



Latin American Journal of Aquatic
Research

E-ISSN: 0718-560X

lajar@ucv.cl

Pontificia Universidad Católica de
Valparaíso
Chile

Suarez-Salgado, Diana; Herrera-Camacho, José; Lara-Rivera, Ana Laura; Parra-
Bracamonte, Gaspar Manuel

Diversidad y origen genético de poblaciones introducidas de bagre de canal (*Ictalurus
punctatus* Rafinesque, 1818), en el centro occidental de México

Latin American Journal of Aquatic Research, vol. 44, núm. 3, julio, 2016, pp. 525-534

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso
Valparaíso, Chile

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=175046920011>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Research Article

Diversidad y origen genético de poblaciones introducidas de bagre de canal (*Ictalurus punctatus* Rafinesque, 1818), en el centro occidental de México

Diana Suarez-Salgado¹, José Herrera-Camacho²

Ana Laura Lara-Rivera³ & Gaspar Manuel Parra-Bracamonte¹

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Reynosa, Tamaulipas, México

²Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales, Morelia, Michoacán, México

³Instituto de Ciencias Agrícolas, Universidad Autónoma de Baja California Valle de Mexicali, B.C., México

Corresponding author: Gaspar Manuel Parra-Bracamonte (gparra@ipn.mx)

RESUMEN. El bagre de canal es una especie importante en la acuicultura de México y se produce en sistemas tradicionales. El estado de Tamaulipas ha sido el origen de diversas poblaciones de bagre de canal en el país. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el origen genético de poblaciones de bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) introducidas en el centro occidental de México mediante marcadores de ADN. El estudio comprendió cuatro poblaciones de Michoacán, Zacatecas y Jalisco, y se utilizaron como referencia fundadora dos poblaciones correspondientes a Tamaulipas y Coahuila. El análisis se realizó con un panel de 13 microsatélites previamente reportados. Se evaluaron diversos parámetros de diversidad y estructura poblacional. Las seis poblaciones presentaron exceso de heterocigotos y un coeficiente de endogamia $F_{IS} \leq -0,014$. El análisis de la estructura genética se determinó mediante una comparación pareada de poblaciones e identificó un 5,92% explicado por la variación entre poblaciones ($F_{ST} = 0,059$, $P < 0,001$). Mediante las aproximaciones de análisis se identificó a la población de Tamaulipas como el origen genético más probable de las poblaciones de bagre en los estados evaluados.

Palabras clave: *Ictalurus punctatus*, diversidad genética, microsatélites, estructura poblacional, acuicultura.

Diversity and genetic origin of introduced channel catfish (*Ictalurus punctatus* Rafinesque, 1818) to central-west Mexico

ABSTRACT. The channel catfish is an important aquaculture species in Mexico mostly managed in traditional production systems. The state of Tamaulipas has been the source of diverse populations of channel catfish in the country, however there is no documentary evidence of this. Therefore, the objective of this study was to confirm the genetic origin of populations of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) of west central Mexico by microsatellite DNA markers. The study included four domestic populations from Michoacán, Zacatecas and Jalisco and two reference founder populations from Tamaulipas and Coahuila. The analysis was performed with a panel of 13 microsatellites. Some parameters of diversity and population structure were evaluated. The six populations showed excess of heterozygotes and a coefficient endogamy $F_{IS} \leq -0.014$. The analysis of gene structure was determined by a paired comparison populations, and indicated the 5.92% of variation among populations ($F_{ST} = 0.059$, $P < 0.001$). The assessment approaches identified the population of Tamaulipas as the most likely genetic origin of channel catfish populations currently used in the evaluated states.

Keywords: *Ictalurus punctatus*, genetic diversity, microsatellites, population structure, aquaculture.

INTRODUCCIÓN

El bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) es una de las principales especies en la acuicultura de México (De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014; Lara-Rivera *et al.*, 2015). El área de distribución nativa del bagre comprende parte de

Norteamérica y de Centroamérica (Sur de Canadá, Este de los Estados Unidos y Noreste de México) (Jackson, 2004). Pese a ser un pez nativo en México, los organismos actualmente utilizados con fines comerciales se introdujeron por primera vez en 1943 desde Estados Unidos (Ceballos-Orozco & Vázquez-Escobar,

1988). A partir de esa fecha se han reportado otras cinco introducciones del mismo origen hacia México a través de Tamaulipas (Parra-Bracamonte *et al.*, 2011; Lara-Rivera *et al.*, 2015). Los primeros registros sobre sistemas de producción datan de la década del 70' en granjas de Tamaulipas y Sinaloa (De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014). Tamaulipas, por sus características geográficas y climatológicas ha presentado un acelerado ritmo de crecimiento, con excelentes perspectivas de desarrollo, consolidándolo como el principal productor de bagre de canal en el país (Parra-Bracamonte *et al.*, 2011).

