na	Ne	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	9	6.145	0.846	0.837	0.854	-0.011
IpCG128	16	10.992	0.846	0.909	0.927	0.069
IpCG195	13	6.933	0.923	0.856	0.873	-0.079
IpCG38	16	6.531	0.731	0.847	0.863	0.137

IpCG32	11	6.500	0.808	0.846	0.863	0.045
IpCG70	15	7.470	0.846	0.866	0.883	0.023
IpCG35	10	6.477	0.840	0.846	0.863	0.007
IpCG189	12	6.898	0.808	0.855	0.872	0.055
Ip0591	11	8.503	0.962	0.882	0.900	-0.090
Ip0607	20	11.267	0.885	0.911	0.929	0.029
Ip0427	20	15.364	1.000	0.935	0.953	-0.070
Ip0265	9	6.828	1.000	0.854	0.870	-0.172
Ip0077	5	3.874	0.808	0.742	0.756	-0.089

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigicidad Observada, H_E : Heterocigicidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigicidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.21. Estimadores de Diversidad Genética de Río Bravo

Locus	Na	Ne	H_O	H_E	U_{H_E}	F_{IS}
IpCG273	12	6.944	0.840	0.856	0.865	0.019
IpCG128	13	5.774	0.891	0.827	0.836	-0.078
IpCG195	10	5.313	0.800	0.812	0.820	0.015
IpCG38	8	4.384	0.750	0.772	0.780	0.028
IpCG32	13	4.545	0.840	0.780	0.788	-0.077
IpCG70	19	10.131	0.714	0.901	0.911	0.207
IpCG35	13	5.878	0.854	0.830	0.839	-0.029
IpCG189	10	5.663	0.840	0.823	0.832	-0.020
Ip0591	12	4.026	0.780	0.752	0.759	-0.038
Ip0607	12	3.173	0.700	0.685	0.692	-0.022
Ip0427	10	4.193	0.792	0.762	0.770	-0.040
Ip0265	0	0.000	0.000	0.000	0.000	
Ip0077	8	4.484	0.816	0.777	0.785	-0.051

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigicidad Observada, H_E : Heterocigicidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigicidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.22. Estimadores de Diversidad Genética de Presa Vicente Guerrero

Locus	Na	Ne	H_O	H_E	U_{H_E}	F_{IS}
IpCG273	10	6.701	0.893	0.851	0.866	-0.049
IpCG128	11	6.400	0.893	0.844	0.859	-0.058
IpCG195	9	4.429	0.857	0.774	0.788	-0.107
IpCG38	10	5.903	0.889	0.831	0.846	-0.070
IpCG32	8	4.343	1.000	0.770	0.784	-0.299
IpCG70	15	9.592	0.778	0.896	0.913	0.132
IpCG35	10	5.063	0.852	0.802	0.818	-0.062
IpCG189	12	6.969	0.929	0.857	0.872	-0.084
Ip0591	11	5.673	0.963	0.824	0.839	-0.169
Ip0607	18	10.384	0.964	0.904	0.920	-0.067
Ip0427	19	12.789	1.000	0.922	0.939	-0.085
Ip0265	8	4.380	0.821	0.772	0.786	-0.064

Ip0077	6	3.817	0.852	0.738	0.752	-0.154
---------------	---	-------	-------	-------	-------	--------

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigocidad Observada, H_E : Heterocigocidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.23. Estimadores de Diversidad Genética de Presa Ramiro Caballero

Locus	Na	Ne	H_O	H_E	U_{H_E}	F_{IS}
IpCG273	12	6.654	0.870	0.850	0.869	-0.023
IpCG128	12	7.347	0.913	0.864	0.883	-0.057
IpCG195	14	8.532	0.913	0.883	0.902	-0.034
IpCG38	11	6.961	0.957	0.856	0.875	-0.117
IpCG32	14	6.870	0.739	0.854	0.873	0.135
IpCG70	20	13.225	0.913	0.924	0.945	0.012
IpCG35	12	8.331	0.826	0.880	0.900	0.061
IpCG189	12	6.497	0.591	0.846	0.866	0.302
Ip0591	10	6.739	0.739	0.852	0.871	0.132
Ip0607	9	7.557	0.826	0.868	0.887	0.048
Ip0427	19	10.076	0.783	0.901	0.921	0.131
Ip0265	14	5.977	0.870	0.833	0.851	-0.044
Ip0077	8	5.317	0.826	0.812	0.830	-0.017

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigocidad Observada, H_E : Heterocigocidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.24. Estimadores de Diversidad Genética de Presa República Española

Locus	Na	Ne	H_O	H_E	U_{H_E}	F_{IS}
IpCG273	9	6.294	1.000	0.841	0.855	-0.189
IpCG128	12	8.082	0.964	0.876	0.892	-0.100
IpCG195	12	5.960	0.833	0.832	0.846	-0.001
IpCG38	5	4.072	0.833	0.754	0.767	-0.105
IpCG32	17	6.545	0.833	0.847	0.862	0.016
IpCG70	17	11.538	0.867	0.913	0.929	0.051
IpCG35	12	6.667	0.933	0.850	0.864	-0.098
IpCG189	9	4.489	0.767	0.777	0.790	0.014
Ip0591	11	6.742	0.867	0.852	0.866	-0.018
Ip0607	19	11.613	0.967	0.914	0.929	-0.058
Ip0427	16	11.362	0.857	0.912	0.929	0.060
Ip0265	10	6.569	0.933	0.848	0.862	-0.101
Ip0077	8	4.700	0.700	0.787	0.801	0.111

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigocidad Observada, H_E : Heterocigocidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.25. Estimadores de Diversidad Genética de Presa Gustavo Díaz Ordaz

Locus	Na	Ne	H_O	H_E	U_{H_E}	F_{IS}
IpCG273	10	6.290	0.882	0.841	0.849	-0.049

IpCG128	12	6.652	0.804	0.850	0.858	0.054
IpCG195	8	6.897	1.000	0.855	0.864	-0.170
IpCG38	9	3.315	0.667	0.698	0.705	0.045
IpCG32	7	2.986	0.922	0.665	0.672	-0.386
IpCG70	17	6.887	0.860	0.855	0.863	-0.006
IpCG35	13	6.552	0.863	0.847	0.856	-0.018
IpCG189	10	5.905	0.804	0.831	0.839	0.032
Ip0591	8	4.559	0.863	0.781	0.788	-0.105
Ip0607	14	9.633	0.961	0.896	0.905	-0.072
Ip0427	1	1.000	0.000	0.000	0.000	#N/A
Ip0265	17	6.486	0.784	0.846	0.854	0.073
Ip0077	8	4.620	0.765	0.784	0.791	0.024

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigocidad Observada, H_E : Heterocigocidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.26. Estimadores de Diversidad Genética de Presa La Boquilla

Locus	Na	Ne	H_O	H_E	U_{H_E}	F_{IS}
IpCG273	13	6.168	0.952	0.838	0.858	-0.137
IpCG128	12	6.000	0.762	0.833	0.854	0.086
IpCG195	7	5.628	0.682	0.822	0.841	0.171
IpCG38	8	3.903	0.773	0.744	0.761	-0.039
IpCG32	17	8.721	0.773	0.885	0.906	0.127
IpCG70	19	12.907	0.727	0.923	0.944	0.212
IpCG35	9	4.861	0.917	0.794	0.811	-0.154
IpCG189	10	8.000	0.700	0.875	0.897	0.200
Ip0591	10	5.938	0.875	0.832	0.849	-0.052
Ip0607	6	3.383	0.667	0.704	0.729	0.054
Ip0427	0	0.000	0.000	0.000	0.000	
Ip0265	1	1.000	0.000	0.000	0.000	#N/A
Ip0077	7	4.469	0.833	0.776	0.798	-0.074

Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigocidad Observada, H_E : Heterocigocidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.27. Media General de Indicadores de Diversidad Genética para todas las Poblaciones y todos los Loci

	N	Na	Ne	H_O	He	U_{H_E}	F
Media	30.65	12	6.847	0.821	0.811	0.825	-0.015
Desviación Estándar	1.048	0	0.266	0.017	0.015	0.015	0.01

N: Tamaño de Muestra, Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, H_O : Heterocigocidad Observada, H_E : Heterocigocidad Esperada, U_{H_E} : Heterocigocidad Esperada Corregida, F_{IS} : Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.28. Diversidad Génica de Poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) de aguas Continentales estimada con 13 microsatélites nucleares

	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
IpCG0273	0.908	0.88	0.854	0.865	0.866	0.869	0.853	0.849	0.856
IpCG0128	0.913	0.879	0.928	0.835	0.858	0.882	0.891	0.859	0.856
IpCG0195	0.88	0.885	0.872	0.82	0.787	0.902	0.847	0.862	0.845
IpCG038	0.872	0.787	0.866	0.78	0.845	0.874	0.766	0.706	0.761
IpCG032	0.821	0.844	0.864	0.787	0.78	0.876	0.862	0.669	0.909
IpCG070	0.895	0.925	0.884	0.913	0.915	0.946	0.93	0.863	0.949
IpCG035	0.944	0.877	0.863	0.838	0.817	0.901	0.863	0.856	0.809
IpCG0189	0.953	0.899	0.873	0.832	0.871	0.872	0.791	0.839	0.903
Ip591	0.913	0.911	0.898	0.759	0.837	0.874	0.866	0.788	0.849
Ip607	0.799	0.873	0.93	0.692	0.919	0.888	0.929	0.905	0.731
Ip427	0.942	0.893	0.952	0.769	0.938	0.924	0.93	NA	NA
Ip265	0.863	0.823	0.868	NA	0.785	0.851	0.861	0.855	NA
Ip77	0.686	0.818	0.755	0.785	0.75	0.83	0.802	0.792	0.797

Cuadro 12.29. Riqueza Alélica de Poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) de aguas Continentales Mexicanas estimada con 13 microsatélites nucleares

	RPU	RPI	RCO	RBR	PVI	PRA	PRE	PGU	PBO
IpCG0273	8.96	13.897	8.96	11.754	9.962	11.866	8.927	1.849	1.858
IpCG0128	15.806	15	15.806	13	10.856	11.826	12	1.858	1.854
IpCG0195	12.845	10.933	12.845	9.84	8.892	13.823	11.796	1.864	1.841
IpCG038	15.652	12.832	15.652	8	10	10.91	5	1.705	1.761
IpCG032	10.921	9.932	10.921	12.588	7.963	13.695	16.33	1.672	1.906
IpCG070	14.729	16.798	14.729	18.791	15	19.604	16.66	1.863	1.944
IpCG035	10	12.898	10	12.79	10	11.825	11.79	1.856	1.811
IpCG0189	11.884	10.966	11.884	9.914	11.857	12	8.996	1.839	1.897
Ip591	10.923	14.864	10.923	11.668	11	9.997	10.926	1.788	1.849
Ip607	19.614	16.732	19.614	11.673	17.782	8.956	18.46	1.905	1.729
Ip427	19.877	11.999	19.877	9.915	19	18.56	16	1	
Ip265	8.998	10.898	8.998		7.928	13.777	9.99	1.854	1
Ip77	4.999	6.967	4.999	7.939	6	7.956	7.863	1.791	1.798

Apéndice 5. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg para cada *Locus* y Población de Bagre de Canal en Aguas Continentales de México

Cuadro 12.30. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Río Purificación

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.006	**
IpCG128	0.398	NS
IpCG195	0.004	**
IpCG38	0.001	**
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.051	NS
IpCG35	0.000	***
IpCG189	0.041	*
Ip0591	0.010	**
Ip0607	0.484	NS
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.303	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.31. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Río Pilón

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.061	NS
IpCG128	0.000	***
IpCG195	0.141	NS
IpCG38	0.008	**
IpCG32	0.906	NS
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.076	NS
IpCG189	0.255	NS
Ip0591	0.001	***
Ip0607	0.003	**
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.001	***
Ip0077	0.035	*

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.32. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Río Corona

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.203	NS
IpCG128	0.002	**
IpCG195	0.002	**
IpCG38	0.034	*
IpCG32	0.228	NS

IpCG70	0.055	NS
IpCG35	0.483	NS
IpCG189	0.805	NS
Ip0591	0.506	NS
Ip0607	0.012	*
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.199	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.33. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Río Bravo

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.002	**
IpCG128	1.000	NS
IpCG195	0.071	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.002	**
IpCG189	0.654	NS
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.263	NS
Ip0265	Monomórfico	Monomórfico
Ip0077	0.021	*

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.34. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Presa Vicente Guerrero

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.009	**
IpCG128	0.990	NS
IpCG195	0.131	NS
IpCG38	0.022	*
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.538	NS
IpCG35	0.055	NS
IpCG189	0.536	NS
Ip0591	0.229	NS
Ip0607	0.007	**
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.935	NS
Ip0077	0.737	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.35. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Presa Ramiro Caballero

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.374	NS
IpCG128	0.609	NS
IpCG195	0.609	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.649	NS
IpCG70	0.149	NS
IpCG35	0.001	***
IpCG189	0.106	NS
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.185	NS
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.025	*
Ip0077	0.245	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.36. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Presa República Española

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.111	NS
IpCG128	0.002	**
IpCG195	0.004	**
IpCG38	0.270	NS
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.873	NS
IpCG35	0.137	NS
IpCG189	0.006	**
Ip0591	0.117	NS
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.004	**

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.37. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Presa Gustavo Díaz Ordaz

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.246	NS
IpCG128	0.511	NS
IpCG195	0.010	**

IpCG38	0.626	NS
IpCG32	0.211	NS
IpCG70	0.793	NS
IpCG35	0.690	NS
IpCG189	0.312	NS
Ip0591	0.152	NS
Ip0607	0.035	*
Ip0427	Monomórfico	Monomórfico
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.38. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Presa La Boquilla

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.077	NS
IpCG128	0.477	NS
IpCG195	0.747	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.228	NS
IpCG35	0.793	NS
IpCG189	0.179	NS
Ip0591	0.098	NS
Ip0607	0.053	NS
Ip0427	Monomórfico	Monomórfico
Ip0265	Monomórfico	Monomórfico
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Apéndice 6. Alelos Privados de Poblaciones de Bagre de Canal en Aguas Continentales de México.

Cuadro 12.39. Alelos privados de poblaciones de Bagre de Canal (*Ictalurus punctatus*) en Aguas Continentales Mexicanas, estimados con 13 microsatélites nucleares.

Locus	Alelo	RPU Frecuencia	RPI Frecuencia	RCO Frecuencia	RBR Frecuencia	PVI Frecuencia	PRA Frecuencia	PRE Frecuencia	PGU Frecuencia	PBO Frecuencia
IpCG0273	107			-			-	-	-	0.024
	119									0.024
	134	0.017								
	147				0.010					
	149									
	151					0.018				
	182	0.017								
	191	0.033								
	194		0.017							
	197	0.050								
IpCG0128	155			-	0.011	-	-	-	-	-
	243		0.052							
	251	0.017								
IpCG0195	148		-			-	0.022	-	-	-
	228	0.017								
	257			0.010						
	269				0.019					
IpCG0038	86	-	-			-	-	-	0.010	
	88			0.019						
	92			0.019						
	96			0.019						
	142			0.019						
	156				0.031					
	163									0.023
	165									0.023
	168				0.031					
IpCG0032	138	-	-	-		-				0.023

	170							0.023
	242					0.022		
	246					0.022		
	258							0.023
	271						0.017	
	334						0.017	
	342						0.017	
	350							0.023
	354							0.023
	366						0.017	
	398			0.010				
	119							0.045
	199					0.043		
	211			0.010				
IpCG0070	236				0.019			
	250	0.033						
	323							0.023
	327							0.023
	331							0.045
	201	0.017	-	-		-		
	205	0.017						
	225	0.017						
	227	0.017						
	237	0.033						
	249	0.067						
	253	0.050						
IpCG0035	265	0.033						
	269			0.021				
	273	0.017						
	277			0.010				
	279	0.017						
	295						0.010	
	299			0.010				
	315				0.019			

IpCG0189	318	0.017			
	341				0.029
	389	0.017			
	150	0.017			
	174	0.172			
	177	0.069			
	180	0.017			
	183	0.017			
	186	0.052			
	189	0.052			
	192	0.052			
	195	0.052			
	198	0.017			
	201	0.017			
	207		0.017		
	210	0.034			
	213	0.034			
245				0.018	
352			0.019		
Ip591	102				0.017
	117			0.058	
	147	0.017			
	155				0.010
	157		0.033		
	159				0.010
	161		0.017		
	169		0.017		
187					0.043
Ip607	126			0.019	
	134			0.038	
	170				0.020
	182		0.017		
	184				0.010
	188		0.017		

	190	0.033		
Ip427	219		0.043	
	221		0.043	
	263	0.034		
	271	0.017		
	277		0.038	
	279			0.019
	283			0.019
	289		0.038	
	295	0.034		
	299			0.018
	301	0.017		
	311			0.022
	319			0.036
	325			0.036
Ip265	345		0.022	
	143			1.000
	207			0.020
	219			0.033

Apéndice 7. Trampas para captura de bagres de agua dulce.

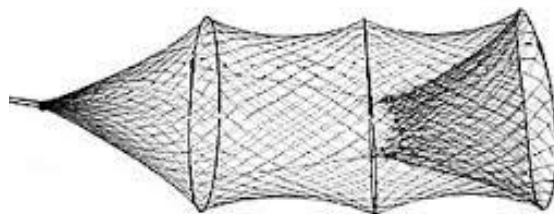


Figura 12.1 Detalle de las trampas colocadas para capturar bagres. Las trampas fueron dejadas toda la noche con pollo o jabón en trozo como señuelo. Todos los peces fueron liberados después del muestreo.