La identificación de líneas y grupos genéticos es fundamental para el manejo correcto de la acuicultura (De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014). Por su potencial de adaptabilidad y producción, el bagre de canal ha sido introducido en diversas entidades del país. La Carta Nacional Pesquera (2013) señala su cultivo en Aguascalientes, Chihuahua, Coahuila, Guanajuato, Nuevo León, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Colima, Guerrero y Michoacán. En 2014, Lara-Rivera *et al.* (2015) identificaron también su presencia en Durango, Baja California, Estado de México, Hidalgo, Querétaro, Aguascalientes, Jalisco, Morelos, Zacatecas y Veracruz. Pese a esto, no existe información precisa sobre el tamaño efectivo, o de las movilizaciones (introducciones o reintroducciones) de estas poblaciones de bagre de canal.

La producción de bagre de canal en México es de ~1.900 ton (FAO, 2015) y se realiza en sistemas tradicionales, en unidades de producción poco tecnificadas y su manejo no se encuentra estandarizado (Lara-Rivera *et al.*, 2015). Las granjas se caracterizan por tener estanques rústicos y ausencia de registros de producción. La selección de individuos y su cruzamiento se realiza en base a su fenotipo (aspecto, talla y peso). El sistema de manejo reproductivo se efectúa con reemplazo de reproductores elegidos de la progenie, para mantener el acervo genético original (Ceballos-Orozco & Vázquez-Escobar, 1988; De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014).

Actualmente, diferentes herramientas moleculares se aplican con diferentes propósitos en el área acuícola. Los marcadores microsatélites, por sus características de alto polimorfismo y su naturaleza co-dominante, permiten estimar la diversidad genética dentro y entre poblaciones, son ampliamente usados para estudios de identidad de poblaciones, paternidad e inclusive, permite distinguir entre individuos estrechamente relacionados (Chistiakov *et al.*, 2006). Los marcadores microsatélites, han sido utilizados para caracterizar las poblaciones de bagre de canal en Tamaulipas, México. Perales-Flores *et al.* (2007), en diferentes granjas productoras y Parra-Bracamonte *et al.* (2011), en una

población reproductora, observaron bajos índices de diversidad genética y bajos niveles de heterocigosidad. Recientemente, De la Rosa-Reyna *et al.* (2014) evaluaron la diferenciación entre poblaciones domésticas incluyendo la línea comercial NWAC103 que presumiblemente ha sido introducida al país, reportando similitud genética entre las poblaciones y concluyendo en dos posibles orígenes ancestrales derivados de introducciones originales hasta Tamaulipas.

En la región occidental de México, algunas granjas productoras han introducido el bagre de canal presumiblemente desde Tamaulipas. Sin embargo, no se conoce con exactitud su origen después de un tiempo considerable de manejo y mantenimiento de las poblaciones. De la misma manera, programas gubernamentales a través de centros acuícolas que no mantienen una producción constante son fuentes potenciales de la especie, aunque hasta hoy no se ha realizado algún monitoreo para comprobarlo. De esta manera, el objetivo del presente estudio fue analizar indicadores de diversidad genética y verificar el origen genético más probable de cuatro poblaciones de bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) introducidas en el occidente de México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron 248 muestras de bagre de canal de cuatro granjas del centro occidental de México: Jalisco 1 (JSY, n = 31), Jalisco 2 (JLB, n = 47), Michoacán (MCH, n = 53) y Zacatecas (ZCT, n = 50), utilizando dos poblaciones fundadoras de referencia, una de Tamaulipas (STM, n = 43) y otra de un Centro Acuícola Gubernamental de Coahuila (LRS, n = 24) (Fig. 1). La población STM ha sido descrita por Parra-Bracamonte *et al.* (2011) como el principal reproductor y proveedor de crías de bagre en México; LRS, como Centro Acuícola oficial es el único sitio con financiamiento gubernamental que posee y comercializa crías de bagre de canal para engorde; el origen de su material genético consiste en temporadas de auto-reemplazo e introducción de organismos de origen extranjero (Parra-Bracamonte *et al.*, 2010).

Se obtuvo ~50 mg de aleta anal o adiposa. Las muestras se conservaron en etanol al 96%, para su almacenamiento y posterior procesamiento, en el banco de muestras del Laboratorio de Biotecnología Animal del Centro de Biotecnología Genómica del IPN en Reynosa, Tamaulipas. La extracción de ADN genómico de las muestras, se realizó mediante el Kit comercial Genelute Mammalian Genomic DNA Miniprep (SIGMA Aldrich). El ADN obtenido, se visualizó por electroforesis en gel de agarosa al 1,5% a 65-80 volts por 35 min sobre solución buffer y se cuan-