Apéndice 8. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg para cada Población y Locus de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal en México

Cuadro 12.40. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población La Doña (LDN)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.071	NS
IpCG128	0.524	NS
IpCG195	0.316	NS
IpCG38	0.040	*
IpCG32	0.561	NS
IpCG70	0.077	NS
IpCG35	0.785	NS
IpCG189	0.700	NS
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.003	**
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.003	**
Ip0077	0.198	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.41. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población El Tirón Parejo (ETP)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.086	NS
IpCG128	0.001	**
IpCG195	0.659	NS
IpCG38	0.003	**
IpCG32	0.052	NS
IpCG70	0.808	NS
IpCG35	0.524	NS
IpCG189	0.041	*
Ip0591	0.226	NS
Ip0607	0.922	NS
Ip0427	0.002	**
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.028	*

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.42. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población CATSA (CAT)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.114	NS
IpCG128	0.959	NS
IpCG195	0.101	NS
IpCG38	0.616	NS
IpCG32	0.258	NS
IpCG70	0.001	**
IpCG35	0.274	NS
IpCG189	0.016	*
Ip0591	0.253	NS
Ip0607	0.806	NS
Ip0427	0.104	NS
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.015	*

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.43 Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población La Isla (LIS)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.099	NS
IpCG128	0.004	**
IpCG195	0.053	NS
IpCG38	0.109	NS
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.932	NS
IpCG35	0.185	NS
IpCG189	0.964	NS
Ip0591	0.027	*
Ip0607	0.147	NS
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.44. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Servando Canales (SCN)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.820	NS
IpCG128	0.863	NS
IpCG195	0.976	NS
IpCG38	0.004	**
IpCG32	0.012	*
IpCG70	0.709	NS
IpCG35	0.983	NS
IpCG189	0.968	NS
Ip0591	0.009	**
Ip0607	0.056	NS
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.020	*
Ip0077	0.630	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.45 Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Faz Mora (FAM)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.942	NS
IpCG128	0.601	NS
IpCG195	0.371	NS
IpCG38	0.489	NS
IpCG32	0.621	NS
IpCG70	0.551	NS
IpCG35	0.859	NS
IpCG189	0.000	***
Ip0591	0.135	NS
Ip0607	0.872	NS
Ip0427	-	-
Ip0265	0.278	NS
Ip0077	0.470	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.46. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Auaque (AQQ)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.028	*
IpCG128	0.111	NS
IpCG195	0.106	NS
IpCG38	0.868	NS
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.176	NS
IpCG35	0.000	***
IpCG189	0.126	NS
Ip0591	0.001	***
Ip0607	0.902	NS
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.087	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.47. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Santo Tomás (STT)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.001	**
IpCG128	0.241	NS
IpCG195	0.724	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.136	NS
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.348	NS
IpCG189	0.000	***
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.191	NS
Ip0265	0.217	NS
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.48. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Puebla (PUE)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.203	NS
IpCG128	0.000	***
IpCG195	0.439	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.763	NS
IpCG70	0.435	NS
IpCG35	0.560	NS
IpCG189	0.023	*
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.224	NS
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.49. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Sayula, Jalisco (JSA)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.000	***
IpCG128	0.222	NS
IpCG195	0.227	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.004	**
IpCG70	0.013	*
IpCG35	0.000	***
IpCG189	0.000	***
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.50. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población La Barca, Jalisco (JBA)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.000	***
IpCG128	0.003	**
IpCG195	0.060	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.150	NS
IpCG70	0.051	NS
IpCG35	0.000	***
IpCG189	0.999	NS
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.208	NS
Ip0427	0.007	**
Ip0265	0.002	**
Ip0077	0.012	*

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.51. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Michoacán (MIC)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.190	NS
IpCG128	0.000	***
IpCG195	0.090	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.000	***
IpCG189	0.000	***
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.000	***

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.52. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Coahuila (COH)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.060	NS
IpCG128	0.149	NS
IpCG195	0.022	*
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.000	***
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.050	*
IpCG189	0.000	***
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.213	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.53. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Zacatecas (ZAC)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.064	NS
IpCG128	0.206	NS
IpCG195	0.311	NS
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.050	NS
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.000	***
IpCG189	0.039	*
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.001	***
Ip0077	0.215	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Cuadro 12.54. Prueba de Equilibrio de Hardy Weinberg de la población Chihuahua (CHI)

Locus	Probabilidad	Significancia
IpCG273	0.465	NS
IpCG128	0.000	***
IpCG195	0.047	*
IpCG38	0.000	***
IpCG32	0.328	NS
IpCG70	0.000	***
IpCG35	0.690	NS
IpCG189	0.000	***
Ip0591	0.000	***
Ip0607	0.000	***
Ip0427	0.000	***
Ip0265	0.000	***
Ip0077	0.163	NS

NS: No significativo, *P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Apéndice 9. Frecuencias Alélicas de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal en México por locus

Cuadro 12.55 Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0273															
Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
113	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
122	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
128	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
131	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
134	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.009	0.000	0.000	0.000
137	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.093	0.000	0.000	0.000
140	0.000	0.038	0.158	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.010	0.009	0.021	0.037	0.010	0.000	0.000
143	0.000	0.019	0.000	0.033	0.000	0.000	0.048	0.012	0.000	0.000	0.000	0.037	0.000	0.000	0.000
146	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.070	0.000	0.000	0.139	0.115	0.020	0.000
149	0.097	0.192	0.158	0.133	0.143	0.033	0.081	0.128	0.090	0.272	0.125	0.046	0.087	0.000	0.341
152	0.048	0.154	0.053	0.050	0.048	0.017	0.129	0.081	0.090	0.061	0.000	0.028	0.000	0.030	0.037
155	0.032	0.077	0.026	0.233	0.286	0.167	0.016	0.128	0.040	0.123	0.188	0.056	0.048	0.160	0.037
158	0.065	0.019	0.132	0.050	0.071	0.000	0.032	0.035	0.100	0.070	0.031	0.083	0.260	0.030	0.159
161	0.016	0.038	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.056	0.048	0.000	0.061
164	0.081	0.135	0.053	0.100	0.071	0.117	0.097	0.140	0.120	0.088	0.073	0.102	0.125	0.340	0.037
167	0.290	0.173	0.158	0.133	0.167	0.317	0.210	0.163	0.260	0.070	0.146	0.111	0.106	0.110	0.195
170	0.145	0.058	0.079	0.117	0.095	0.100	0.032	0.081	0.070	0.018	0.104	0.074	0.000	0.020	0.000
173	0.210	0.058	0.132	0.083	0.071	0.133	0.226	0.186	0.140	0.219	0.177	0.093	0.106	0.290	0.134
176	0.016	0.019	0.000	0.050	0.048	0.033	0.081	0.000	0.010	0.053	0.042	0.019	0.096	0.000	0.000
179	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000	0.000	0.000
182	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.009	0.000	0.000	0.000
185	0.000	0.019	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
188	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.048	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.56. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0128

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
123	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.030	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
131	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
135	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
139	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
147	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.110	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
159	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
219	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000
227	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
239	0.000	0.000	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
243	0.000	0.000	0.105	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
247	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
251	0.000	0.077	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
255	0.048	0.038	0.184	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.040	0.026	0.041	0.046	0.000	0.000	0.000
259	0.129	0.058	0.053	0.100	0.119	0.017	0.210	0.093	0.040	0.044	0.245	0.139	0.048	0.270	0.049
263	0.048	0.000	0.026	0.017	0.119	0.083	0.097	0.105	0.040	0.088	0.112	0.102	0.260	0.000	0.110
267	0.000	0.019	0.026	0.050	0.000	0.017	0.000	0.000	0.040	0.061	0.000	0.009	0.029	0.100	0.000
271	0.065	0.192	0.079	0.067	0.000	0.050	0.194	0.163	0.120	0.061	0.051	0.130	0.010	0.010	0.024
275	0.177	0.269	0.211	0.283	0.214	0.400	0.210	0.233	0.090	0.263	0.133	0.250	0.279	0.160	0.207
279	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.009	0.000	0.000	0.000
283	0.065	0.096	0.079	0.100	0.167	0.067	0.016	0.105	0.110	0.123	0.071	0.139	0.087	0.050	0.256
287	0.145	0.096	0.026	0.083	0.048	0.033	0.065	0.070	0.040	0.167	0.000	0.083	0.038	0.000	0.085
291	0.000	0.000	0.026	0.083	0.000	0.000	0.000	0.012	0.010	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
295	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037
299	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.067	0.000	0.012
303	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.061
307	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.065	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	0.000	0.037
311	0.048	0.019	0.000	0.000	0.143	0.150	0.065	0.105	0.010	0.035	0.143	0.000	0.000	0.000	0.012
315	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.041	0.000	0.000	0.010	0.049
319	0.242	0.115	0.000	0.200	0.190	0.183	0.081	0.093	0.130	0.123	0.153	0.046	0.087	0.400	0.061
323	0.016	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037	0.038	0.000	0.000

Cuadro 12.57. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0195

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
218	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
224	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
227	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024	0.017	0.000	0.081	0.010	0.044	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013
230	0.081	0.135	0.053	0.150	0.286	0.250	0.258	0.105	0.100	0.035	0.092	0.082	0.049	0.000	0.050
233	0.081	0.077	0.079	0.100	0.048	0.067	0.081	0.058	0.200	0.149	0.071	0.055	0.069	0.010	0.025
236	0.258	0.346	0.237	0.133	0.214	0.333	0.242	0.221	0.260	0.298	0.255	0.327	0.255	0.630	0.213
239	0.032	0.038	0.079	0.150	0.143	0.050	0.113	0.151	0.110	0.096	0.143	0.236	0.196	0.020	0.050
242	0.145	0.000	0.158	0.050	0.048	0.100	0.048	0.128	0.050	0.053	0.061	0.018	0.147	0.030	0.325
245	0.210	0.269	0.158	0.183	0.119	0.017	0.065	0.081	0.220	0.114	0.184	0.209	0.157	0.050	0.063
248	0.194	0.135	0.184	0.200	0.119	0.167	0.194	0.081	0.050	0.140	0.194	0.073	0.127	0.260	0.250
251	0.000	0.000	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
254	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013
263	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
284	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
347	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.58. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0038

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
80	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000
84	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
88	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
92	0.000	0.019	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
96	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
100	0.161	0.212	0.105	0.117	0.167	0.233	0.242	0.221	0.020	0.193	0.146	0.191	0.146	0.030	0.061
104	0.177	0.135	0.132	0.283	0.333	0.067	0.210	0.244	0.430	0.105	0.167	0.100	0.302	0.220	0.232
108	0.306	0.231	0.447	0.333	0.286	0.450	0.258	0.267	0.140	0.316	0.469	0.445	0.198	0.390	0.244
112	0.081	0.038	0.132	0.117	0.167	0.133	0.113	0.093	0.240	0.026	0.031	0.000	0.135	0.020	0.037
116	0.081	0.096	0.026	0.067	0.000	0.000	0.016	0.070	0.160	0.009	0.021	0.082	0.000	0.140	0.012
117	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
120	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000
124	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000
128	0.065	0.096	0.053	0.050	0.048	0.083	0.000	0.070	0.000	0.000	0.010	0.064	0.063	0.180	0.220
132	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.012	0.000	0.018	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000
140	0.097	0.019	0.026	0.017	0.000	0.033	0.113	0.000	0.000	0.000	0.052	0.018	0.000	0.000	0.000
144	0.032	0.135	0.079	0.000	0.000	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.010	0.045	0.115	0.000	0.061
148	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.020	0.000
152	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.027	0.000	0.000	0.012
156	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012
160	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
164	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.037
168	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037
172	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037
200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
204	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
228	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
232	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
244	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.105	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
248	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.061	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
252	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
256	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
264	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.59. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0032

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
154	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
158	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
218	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
238	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
242	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
246	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
262	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.145	0.000	0.120	0.000
266	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.010	0.000
270	0.226	0.250	0.184	0.133	0.250	0.233	0.258	0.221	0.220	0.096	0.250	0.227	0.375	0.420	0.175
274	0.339	0.365	0.237	0.333	0.295	0.133	0.258	0.302	0.330	0.333	0.333	0.300	0.433	0.390	0.613
278	0.016	0.000	0.079	0.017	0.000	0.000	0.016	0.035	0.040	0.035	0.000	0.045	0.038	0.000	0.000
282	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
286	0.000	0.019	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
290	0.113	0.135	0.211	0.067	0.318	0.300	0.161	0.140	0.110	0.211	0.240	0.064	0.010	0.000	0.050
294	0.016	0.019	0.026	0.000	0.000	0.050	0.000	0.058	0.020	0.009	0.000	0.027	0.010	0.000	0.000
298	0.065	0.038	0.026	0.050	0.023	0.017	0.081	0.058	0.040	0.088	0.104	0.082	0.019	0.010	0.075
302	0.048	0.058	0.053	0.033	0.000	0.017	0.048	0.070	0.010	0.096	0.000	0.000	0.010	0.000	0.013
306	0.016	0.019	0.000	0.017	0.045	0.017	0.000	0.023	0.090	0.018	0.000	0.055	0.010	0.000	0.000
310	0.161	0.096	0.053	0.283	0.068	0.167	0.145	0.035	0.130	0.114	0.073	0.018	0.087	0.050	0.075
316	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
318	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000
322	0.000	0.000	0.053	0.000	0.000	0.050	0.000	0.012	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.60. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0070

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
147	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
215	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.000
223	0.000	0.000	0.000	0.033	0.045	0.017	0.000	0.012	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
227	0.113	0.058	0.105	0.067	0.114	0.155	0.194	0.163	0.110	0.070	0.051	0.027	0.069	0.330	0.313
231	0.048	0.019	0.026	0.083	0.045	0.034	0.032	0.012	0.010	0.009	0.031	0.027	0.000	0.000	0.038
235	0.016	0.077	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.026	0.000	0.045	0.137	0.000	0.038
239	0.048	0.096	0.158	0.033	0.023	0.052	0.032	0.105	0.060	0.070	0.092	0.091	0.078	0.000	0.050
243	0.065	0.135	0.079	0.100	0.023	0.103	0.113	0.035	0.060	0.096	0.051	0.045	0.000	0.360	0.038
247	0.129	0.250	0.211	0.183	0.045	0.103	0.000	0.093	0.070	0.105	0.000	0.036	0.059	0.010	0.050
251	0.081	0.077	0.158	0.033	0.091	0.052	0.016	0.047	0.050	0.044	0.041	0.045	0.010	0.000	0.013
255	0.113	0.096	0.000	0.083	0.068	0.069	0.145	0.128	0.150	0.070	0.010	0.191	0.069	0.100	0.000
259	0.016	0.000	0.079	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.035	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000
263	0.032	0.019	0.000	0.000	0.045	0.000	0.000	0.012	0.020	0.061	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
267	0.194	0.096	0.105	0.100	0.182	0.086	0.032	0.058	0.120	0.088	0.194	0.118	0.147	0.010	0.013
271	0.032	0.000	0.026	0.033	0.045	0.000	0.032	0.000	0.000	0.026	0.051	0.064	0.010	0.000	0.000
275	0.032	0.019	0.026	0.067	0.045	0.086	0.065	0.047	0.050	0.079	0.051	0.018	0.020	0.000	0.013
279	0.016	0.019	0.000	0.033	0.068	0.034	0.113	0.081	0.050	0.009	0.000	0.000	0.069	0.090	0.138
283	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.138	0.016	0.058	0.080	0.114	0.255	0.000	0.088	0.000	0.125
287	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.010	0.009	0.000	0.000	0.000
291	0.016	0.038	0.026	0.017	0.091	0.017	0.048	0.035	0.030	0.053	0.041	0.064	0.127	0.040	0.150
295	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.048	0.000	0.030	0.009	0.000	0.036	0.020	0.000	0.000
299	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.013
301	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
303	0.048	0.000	0.000	0.067	0.023	0.034	0.113	0.081	0.070	0.000	0.071	0.155	0.039	0.000	0.013
307	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.009	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
311	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.010	0.000	0.010	0.000	0.000
315	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.029	0.000	0.000
319	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.61. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0035

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
157	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
241	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
245	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
269	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
273	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
281	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
285	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.010	0.009	0.000	0.000	0.000
289	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
293	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.051	0.036	0.010	0.070	0.000
297	0.100	0.060	0.105	0.117	0.068	0.150	0.113	0.035	0.090	0.184	0.112	0.082	0.058	0.220	0.091
301	0.300	0.200	0.211	0.167	0.250	0.200	0.145	0.209	0.260	0.026	0.082	0.200	0.298	0.120	0.318
305	0.050	0.080	0.184	0.067	0.068	0.033	0.016	0.047	0.090	0.088	0.092	0.145	0.096	0.060	0.106
309	0.033	0.060	0.079	0.117	0.114	0.167	0.016	0.163	0.060	0.096	0.122	0.091	0.163	0.030	0.136
313	0.183	0.180	0.132	0.100	0.227	0.250	0.226	0.244	0.170	0.105	0.133	0.173	0.115	0.180	0.136
317	0.200	0.320	0.237	0.150	0.114	0.117	0.177	0.174	0.160	0.237	0.224	0.118	0.048	0.190	0.091
321	0.017	0.060	0.000	0.067	0.023	0.017	0.113	0.047	0.050	0.018	0.000	0.064	0.000	0.130	0.015
325	0.033	0.020	0.053	0.017	0.068	0.033	0.081	0.023	0.060	0.123	0.082	0.000	0.010	0.000	0.000
329	0.033	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.000	0.023	0.020	0.044	0.071	0.018	0.202	0.000	0.076
333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
337	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.048	0.000	0.010	0.026	0.000	0.036	0.000	0.000	0.000
341	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
345	0.017	0.020	0.000	0.033	0.000	0.017	0.000	0.023	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.030
349	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.62. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0189