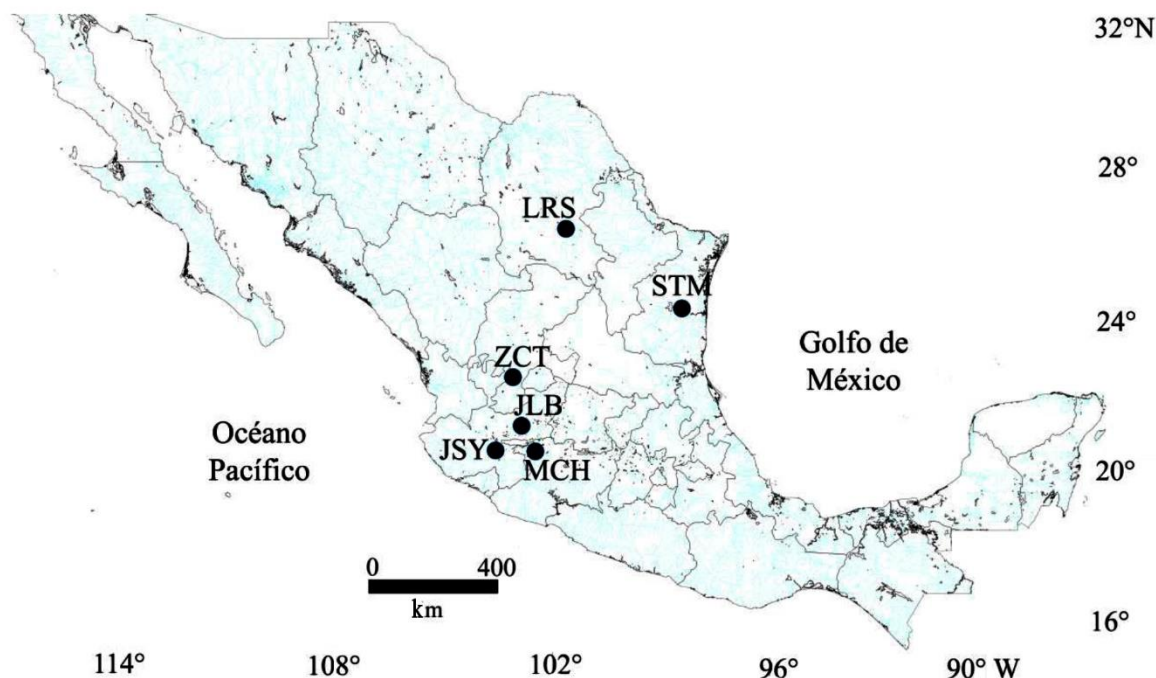


Figura 1. Localización de las granjas de bagre de canal de México, incluidas en el estudio. JSY: Jalisco 1, JLB: Jalisco 2, MCH: Michoacán, STM: Tamaulipas, LRS: Centro Acuícola Gubernamental de Coahuila.

tificó en un espectrofotómetro Nano Drop 2000c de Thermo Scientific v1.1. Se utilizó un panel de 13 microsatélites: IpCG0032, IpCG0035, IpCG0038, IpCG0070, IpCG0128, IpCG0189, IpCG0195, IpCG0273, Ip070, Ip265, Ip427, Ip591 y Ip607 analizados bajo las condiciones previamente reportadas (Tan *et al.*, 1999; Waldbieser *et al.*, 2001; Waldbieser & Wolters, 2007; Parra-Bracamonte *et al.*, 2011). La técnica de reacción en cadena de la polimerasa se realizó conforme a lo señalado por la literatura con las variaciones de ADN molde, cloruro de magnesio, temperatura, dNTPs y Taq polimerasa. Según el microsatélite a amplificar, las reacciones se efectuaron en un volumen de 10 μ L de acuerdo a las condiciones optimizadas por Parra-Bracamonte *et al.* (2011). Se utilizó un termociclador (MJ Research) en programas de PCR en modalidad Touch Down, con una temperatura de desnaturalización inicial de 95°C por 5 min seguida de 30 ciclos con alguna de las siguientes opciones: 1) 95°C por 45 s, 62°C por 45 s disminuyendo 2°C por ciclo y 72°C por 45 s; 2) 95°C por 45 s, 65°C por 45 s disminuyendo 2°C por ciclo y 72°C por 45 s; y 3) 95°C por 45 s, 58°C por 45 s disminuyendo 2°C por ciclo y 72°C por 45 s; finalmente, con una temperatura de 72°C por 10 min.

Las amplificaciones fueron examinadas por visualización en geles de agarosa 2,5% y 3,5% y posteriormente se analizaron en un secuenciador

automático (ABI DNE 3130). Los electroferogramas obtenidos fueron analizados con el software GeneMapper Applied Biosystems, para determinar los genotipos.

Se evaluó el contenido de información polimórfica (PIC), y la probabilidad de exclusión individual (PE-I) como indicadores de informatividad del panel microsatélite estudiado (Tabla 1). El PIC, expresa la posibilidad de detectar polimorfismos debido a la distribución de los alelos dentro de una población; y la PE-I expresa la probabilidad de encontrar un individuo con el mismo genotipo en un *locus* determinado dentro de una población al seleccionarlo aleatoriamente (Kalinowski *et al.*, 2007). Además, se estimaron las heterocigosidades observada (H_O) y esperada (H_E), para cada *locus* y población usando el programa FSTAT v.2.9.3 (Goudet, 2001).