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
147	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
159	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000
183	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
213	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.020	0.000
216	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.073	0.010	0.000	0.000
219	0.016	0.096	0.026	0.033	0.000	0.000	0.032	0.000	0.030	0.080	0.041	0.064	0.115	0.000	0.064
222	0.000	0.019	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
225	0.113	0.038	0.026	0.050	0.091	0.017	0.016	0.035	0.070	0.045	0.051	0.027	0.115	0.150	0.026
228	0.113	0.038	0.000	0.033	0.023	0.000	0.048	0.081	0.100	0.054	0.112	0.073	0.000	0.010	0.064
231	0.032	0.019	0.026	0.033	0.159	0.050	0.016	0.058	0.040	0.089	0.020	0.027	0.029	0.060	0.192
234	0.016	0.115	0.053	0.117	0.023	0.000	0.000	0.012	0.010	0.018	0.010	0.000	0.019	0.030	0.000
237	0.274	0.346	0.237	0.417	0.273	0.467	0.290	0.326	0.260	0.366	0.143	0.136	0.192	0.270	0.051
240	0.097	0.038	0.184	0.100	0.091	0.067	0.048	0.058	0.110	0.063	0.265	0.218	0.231	0.000	0.077
243	0.032	0.077	0.105	0.017	0.091	0.117	0.097	0.093	0.150	0.179	0.173	0.173	0.087	0.000	0.090
246	0.081	0.038	0.026	0.017	0.023	0.033	0.048	0.116	0.070	0.107	0.112	0.091	0.029	0.180	0.333
249	0.097	0.096	0.053	0.050	0.114	0.033	0.177	0.035	0.060	0.000	0.031	0.036	0.029	0.130	0.013
252	0.081	0.038	0.079	0.050	0.068	0.183	0.129	0.070	0.050	0.000	0.020	0.018	0.029	0.150	0.000
255	0.000	0.038	0.000	0.067	0.045	0.000	0.048	0.035	0.050	0.000	0.010	0.018	0.038	0.000	0.090
261	0.048	0.000	0.079	0.017	0.000	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.077	0.000	0.000
264	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
276	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
282	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
348	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.63. Frecuencias Alélicas del Locus Ip591

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
93	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
95	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.064	0.000	0.000	0.000
97	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.050	0.000
99	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.020	0.000
101	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
105	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
107	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000
109	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000
113	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.032	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
115	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.035	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
117	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.010	0.000
119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
121	0.000	0.058	0.000	0.017	0.000	0.050	0.016	0.047	0.010	0.018	0.000	0.000	0.029	0.040	0.000
123	0.048	0.019	0.026	0.033	0.000	0.000	0.000	0.058	0.010	0.026	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
125	0.145	0.096	0.158	0.117	0.114	0.117	0.129	0.070	0.143	0.132	0.031	0.009	0.019	0.030	0.026
127	0.339	0.442	0.184	0.300	0.295	0.300	0.323	0.302	0.255	0.149	0.306	0.200	0.288	0.010	0.192
129	0.129	0.135	0.000	0.117	0.205	0.117	0.016	0.151	0.133	0.219	0.224	0.118	0.163	0.280	0.308
131	0.113	0.077	0.079	0.050	0.000	0.117	0.081	0.105	0.031	0.044	0.112	0.200	0.154	0.280	0.103
133	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.026	0.010	0.000	0.154	0.110	0.000
135	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.082	0.000	0.000	0.090	0.000
137	0.016	0.077	0.026	0.200	0.159	0.117	0.129	0.105	0.082	0.061	0.092	0.118	0.038	0.030	0.026
139	0.048	0.000	0.105	0.100	0.182	0.083	0.210	0.093	0.082	0.140	0.051	0.100	0.038	0.030	0.051
141	0.032	0.096	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.023	0.082	0.000	0.041	0.000	0.096	0.000	0.090
145	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.061	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
147	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
149	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.077
151	0.000	0.000	0.079	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
153	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
155	0.016	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.044	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
157	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.031	0.045	0.000	0.000	0.000
159	0.000	0.000	0.184	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.027	0.000	0.000	0.038

161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
163	0.016	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
165	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.051
167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013
169	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
173	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.044	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
177	0.000	0.000	0.105	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
183	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
211	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
215	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
231	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.64. Frecuencias Alélicas del Locus Ip607

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
86	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
88	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
94	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
98	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.027	0.000	0.000	0.000
100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.039	0.000	0.075
102	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
106	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.029	0.000	0.000
108	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
110	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.029	0.020	0.038
114	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000
120	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
124	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
126	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.096	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
128	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
130	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.079	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
132	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.044	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
134	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000

136	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
138	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.061	0.000	0.000	0.000	0.010	0.013
140	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.053	0.000	0.027	0.000	0.010	0.000
142	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.009	0.029	0.000	0.038
144	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.010	0.000	0.000
146	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000
148	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.010	0.000
150	0.000	0.000	0.026	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.073	0.000	0.020	0.013
152	0.017	0.020	0.000	0.033	0.023	0.050	0.000	0.012	0.090	0.009	0.041	0.036	0.010	0.050	0.013
154	0.100	0.200	0.105	0.250	0.182	0.233	0.194	0.105	0.180	0.026	0.092	0.064	0.059	0.010	0.088
156	0.167	0.220	0.237	0.167	0.045	0.150	0.048	0.209	0.090	0.044	0.194	0.164	0.118	0.220	0.150
158	0.133	0.060	0.158	0.050	0.114	0.033	0.048	0.058	0.060	0.070	0.020	0.045	0.059	0.050	0.063
160	0.033	0.040	0.079	0.083	0.045	0.033	0.000	0.058	0.110	0.044	0.020	0.073	0.108	0.100	0.050
162	0.017	0.000	0.000	0.000	0.023	0.017	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.010	0.000
164	0.117	0.100	0.026	0.117	0.045	0.067	0.016	0.035	0.020	0.035	0.092	0.009	0.078	0.190	0.063
166	0.083	0.120	0.079	0.050	0.159	0.050	0.129	0.035	0.080	0.044	0.041	0.091	0.039	0.130	0.088
168	0.033	0.040	0.053	0.067	0.114	0.100	0.161	0.070	0.090	0.026	0.092	0.027	0.118	0.060	0.075
170	0.017	0.000	0.026	0.033	0.023	0.017	0.016	0.023	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.038
172	0.150	0.020	0.053	0.067	0.114	0.133	0.161	0.116	0.090	0.070	0.082	0.036	0.000	0.010	0.038
174	0.033	0.080	0.053	0.050	0.045	0.050	0.145	0.081	0.060	0.009	0.133	0.055	0.088	0.020	0.025
176	0.100	0.040	0.053	0.017	0.023	0.067	0.081	0.105	0.020	0.035	0.143	0.055	0.078	0.070	0.113
178	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.010	0.000	0.000
180	0.000	0.040	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.026	0.051	0.009	0.078	0.010	0.025
198	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.65. Frecuencias Alélicas del Locus Ip427

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
157	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
181	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.065	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
219	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.012
223	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
225	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.012
227	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.255	0.000	0.009	0.000	0.030	0.037
229	0.000	0.000	0.094	0.117	0.000	0.000	0.000	0.035	0.040	0.000	0.000	0.009	0.000	0.110	0.073
231	0.000	0.135	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.047	0.030	0.053	0.133	0.036	0.000	0.000	0.037
233	0.000	0.058	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.070	0.000	0.000	0.036	0.000	0.000	0.024
235	0.000	0.077	0.000	0.000	0.045	0.000	0.048	0.000	0.000	0.000	0.000	0.055	0.000	0.000	0.000
237	0.000	0.250	0.094	0.083	0.000	0.000	0.000	0.023	0.060	0.191	0.051	0.118	0.000	0.000	0.012
239	0.000	0.115	0.063	0.050	0.000	0.000	0.048	0.012	0.020	0.000	0.000	0.055	0.020	0.010	0.024
241	0.000	0.096	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.085	0.041	0.055	0.031	0.010	0.000
243	0.017	0.096	0.000	0.000	0.068	0.000	0.032	0.035	0.000	0.000	0.000	0.018	0.031	0.260	0.073
245	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.032	0.128	0.140	0.000	0.133	0.027	0.000	0.130	0.085
247	0.000	0.096	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.349	0.230	0.085	0.204	0.009	0.000	0.240	0.122
249	0.000	0.000	0.156	0.067	0.000	0.000	0.000	0.035	0.030	0.106	0.020	0.018	0.000	0.050	0.037
251	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.058	0.090	0.064	0.010	0.000	0.000	0.010	0.037
253	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.011	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000
255	0.167	0.000	0.188	0.133	0.136	0.000	0.081	0.070	0.050	0.074	0.133	0.127	0.082	0.000	0.122
257	0.067	0.000	0.031	0.050	0.159	0.000	0.145	0.058	0.070	0.000	0.112	0.100	0.031	0.000	0.012
259	0.150	0.000	0.000	0.033	0.068	0.000	0.161	0.035	0.120	0.000	0.071	0.118	0.000	0.000	0.073
261	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.061	0.100	0.000	0.000	0.012
263	0.017	0.000	0.000	0.000	0.068	0.000	0.016	0.012	0.000	0.000	0.010	0.055	0.153	0.000	0.024
265	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.051	0.000	0.012
267	0.033	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.009	0.071	0.000	0.024
269	0.017	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
271	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.000
273	0.067	0.000	0.031	0.017	0.045	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.020	0.000
275	0.033	0.000	0.156	0.083	0.136	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.092	0.000	0.000
277	0.283	0.000	0.031	0.117	0.114	0.000	0.339	0.023	0.050	0.000	0.000	0.027	0.092	0.000	0.061
279	0.000	0.019	0.063	0.033	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

283	0.000	0.019	0.063	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.276	0.000	0.000
291	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.030	0.024
293	0.033	0.000	0.000	0.033	0.068	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
295	0.000	0.000	0.000	0.000	0.068	0.000	0.000	0.000	0.000	0.064	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
297	0.017	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.024
299	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.024
305	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000
315	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.030	0.000
319	0.017	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.66. Frecuencias Alélicas del Locus Ip265

Alelo	LDN	EIP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
99	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
101	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.093	0.140	0.009	0.000	0.000	0.000	0.010	0.037
103	0.000	0.038	0.079	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
105	0.016	0.000	0.158	0.017	0.000	0.000	0.000	0.256	0.160	0.019	0.000	0.000	0.000	0.110	0.134
107	0.000	0.058	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
109	0.000	0.019	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.256	0.380	0.085	0.000	0.000	0.000	0.280	0.232
111	0.016	0.000	0.105	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
113	0.000	0.115	0.053	0.033	0.000	0.000	0.000	0.116	0.030	0.000	0.000	0.000	0.000	0.130	0.244
115	0.016	0.096	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.110	0.012
117	0.016	0.115	0.132	0.033	0.000	0.000	0.000	0.047	0.060	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037
119	0.016	0.058	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
121	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
123	0.048	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
125	0.016	0.096	0.079	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.012
127	0.016	0.019	0.053	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
129	0.000	0.212	0.132	0.000	0.000	0.000	0.000	0.081	0.150	0.019	0.000	0.000	0.000	0.230	0.159
131	0.000	0.096	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
133	0.032	0.019	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024
135	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
137	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
141	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.047	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012

143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.093	0.080	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037
147	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
149	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.073	0.000	0.000	0.000
151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	0.000	0.018	0.000	0.020	0.012
153	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
155	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.047	0.000	0.000	0.000	0.020	0.024
157	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000
159	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
163	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.020	0.012
165	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.048	0.000	0.000	0.113	0.000	0.009	0.000	0.010	0.000
171	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.016	0.000	0.000	0.057	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
173	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.094	0.000	0.000	0.000	0.020	0.012
185	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
227	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
229	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.016	0.000	0.000	0.028	0.000	0.009	0.050	0.000	0.000
231	0.016	0.000	0.000	0.000	0.159	0.017	0.145	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000
233	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.016	0.000	0.000	0.019	0.000	0.009	0.020	0.000	0.000
237	0.048	0.000	0.000	0.067	0.045	0.000	0.065	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.060	0.000	0.000
239	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000
241	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.016	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.090	0.000	0.000
243	0.032	0.000	0.000	0.000	0.023	0.150	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.050	0.000	0.000
245	0.258	0.000	0.000	0.217	0.182	0.300	0.177	0.000	0.000	0.075	0.000	0.155	0.110	0.000	0.000
247	0.177	0.000	0.000	0.200	0.273	0.033	0.129	0.000	0.000	0.066	0.000	0.391	0.200	0.000	0.000
249	0.048	0.000	0.000	0.083	0.023	0.050	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.180	0.000	0.000
251	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.016	0.000	0.000	0.019	0.000	0.064	0.090	0.000	0.000
253	0.032	0.000	0.000	0.017	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.030	0.000	0.000
255	0.016	0.000	0.000	0.067	0.091	0.067	0.048	0.000	0.000	0.000	0.000	0.055	0.000	0.000	0.000
257	0.048	0.000	0.000	0.000	0.068	0.033	0.000	0.000	0.000	0.028	0.286	0.036	0.000	0.000	0.000
259	0.016	0.000	0.000	0.150	0.000	0.050	0.097	0.000	0.000	0.019	0.173	0.091	0.000	0.000	0.000
261	0.016	0.000	0.000	0.033	0.023	0.017	0.048	0.000	0.000	0.000	0.337	0.018	0.050	0.000	0.000

263	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.122	0.000	0.000	0.000	0.000
265	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.041	0.000	0.000	0.000	0.000
267	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
269	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
277	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000
301	0.000	0.000	0.000	0.017	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
307	0.000	0.000	0.000	0.017	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 12.67. Frecuencias Alélicas del Locus IpCG0077

Alelo	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
81	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
85	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
93	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
97	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000
99	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
101	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.000
103	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.061	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
105	0.016	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.164	0.078	0.020	0.000
107	0.016	0.000	0.053	0.000	0.045	0.017	0.032	0.023	0.041	0.009	0.071	0.118	0.098	0.010	0.000
109	0.000	0.020	0.000	0.017	0.000	0.017	0.032	0.012	0.082	0.000	0.031	0.064	0.049	0.110	0.000
111	0.210	0.180	0.342	0.217	0.159	0.103	0.290	0.209	0.184	0.268	0.398	0.345	0.118	0.480	0.230
113	0.371	0.440	0.184	0.350	0.364	0.397	0.371	0.326	0.286	0.375	0.194	0.155	0.353	0.160	0.324
115	0.113	0.100	0.237	0.150	0.250	0.259	0.161	0.186	0.163	0.188	0.143	0.082	0.147	0.200	0.189
117	0.274	0.260	0.184	0.167	0.182	0.138	0.113	0.221	0.082	0.143	0.143	0.055	0.118	0.010	0.216
119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.052	0.000	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.020	0.010	0.027

121	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.014
127	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.012	0.031	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000
129	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
135	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
137	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Apéndice 10. Principales Indicadores de Diversidad Genética Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal en México por locus

Cuadro 12.68. Indicadores de Diversidad Genética de la Población LDN

Locus	A	Ae	H_O	H_E	UH_E	F_{IS}
IpCG273	10	5.8	1.00	0.83	0.840	-0.210
IpCG128	11	7.0	0.94	0.86	0.870	-0.092
IpCG195	7	5.5	0.97	0.82	0.830	-0.185
IpCG38	8	5.6	0.77	0.82	0.834	0.057
IpCG32	9	4.7	0.81	0.79	0.801	-0.023
IpCG70	16	9.9	0.94	0.90	0.913	-0.041
IpCG35	12	5.5	1.00	0.82	0.833	-0.220
IpCG189	12	7.3	0.87	0.86	0.877	-0.010
Ip0591	15	5.8	0.84	0.83	0.840	-0.015
Ip0607	13	8.9	1.00	0.89	0.902	-0.127
Ip0427	16	6.8	0.93	0.85	0.868	-0.094
Ip0265	24	8.6	0.87	0.88	0.898	0.015
Ip0077	6	3.7	0.74	0.73	0.742	-0.016

Cuadro 12.69. Indicadores de Diversidad Genética de la Población ETP

Locus	A	Ae	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	13	7.953	0.731	0.874	0.891	0.164
IpCG128	11	6.531	0.885	0.847	0.863	-0.045
IpCG195	6	4.238	0.692	0.764	0.779	0.094
IpCG38	10	6.438	0.923	0.845	0.861	-0.093
IpCG32	9	4.361	0.962	0.771	0.786	-0.248
IpCG70	13	7.906	0.962	0.874	0.891	-0.101
IpCG35	9	5.187	0.880	0.807	0.824	-0.090
IpCG189	13	5.982	0.769	0.833	0.849	0.076
Ip0591	8	4.036	0.769	0.752	0.767	-0.023
Ip0607	13	7.669	0.920	0.870	0.887	-0.058
Ip0427	11	7.511	0.923	0.867	0.884	-0.065
Ip0265	14	9.074	0.962	0.890	0.907	-0.081
Ip0077	5	3.289	0.840	0.696	0.710	-0.207

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.70 Indicadores de Diversidad Genética de la Población CAT

Locus	A	Ae	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	11	8.11	0.84	0.88	0.90	0.04
IpCG128	15	8.70	0.95	0.89	0.91	-0.07
IpCG195	8	6.33	0.95	0.84	0.86	-0.13
IpCG38	8	3.90	0.79	0.74	0.76	-0.06
IpCG32	12	6.56	0.89	0.85	0.87	-0.06
IpCG70	11	7.60	1.00	0.87	0.89	-0.15
IpCG35	7	5.82	0.79	0.83	0.85	0.05
IpCG189	15	8.02	0.89	0.88	0.90	-0.02
Ip0591	11	7.68	0.84	0.87	0.89	0.03
Ip0607	14	8.40	0.95	0.88	0.90	-0.08
Ip0427	12	8.53	0.81	0.88	0.91	0.08
Ip0265	14	10.31	0.95	0.90	0.93	-0.05
Ip0077	5	4.10	0.63	0.76	0.78	0.16

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.71 Indicadores de Diversidad Genética de la Población LIS

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	11	7.7	0.90	0.87	0.89	-0.034
IpCG128	10	6.2	0.83	0.84	0.85	0.006
IpCG195	8	6.7	0.83	0.85	0.86	0.020
IpCG38	8	4.4	0.87	0.77	0.79	-0.120
IpCG32	11	4.6	0.80	0.78	0.79	-0.025
IpCG70	18	11.4	0.93	0.91	0.93	-0.023
IpCG35	13	9.1	0.93	0.89	0.91	-0.048
IpCG189	13	4.7	0.93	0.79	0.80	-0.186
Ip0591	12	5.8	0.97	0.83	0.84	-0.168
Ip0607	13	7.7	0.97	0.87	0.88	-0.111
Ip0427	19	12.9	0.80	0.92	0.94	0.133
Ip0265	16	7.7	0.77	0.87	0.88	0.118
Ip0077	8	4.5	0.90	0.78	0.79	-0.160