Se determinó la estructura genética mediante un análisis de varianza molecular (AMOVA) y se estimaron los índices de fijación (F_{IS} , F_{ST} y F_{IT}), que describen la variación genética a nivel intrapoblacional (F_{IS}), entre poblaciones (F_{ST}) y total (F_{IT}). Como criterios de evaluación del origen genético se utilizaron dos aproximaciones. Primero, se determinaron los índices de diferenciación por medio de los valores de F_{ST} y el número de migrantes por análisis pareado usando el software Arlequin v.3.5 (Excoffier & Lischer, 2010), considerando después de la corrección de Bonferroni una $P \leq 0,0083$ para considerarla signifi-

Tabla 1. Características del panel de microsatélites utilizado en el estudio de bagre de canal. PE-I: probabilidad de exclusión individual, PIC: contenido de información polimórfica.

Loci	Secuencia (5'-3')	Motivo	Rango reportado (pb)	Rango encontrado (pb)	PE-I	PIC
IpCG0032	VIC-TAAGATGCGTATGAAGACAA/ GTTACAATATTTAGAACGGTATAAGC	ATAG	270-326	154-322	0,44	0,769
IpCG0035	VIC-AACCACTAAGCCTAGCACGTTC/ AGTATGGGTACTGCAACAAA	ATAG	281-349	157-349	0,61	0,870
IpCG0038	VIC-GTGTGCCTGATTTACTAATGATAAG TGTATTGGTATAGAACACATTAGCC	ATAG	102-161	80-164	0,41	0,746
IpCG0070	FAM-ATCATTTTTCTGCTTCTTATACATAGGCT CCTTTAGATGAACTCACCTGCC	ATAG	218-355	147-319	0,72	0,769
Ip077	VIC-GAAACACAATGTACAGTAAGCTG GCTGCTTCTTATGGAATCTC	(GT)15	69-115	93-127	0,41	0,752
IpCG0128	VIC-GATCCACTGAGAAATAAGAGCACA GGAGTATAGCACAGAAAACACGAA	AAAG	252-325	251-323	0,59	0,860
IpCG0189	FAM-GATCCTGTGCTAAAGAAACCAAG GTGCCGCAGTGTGTTGTA	AAT	201-261	147-261	0,61	0,868
IpCG0195	FAM-AACTGTCATTTACACACATTCATCTA GCAGGTCTGTCGTCATCTA	AAT	220-249	218-251	0,49	0,800
Ip265	NED-AGAGGTTGAAATAAAAACACAGCC AAGACCCCACTTCCATCATC	(CA)32	141-220	99-277	0,78	0,936
IpCG0273	NED-CGTTTTACTTCTCATAACAGCAC GCACCAAGAGACCTGTGACA	AAG	143-254	113-188	0,63	0,877
Ip427	FAM-CATTTTGCTAGGTGCGCGCACG GGTGCCTTTATATGTATATAC	(CA)24	221-254	219-315	0,74	0,921
Ip591	NED-FCTGCTTTAGGTCCACCCACTGC AGGCATTTGACATTTAGCCTGC	(GT)7 (GA)20	117-149	93-231	0,62	0,868
Ip607	NED-CAGGCACAAATCTTGTGATGG TTGTAGTTCTGCCTCTAACCGC	(GA)24	102-174	86-180	0,73	0,917

cativa. Posteriormente, se aplicó un análisis de asignación grupal considerando las poblaciones JSY, JLB, MCH y ZCT para evaluación, utilizando las poblaciones de STM y LRS como referencia, con un nivel de error en las asignaciones de $P = 0,01$. En general, los métodos de asignación utilizados asignan cada individuo de acuerdo a su probabilidad (basada en su genotipo) de pertenecer a cualquiera de las poblaciones de referencia (Piry *et al.*, 2004). Para la asignación se utilizaron cuatro métodos: un análisis Bayesiano propuesto por Baudouin & Lebrun (2000), el método basado en frecuencias (Paetkau *et al.*, 1995), el método de las distancias standard de Nei (Nei, 1972) y una aproximación filogenética (Cavalli-Sforza & Edwards, 1967) para confirmar las asignaciones. Todos estos procedimientos fueron realizados utilizando el programa GeneClass 2.0 (Piry *et al.*, 2004).

Complementariamente, se analizaron los datos para tener una perspectiva gráfica en un árbol calculado por el método de Neighbor-joining basado en valores de fijación (F_{ST}) estimados previamente y visualizadas en el programa Evolveview (Zhang *et al.*, 2012).

RESULTADOS

La probabilidad de exclusión individual (PE-I) de los microsatélites se encontró de 0,41 a 0,78 con una probabilidad conjunta del panel microsatelite $>0,999$. Los loci más informativos (PE-I $>0,5$) fueron: IpCG0035, IpCG0070, IpCG0128, IpCG0189, Ip265, IpCG0273, Ip427, Ip591 y Ip607. La evaluación de la variabilidad genética de las poblaciones mostró una riqueza alélica (A_r) en un rango de 3,99 a 22 alelos en los 13 loci, el Ip077 se observó con valores bajos (3,99 a 8,1) y el Ip265 fue el más polimórfico (6,5 a 22). LRS a nivel poblacional tuvo la menor A_r ($<8,59$) (con excepción del Ip607 con 11,57) y MCH la mayor A_r (7,9 a 21,7).

Las heterocigosidades tuvieron un rango de $H_O = 0,763-0,887$ y $H_E = 0,752-0,860$. En general, su promedio por población fue mayor para la H_O con respecto a H_E (Tabla 2). En los locus IpCG0035 e Ip077 las seis poblaciones presentaron mayor H_O que la H_E , además en cuatro de las seis poblaciones se encontró un locus con H_O igual a 1,0 (excepto JSY y LRS). Solo las poblaciones JLB y MCH mostraron $H_E = H_O$ en el locus IpCG0032 e Ip607, respectivamente. El análisis

AMOVA indicó un F_{ST} de 0,050 ($P < 0,001$) e indicó que la variación entre individuos corresponde al 98,74% y solo el 5,03% a diferencias entre poblaciones (Tabla 3).

La comparación pareada del índice de fijación (F_{ST}) en las seis poblaciones ($P \leq 0,001$) se estimó en un rango de 0,014 a 0,104 (Tabla 4). La menor divergencia se estimó entre STM con las poblaciones: JSY, JLB y MCH (con 0,014, 0,018 y 0,020, respectivamente), y en general menor similitud con LRS ($F_{ST} = 0,068-0,104$). Los niveles de endogamia (F_{IS}) estimados fueron muy bajos para todas las poblaciones, con valores cercanos a cero.

En las poblaciones también se evaluó el número de migrantes (N_m) observándose un rango de 4,26-34,98 individuos. La población LRS mostró el menor N_m (4,26-6,74) y STM los valores mayores con las poblaciones restantes (ZAC 7,37; MCH 24,08; JLB 26,9 y JSY 34,98).

La evaluación de las probabilidades de asignación realizada mediante los métodos bayesianos y el basado en las frecuencias, mostraron el 100% de las poblaciones JLB, JSY, MCH y ZCT asignadas a la población de referencia STM (Tabla 5). Las distancias de Nei mostraron que con $>73\%$ se asignaron las poblaciones a STM con excepción de ZCT (con 61,2% a STM). La aproximación filogenética también mostró asignación mayoritaria a STM nuevamente con la excepción de ZCT que se observó menos concluyente con 54,2% a STM y 45,8% LRS. De acuerdo a los índices de fijación se observó gráficamente que las poblaciones de JLB y JSY tienen mayor relación con STM, la de MCH posee relación a esta ramificación y las poblaciones de ZCT y LRS mostraron que comparten una ramificación diferente (Fig. 2).

DISCUSIÓN

El panel de marcadores microsatélites utilizado en el presente estudio, confirmó su utilidad y puede ser usado para realizar distintos análisis como paternidad, cartografía genética, determinación de variabilidad o estructura gracias a su $PIC \geq 0,746$. El rango alélico en las seis poblaciones con los marcadores microsatélites son más amplios a los reportados por Tan *et al.* (1999), Waldbieser *et al.* (2001) y Waldbieser & Wolters (2007), esto podría ser el resultado del alto polimorfismo de los marcadores, la introducción de nuevos especímenes en un corto periodo de tiempo, el flujo génico o el resultado de la distancia genética sobre un determinado tiempo (Waldbieser & Bosworth, 2012; De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014).

El indicador de riqueza alélica (A_r) mostró que MCH tiene un promedio de alelos de 13,29 y LRS posee el menor valor con solo 7,09. Parra-Bracamonte *et al.* (2011) reportaron para poblaciones domésticas de *I. punctatus* una $A_r = 10,60$ y 10,84 en muestras obtenidas entre 2005 y 2009 en Tamaulipas. De acuerdo a la literatura, es común encontrar valores menores de riqueza alélica en poblaciones domésticas, debido a que experimentan una pérdida de variación genética al pasar de silvestres a domésticas (Lamkom *et al.*, 2008). Durante este proceso, básicamente una muestra de la población original es mantenida cautiva, posiblemente sometida a selección artificial y una consecuencia posterior en generaciones subsecuentes, es la pérdida del *pool* genético original por deriva genética. Sin embargo, en condiciones naturales, también puede ser el resultado de *loci* relacionados con la adaptación medioambiental de la especie. Además, los sistemas productivos de bagre de canal en México están a reserva del conocimiento empírico de los productores y del manejo basado en el escaso conocimiento del acervo genético de las poblaciones. La literatura ha señalado que en poblaciones sobre-explotadas se puede presentar una pérdida de la variación genética, que es subestimada en muchas poblaciones. Además, se señala que se podría considerar una reducción de la A_r hasta en 12% y 2% en heterocigotidades (Allendorf *et al.*, 2014).