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.72 Indicadores de Diversidad Genética de la Población SCN

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	9	6.3	0.95	0.84	0.86	-0.132
IpCG128	7	6.2	0.81	0.84	0.86	0.035
IpCG195	8	5.5	0.81	0.82	0.84	0.011
IpCG38	5	4.0	0.71	0.75	0.77	0.047
IpCG32	6	3.9	0.95	0.74	0.76	-0.287
IpCG70	17	11.5	1.00	0.91	0.93	-0.095
IpCG35	10	6.4	0.95	0.84	0.86	-0.132
IpCG189	11	6.9	1.00	0.85	0.87	-0.170
Ip0591	6	4.9	1.00	0.80	0.82	-0.254
Ip0607	15	9.2	1.00	0.89	0.91	-0.122
Ip0427	12	9.7	0.91	0.90	0.92	-0.014
Ip0265	14	6.6	0.91	0.85	0.87	-0.072
Ip0077	5	3.9	0.86	0.74	0.76	-0.160

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.73 Indicadores de Diversidad Genética de la Población FAM

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	10	5.7	1.00	0.82	0.84	-0.213
IpCG128	9	4.3	0.77	0.77	0.78	0.002
IpCG195	8	4.6	0.83	0.78	0.79	-0.067
IpCG38	6	3.5	0.80	0.71	0.72	-0.122
IpCG32	10	5.1	0.87	0.80	0.82	-0.078
IpCG70	15	10.6	0.93	0.91	0.92	-0.028
IpCG35	10	5.9	0.93	0.83	0.84	-0.124
IpCG189	10	3.6	0.87	0.73	0.74	-0.195
Ip0591	9	6.2	0.87	0.84	0.85	-0.033
Ip0607	13	8.1	0.87	0.88	0.89	0.011
Ip0427	0	0.0	0.00	0.00	0.00	
Ip0265	14	6.9	0.90	0.85	0.87	-0.053
Ip0077	8	3.9	0.90	0.74	0.76	-0.207

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.74. Indicadores de Diversidad Genética de la Población AQQ

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	11	7.09	0.97	0.86	0.87	-0.127
IpCG128	9	6.49	0.90	0.85	0.86	-0.068
IpCG195	7	5.31	0.77	0.81	0.82	0.046
IpCG38	8	5.10	0.84	0.80	0.82	-0.043
IpCG32	9	5.27	0.90	0.81	0.82	-0.115
IpCG70	14	9.07	0.97	0.89	0.90	-0.088
IpCG35	11	7.12	0.94	0.86	0.87	-0.088
IpCG189	13	6.49	1.00	0.85	0.86	-0.182
Ip0591	11	5.24	0.97	0.81	0.82	-0.196
Ip0607	10	7.20	0.97	0.86	0.88	-0.124
Ip0427	12	5.55	0.74	0.82	0.83	0.095
Ip0265	22	10.62	0.90	0.91	0.92	0.003
Ip0077	6	3.81	1.00	0.74	0.75	-0.356

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.75. Indicadores de Diversidad Genética de la Población STT

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	13	7.79	0.88	0.87	0.88	-0.014
IpCG128	11	7.35	0.86	0.86	0.87	0.004
IpCG195	13	8.04	0.84	0.88	0.89	0.044
IpCG38	9	5.03	0.77	0.80	0.81	0.042
IpCG32	13	5.71	1.00	0.82	0.83	-0.212
IpCG70	17	11.07	0.84	0.91	0.92	0.080
IpCG35	11	5.96	0.95	0.83	0.84	-0.146
IpCG189	15	6.57	0.91	0.85	0.86	-0.070
Ip0591	12	6.39	0.91	0.84	0.85	-0.075
Ip0607	18	9.76	0.93	0.90	0.91	-0.036
Ip0427	18	6.25	0.88	0.84	0.85	-0.052
Ip0265	9	5.79	0.88	0.83	0.84	-0.068
Ip0077	8	4.27	0.84	0.77	0.77	-0.093

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.76. Indicadores de Diversidad Genética de la Población PUE

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	11	7.17	0.88	0.86	0.87	-0.023
IpCG128	21	12.59	0.92	0.92	0.93	0.001
IpCG195	8	5.46	1.00	0.82	0.83	-0.224
IpCG38	6	3.47	0.84	0.71	0.72	-0.180
IpCG32	10	5.05	0.92	0.80	0.81	-0.147
IpCG70	18	12.08	0.86	0.92	0.93	0.062
IpCG35	12	6.71	0.92	0.85	0.86	-0.081
IpCG189	12	7.51	0.82	0.87	0.88	0.054
Ip0591	15	7.66	0.84	0.87	0.88	0.038
Ip0607	15	10.53	0.86	0.91	0.91	0.050
Ip0427	13	8.53	0.96	0.88	0.89	-0.087
Ip0265	7	4.48	0.86	0.78	0.78	-0.107
Ip0077	13.000	6.13	0.65	0.84	0.85	0.220

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.77 Indicadores de Diversidad Genética de la Población JSA

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	12	6.18	0.82	0.84	0.85	0.016
IpCG128	11	6.83	0.91	0.85	0.86	-0.069
IpCG195	11	6.21	0.89	0.84	0.85	-0.067
IpCG38	16	5.95	0.86	0.83	0.84	-0.033
IpCG32	9	5.09	0.86	0.80	0.81	-0.070
IpCG70	21	13.57	0.89	0.93	0.93	0.034
IpCG35	14	7.27	0.91	0.86	0.87	-0.058
IpCG189	9	4.98	0.79	0.80	0.81	0.017
Ip0591	17	8.28	0.84	0.88	0.89	0.042
Ip0607	23	13.71	0.95	0.93	0.94	-0.022
Ip0427	11	6.92	0.81	0.86	0.86	0.055
Ip0265	29	17.89	0.87	0.94	0.95	0.081
Ip0077	7	3.73	0.84	0.73	0.74	-0.147

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.78. Indicadores de Diversidad Genética de la Población JBA

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	15	8.00	0.85	0.88	0.88	0.024
IpCG128	10	6.89	0.84	0.85	0.86	0.021
IpCG195	7	5.74	0.82	0.83	0.83	0.012
IpCG38	13	3.63	0.71	0.72	0.73	0.023
IpCG32	5	4.05	0.83	0.75	0.76	-0.107
IpCG70	16	7.56	0.84	0.87	0.88	0.036
IpCG35	12	7.98	0.96	0.87	0.88	-0.097
IpCG189	13	6.56	0.90	0.85	0.86	-0.059
Ip0591	12	5.61	0.92	0.82	0.83	-0.118
Ip0607	12	8.75	0.96	0.89	0.89	-0.083
Ip0427	13	8.25	0.96	0.88	0.89	-0.091
Ip0265	7	4.12	0.88	0.76	0.76	-0.159
Ip0077	7.000	4.11	0.90	0.76	0.76	-0.187

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.79. Indicadores de Diversidad Genética de la Población MIC

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	17	11.9	0.94	0.92	0.92	-0.031
IpCG128	12	7.1	1.00	0.86	0.87	-0.164
IpCG195	7	4.5	0.98	0.78	0.79	-0.262
IpCG38	11	3.9	0.67	0.74	0.75	0.092
IpCG32	13	5.6	0.91	0.82	0.83	-0.109
IpCG70	18	9.8	0.84	0.90	0.91	0.069
IpCG35	14	7.9	0.95	0.87	0.88	-0.083
IpCG189	16	8.1	0.95	0.88	0.89	-0.078
Ip0591	17	7.8	0.71	0.87	0.88	0.187
Ip0607	28	14.9	0.84	0.93	0.94	0.103
Ip0427	21	12.3	0.87	0.92	0.93	0.050
Ip0265	19	5.0	0.84	0.80	0.81	-0.046
Ip0077	9	5.1	0.87	0.80	0.81	-0.088

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus N: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.80. Indicadores de Diversidad Genética de la Población COH

Locus	A	Ae	H _O	H _E	U _{H_E}	F _{IS}
IpCG273	10.000	7.135	0.942	0.860	0.868	-0.096
IpCG128	13.000	5.796	0.750	0.827	0.836	0.094
IpCG195	7.000	5.780	0.863	0.827	0.835	-0.043
IpCG38	7.000	5.297	0.729	0.811	0.820	0.101
IpCG32	10.000	2.962	0.923	0.662	0.669	-0.394
IpCG70	17.000	10.860	0.941	0.908	0.917	-0.037
IpCG35	9.000	5.413	0.865	0.815	0.823	-0.061
IpCG189	13.000	7.378	0.923	0.864	0.873	-0.068
Ip0591	11.000	5.853	0.846	0.829	0.837	-0.021
Ip0607	18.000	12.688	0.902	0.921	0.930	0.021
Ip0427	12.000	7.199	0.714	0.861	0.870	0.170
Ip0265	13.000	8.621	0.900	0.884	0.893	-0.018
Ip0077	10.000	5.192	0.784	0.807	0.815	0.029