En este estudio, los niveles de heterocigotidad en general responden a $H_O > H_E$ para todas las poblaciones y a nivel de *loci*, cuatro mostraron $H_O = 1,0$ mientras que su H_E fue de 0,850-0,885. Dos *loci* (IpCG0035 e Ip077) se muestran en todas las poblaciones con H_O por encima de la H_E . Perales-Flores *et al.* (2007), en seis granjas productoras de la misma especie en Tamaulipas reportaron heterocigotidad baja con valores de $H_O = 0,57-0,77$ y $H_E = 0,69-0,84$ ($H_O < H_E$), con solamente cinco microsatélites. Posteriormente Parra-Bracamonte *et al.* (2011), confirmaron un exceso de homocigotos en la misma región. Recientemente De la Rosa-Reyna *et al.* (2014), en poblaciones de Tamaulipas comparando la cepa NWAC103, reportaron diferenciación entre poblaciones locales, junto a un aumento de la variabilidad con respecto a estudios anteriores, pero con índice de homocigosis por encima de los heterocigotos. Ha *et al.* (2009) con bagre rayado (*Pangasianodon hypophthalmus*) de Vietnam, reportaron heterocigotidades de poblaciones domésticas surgidas de vida silvestre y compararon ambas poblaciones reportando: $H_O = 0,62-0,65$ y $H_E = 0,62-0,64$ en silvestres, $H_O = 0,61-0,66$ y $H_E = 0,61-0,64$ en domésticas, ambas sin desviación significativa. Ellos asumen que se requiere que transcurra más tiempo para mostrar una diferenciación en las poblaciones que pro-

Tabla 2. Parámetros de variabilidad genética de cuatro poblaciones de bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) en el centro occidental de México y dos de referencia, con un panel de 13 microsatélites. Ar: riqueza alélica, H_o: heterocigosidad observada, H_e: heterocigosidad esperada.

	IpCG0032	IpCG0035	IpCG0038	IpCG0070	Ip077	IpCG0128	IpCG0189	IpCG0195	Ip265	IpCG0273	Ip427	Ip591	Ip607	Total
JSY (n = 31)														
Ar	6,3													
H _o	0,967	10,9	11,8	14,5	6,7	9,6	12,3	7,6	6,5	13,8	11,8	10,8	11,7	10,33
H _e	0,886	0,967	0,774	0,871	0,838	0,935	0,677	0,903	0,838	0,903	0,806	0,903	0,903	0,861
JLB (n = 47)														
Ar	9,0													
H _o	0,957	13,0	5,0	15,0	5,0	11,0	9,0	10,0	22,0	9,0	9,0	17,0	20,0	11,84
H _e	0,879	0,879	0,750	0,881	0,765	0,867	0,858	0,840	0,760	0,890	0,885	0,828	0,895	0,841
MCH (n = 53)														
Ar	11,9													
H _o	0,943	12,6	9,5	16,3	8,1	10,6	14,0	7,9	14,1	15,9	17,0	13,2	21,7	13,29
H _e	0,878	0,878	0,750	0,905	0,801	0,864	0,888	0,799	0,802	0,925	0,923	0,876	0,876	0,860
ZCT (n = 50)														
Ar	5,2													
H _o	1,000	8,5	7,9	7,2	6,7	6,8	8,4	5,4	13,0	7,6	14,1	12,1	14,8	9,05
H _e	0,854	0,854	0,765	0,745	0,698	0,744	0,836	0,537	0,843	0,767	0,847	0,823	0,882	0,769
STM (n = 43)														
Ar	12,6													
H _o	0,953	11,9	9,6	15,7	7,0	10,1	14,0	15,2	8,7	12,2	16,5	11,2	16,1	12,36
H _e	0,849	0,849	0,832	0,920	0,774	0,874	0,857	0,900	0,836	0,882	0,849	0,853	0,908	0,801
LRS (n = 24)														
Ar	4,95													
H _o	0,958	6,85	5,98	11,57	3,99	8,59	8,0	5,98	-	7,60	-	7,73	6,71	7,09
H _e	0,795	0,795	0,749	0,848	0,679	0,829	0,849	0,750	-	0,803	-	0,796	0,573	0,752

Tabla 3. Análisis de varianza molecular (AMOVA) entre las seis poblaciones de bagre de canal analizadas con el panel de 13 microsatélites. gl: grados de libertad, * $P < 0,001$.

Fuente de variación	gl	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de variación	Índices de fijación
Entre poblaciones	5	118,61	0,2378	5,03	F_{ST} : 0,050*
Entre individuos dentro de poblaciones	242	1043,66	-0,1784	-3,77	F_{IS} : -0,039
Entre individuos	248	1158,00	4,6694	98,74	F_{IT} : 0,013
Total	495	2320,26	4,7288		

Tabla 4. Comparación pareada de parámetros de índice de fijación (F_{ST} , sobre la diagonal), coeficiente de endogamia (F_{IS} , diagonal) y número de migrantes (debajo la diagonal) entre las seis poblaciones estudiadas de bagre de canal (Ver siglas en Fig. 1).

Poblaciones	JSY	JLB	MCH	ZCT	STM	LRS
JSY	-0,023	0,020	0,032	0,075	0,014	0,092
JLB	23,99	-0,047	0,020	0,064	0,018	0,071
MCH	15,01	23,42	-0,014	0,064	0,020	0,079
ZCT	6,1	7,22	7,25	-0,062	0,063	0,104
STM	34,98	26,9	24,08	7,37	-0,032	0,068
LRS	4,91	6,49	5,77	4,26	6,74	0,006

vienen del mismo origen. Aunque sin duda, la principal fuente de variación en poblaciones domésticas se relaciona con el manejo particular de los reproductores y su diseminación. Dado que la heterocigosidad varía generalmente en función del tamaño de población, los resultados del presente trabajo sugieren la posibilidad de estar analizando poblaciones que han experimentado recientemente grandes introducciones de progenitores. Sin embargo, la disponibilidad de bitácoras de movilización o registro de introducciones es escasa.

Yousefian *et al.* (2012), con trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) en Irán, evaluaron una población doméstica formada con individuos de tres orígenes (Francia, Noruega y Turquía), que reportaron $H_O = 0,049-0,053$ y $H_E = 0,050-0,058$, señalaron que un pequeño tamaño del número efectivo de la población y un mal manejo es la causa de la pérdida de la diversidad genética. En el presente estudio, el resultado puede ser respuesta de recientes introducciones o movilizaciones no documentadas que habrían producido un incremento en los niveles de heterocigosidad.

Los valores estimados de F_{IS} revelaron que no existe endogamia en las seis poblaciones ya que se observaron valores bajos y cercanos a cero (0,006 a -0,062), con la población de LRS presentando el único valor positivo. Estos valores, difieren de los niveles de endogamia reportados por Parra-Bracamonte *et al.* (2011), quienes determinaron valores de aumento positivo en el F_{IS} de

0,23 a 0,27 resultado de las prácticas de manejo en generaciones subsecuentes (2005 a 2009). Además, sugieren que aunque los productores están familiarizados a los posibles riesgos de endogamia, mantienen el mismo sistema de selección y reproducción tradicional, concluyendo que la mejora en el flujo genético y la implementación de un monitoreo genético con estrategias moleculares ayudaría a evitar los riesgos futuros dentro de la población. Los valores de F_{IS} en el presente estudio, sugieren que no existe evidencia de riesgo por depresión endogámica en las poblaciones estudiadas.

En el AMOVA se observó que el 98,74% de la variación estimada se atribuyó a diferencias entre los individuos (F_{IT}), solo el 5,03% de la variación estimada es explicada por la diferenciación entre las poblaciones (F_{ST}) y un valor de diferencia entre individuos dentro de las poblaciones (F_{IS}) de -3,77%. Perales-Flores *et al.* (2007) reportaron en granjas de *I. punctatus* de Tamaulipas, que la mayor variación se encontró entre individuos, y un bajo porcentaje de diferencias entre poblaciones (F_{IT} 79,6%, F_{ST} 3,83% y F_{IS} 16,56%), estimando un F_{ST} de 0,038, un poco menor al estimado en el presente estudio con un 0,05 ($P < 0,001$). Dado que este nivel de la variación entre subpoblaciones fue significativo, este indicador sugirió que las diferencias entre al menos dos de las poblaciones analizadas es estadísticamente importante. Considerando los criterios propuestos por Hartl *et al.* (1997), este nivel indica una moderada diferenciación entre al menos dos poblaciones.

El F_{ST} pareado muestra indicios del posible origen de las poblaciones, y menor diferenciación de STM con las poblaciones JSY, JLB y MCH (0,014, 0,018 y 0,020, respectivamente). Los mayores valores de diferenciación fueron de LRS con JSY, JLB, ZCT y STM (0,092, 0,071, 0,079 y 0,104, respectivamente), revelando el posible origen de la mayoría de las poblaciones hacia STM. Yousefian *et al.* (2012) obtuvieron un $F_{ST} = 0,62-0,080$ entre las poblaciones pareadas lo que indica que para algunas poblaciones aunque en sus inicios posean diferentes orígenes (*e.g.*, tres orígenes, Francia, Noruega y Turquía), las consecuencias de un flujo genético entre ellas es la con-

Tabla 5. Probabilidades (%) de asignación de poblaciones en granjas del centro occidental de bagre de canal a las poblaciones de referencia (STM/LRS). ¹Baudouin & Lebrun (2000); ²Paetkau *et al.* (1995); ³Nei (1972); ⁴Cavalli-Sforza & Edwards (1967).