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus N: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.81. Indicadores de Diversidad Genética de la Población ZAC

Locus	A	Ae	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	8	4.17	0.74	0.76	0.77	0.026
IpCG128	7	3.69	0.92	0.73	0.74	-0.262
IpCG195	6	2.13	0.64	0.53	0.54	-0.204
IpCG38	7	3.93	0.72	0.75	0.75	0.035
IpCG32	6	2.89	0.60	0.65	0.66	0.083
IpCG70	8	3.82	0.86	0.74	0.75	-0.165
IpCG35	8	6.35	0.98	0.84	0.85	-0.163
IpCG189	9	5.81	0.82	0.83	0.84	0.009
Ip0591	14	5.42	0.84	0.82	0.82	-0.030
Ip0607	18	7.89	0.90	0.87	0.88	-0.031
Ip0427	17	6.20	0.84	0.84	0.85	-0.001
Ip0265	14	5.72	0.80	0.83	0.83	0.031
Ip0077	8	3.24	0.92	0.69	0.70	-0.331

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.82. Indicadores de Diversidad Genética de la Población CHI

Locus	A	Ae	H _O	H _E	UH _E	F _{IS}
IpCG273	8	4.865	0.805	0.794	0.804	-0.013
IpCG128	13	6.961	0.854	0.856	0.867	0.003
IpCG195	9	4.482	0.925	0.777	0.787	-0.191
IpCG38	12	5.727	0.659	0.825	0.836	0.202
IpCG32	6	2.383	0.625	0.580	0.588	-0.077
IpCG70	14	6.072	0.750	0.835	0.846	0.102
IpCG35	9	5.777	0.909	0.827	0.840	-0.099
IpCG189	10	5.501	0.923	0.818	0.829	-0.128
Ip0591	12	6.060	0.897	0.835	0.846	-0.075
Ip0607	18	12.598	0.925	0.921	0.932	-0.005
Ip0427	24	14.876	0.951	0.933	0.944	-0.020
Ip0265	15	6.158	0.707	0.838	0.848	0.156
Ip0077	6	4.142	0.919	0.759	0.769	-0.211

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.83. Media General de Indicadores de Diversidad Genética de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal

	N	Na	Ne	Ho	He	UHe	FIS
Media	38.549	11.718	6.698	0.868	0.826	0.839	-0.053
DE	0.895	0.315	0.187	0.008	0.006	0.006	0.008

Estimadores de Diversidad Genética de cada población para cada locus Na: Número de Alelos, Ne: Número Efectivo de Alelos, HO: Heterocigocidad Observada, HE: Heterocigocidad Esperada, UHE: Heterocigocidad Esperada Corregida, FIS: Coeficiente de Endogamia

Cuadro 12.84. Diversidad Génica de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal en México

	LDN	ETP	CAT	LIS	SCN	FAM	AQQ	STT	PUE	JSA	JBA	MIC	COH	ZAC	CHI
IpCG0273	0.84	0.90	0.90	0.89	0.86	0.84	0.87	0.88	0.87	0.85	0.89	0.92	0.87	0.77	0.80
IpCG0128	0.87	0.86	0.91	0.85	0.86	0.78	0.86	0.87	0.93	0.86	0.86	0.87	0.84	0.73	0.87
IpCG0195	0.83	0.78	0.86	0.87	0.84	0.79	0.83	0.89	0.82	0.85	0.84	0.78	0.84	0.54	0.79
IpCG038	0.84	0.86	0.76	0.79	0.77	0.72	0.82	0.81	0.72	0.84	0.73	0.75	0.82	0.75	0.84
IpCG032	0.80	0.78	0.87	0.79	0.75	0.82	0.82	0.83	0.81	0.81	0.76	0.83	0.67	0.66	0.59
IpCG070	0.91	0.89	0.89	0.93	0.93	0.92	0.90	0.92	0.93	0.94	0.88	0.91	0.92	0.74	0.85
IpCG035	0.83	0.82	0.85	0.91	0.86	0.84	0.87	0.84	0.86	0.87	0.88	0.88	0.82	0.85	0.84
IpCG0189	0.88	0.85	0.90	0.80	0.87	0.74	0.86	0.86	0.88	0.81	0.86	0.89	0.87	0.84	0.83
Ip591	0.84	0.77	0.90	0.84	0.81	0.85	0.82	0.85	0.88	0.89	0.83	0.88	0.84	0.82	0.85
Ip607	0.90	0.89	0.90	0.88	0.91	0.89	0.87	0.91	0.92	0.94	0.89	0.94	0.93	0.88	0.93
Ip427	0.87	0.88	0.92	0.94	0.92	NA	0.84	0.85	0.89	0.87	0.89	0.93	0.87	0.85	0.94
Ip265	0.90	0.91	0.93	0.89	0.87	0.87	0.92	0.84	0.78	0.95	0.76	0.81	0.89	0.83	0.85
Ip77	0.74	0.71	0.78	0.79	0.76	0.75	0.75	0.77	0.85	0.74	0.76	0.81	0.82	0.70	0.77
Media	0.85	0.84	0.87	0.86	0.85	0.82	0.85	0.86	0.86	0.86	0.83	0.86	0.85	0.77	0.83

Apéndice 11. Alelos Privados de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal en México

Cuadro 12.85. Alelos Privados de Poblaciones Domésticas de Bagre de Canal en México

Población	Locus	Alelo	Frecuencia
LDN	Ip591	153	0.016
	Ip265	227	0.016
ETP	Ip265	121	0.038
	Ip265	135	0.019
CAT	Ip128	227	0.026
	Ip128	239	0.053
	Ip128	247	0.026
	Ip189	264	0.026
	Ip189	276	0.026
	Ip189	282	0.026
	Ip591	183	0.026
LIS	Ip195	284	0.033
	Ip32	238	0.017
	Ip32	246	0.017
	Ip35	269	0.017
	Ip591	109	0.017
	Ip591	215	0.017
	Ip265	137	0.017
SCN	Ip70	301	0.023
AQQ	Ip32	218	0.016
	Ip32	242	0.016
	Ip35	241	0.032
	Ip35	245	0.032
	Ip189	348	0.016
	Ip427	157	0.016
	Ip427	181	0.065
STT	Ip273	119	0.012
	Ip195	218	0.012
	Ip195	263	0.012
	Ip195	347	0.012
	Ip38	117	0.012
	Ip70	319	0.012
	Ip189	183	0.012
PUE	Ip128	123	0.030
	Ip128	131	0.020
	Ip128	135	0.010
	Ip128	139	0.020
	Ip128	143	0.060
	Ip128	147	0.110
	Ip128	159	0.040
	Ip591	147	0.020
	Ip607	136	0.020
	Ip607	198	0.020
	Ip77	99	0.010
	Ip77	103	0.061
	Ip77	129	0.010
	Ip77	135	0.010
Ip77	137	0.010	

	Ip273	128	0.009
	Ip38	160	0.009
	Ip38	200	0.018
	Ip38	204	0.018
	Ip38	228	0.035
	Ip38	232	0.018
	Ip38	244	0.105
	Ip38	248	0.061
	Ip38	252	0.018
	Ip38	256	0.035
	Ip38	264	0.018
JSA	Ip591	161	0.009
	Ip591	173	0.044
	Ip607	94	0.009
	Ip607	102	0.009
	Ip607	128	0.167
	Ip607	130	0.079
	Ip265	99	0.028
	Ip265	147	0.028
	Ip265	185	0.009
	Ip77	81	0.009
	Ip77	85	0.009
	Ip273	113	0.010
	Ip273	179	0.042
	Ip38	80	0.021
	Ip38	84	0.010
JBA	Ip38	120	0.021
	Ip35	349	0.010
	Ip591	231	0.010
	Ip265	267	0.010
	Ip265	277	0.031
	Ip273	131	0.009
	Ip38	88	0.009
	Ip38	96	0.009
	Ip32	154	0.009
	Ip32	158	0.009
	Ip70	147	0.009
	Ip70	151	0.009
	Ip35	157	0.009
	Ip35	161	0.009
	Ip35	281	0.009
MIC	Ip189	147	0.009
	Ip189	159	0.018
	Ip591	95	0.064
	Ip591	211	0.009
	Ip607	86	0.009
	Ip607	88	0.009
	Ip607	98	0.027
	Ip607	108	0.009
	Ip607	146	0.018
	Ip427	223	0.009

	Ip265	161	0.009
	Ip265	269	0.009
	Ip77	93	0.009
	Ip77	101	0.009
COH	Ip128	219	0.010
	Ip591	107	0.010
	Ip607	114	0.020
	Ip427	271	0.071
ZAC	Ip70	215	0.060
	Ip591	105	0.010
	Ip427	305	0.020
CHI	Ip128	295	0.037
	Ip38	156	0.012
	Ip38	168	0.037
	Ip38	172	0.037
	Ip591	167	0.013
	Ip591	169	0.026