Poblaciones	Método			
	Bayesiano ¹	Basado en frecuencias ²	Distancias de Nei ³	Filogenética ⁴
JSY	100/0	100/0	80,2/19,8	61,8/38,2
JLB	100/0	100/0	73,5/26,5	58,6/41,4
MCH	100/0	100/0	74,7/25,3	59,2/40,8
ZCT	100/0	100/0	61,2/38,8	54,2/45,8

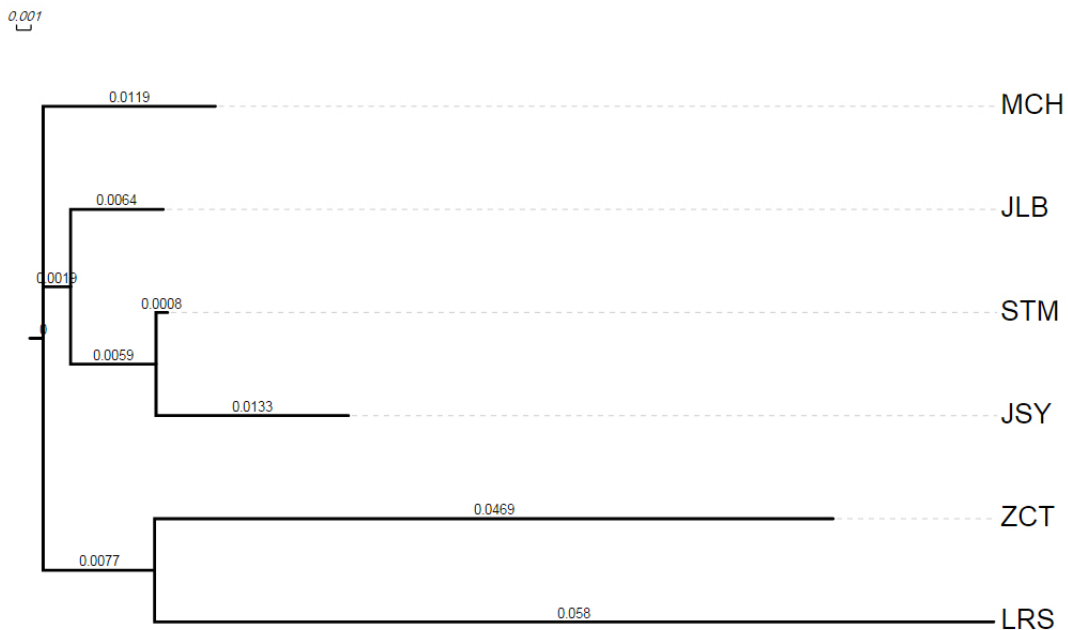


Figura 2. Gráfico de árbol estimado por el método de Neighbor-joining, basado en índices de fijación (F_{ST}) entre las seis poblaciones de bagre de canal de México. JSY: Jalisco 1, JLB: Jalisco 2, MCH: Michoacán, STM: Tamaulipas, LRS: Centro Acuícola Gubernamental de Coahuila.

formación de una menor diferenciación y consolidación de una sola población. Por el contrario, el aislamiento puede producir diferenciación, como en el caso de trucha arcoíris doméstica (*Oncorhynchus mykiss*) en Australia, donde se ha señalado diferenciación genética sustancial con un $F_{ST} = 0,19$ entre cuatro poblaciones silvestres y domésticas (Ward *et al.*, 2003). En las poblaciones estudiadas, puede hablarse de consecuencias de flujo genético para el caso de las menos diferenciadas, y de aislamiento temporal (ZCT) o de un origen diferente posiblemente (LRS), lo que contribuye a aumentar los valores de diferenciación.

En este sentido, en cuanto al número de migrantes, se encontraron valores bajos (4,26-6,74) en la población de LRS señalando posible diferenciación con el resto de las poblaciones como un origen distinto del resto de las poblaciones, contrario a esto STM mostró

elevados niveles de migrantes con ZCT, MCH, JLB y JSY (7,37, 24,08, 26,9 y 34,98, respectivamente). En bagre de canal como en otras especies es importante la comprensión del origen de las poblaciones, así como el conocimiento de su diversidad y estructura genética; más aún en poblaciones abastecedoras de cría y reservorios, como son varias granjas en Tamaulipas (STM es la principal), en algunas de ellas se ha sugerido la presencia de endogamia (De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014), opuesto a lo encontrado en el presente trabajo en Zacatecas, Jalisco y Michoacán.

El análisis de asignación en el enfoque bayesiano y el método basado en frecuencias estimó el 100% de asignación a STM como origen de JSY, JLB, MCH y ZCT. El método de distancias de Nei y la aproximación filogenética distribuyó en contraste la asignación entre ambos orígenes posibles, pero se observó que las

probabilidades son más altas a STM como población de referencia. En su conjunto se puede considerar que el origen más probable para las poblaciones introducidas sea Tamaulipas. Lo que confirma a su vez la utilidad del panel para monitorear y documentar el flujo genético artificial entre poblaciones originales e introducidas de bagre de canal efectuado entre los productores de estas poblaciones domésticas.

Es necesario mencionar que aunque en los últimos años se ha invertido una mayor atención en el bagre de canal, las organizaciones locales y cooperativas aun no poseen un programa de mejoramiento genético regional, ni nacional que considere el origen y las movilizaciones, debido al riesgo de pérdida de diversidad genética. Una de las utilidades de los métodos moleculares como el utilizado en este estudio es precisamente el monitoreo de las condiciones genéticas de las poblaciones actuales de las especies acuícolas en ausencia de registros, sobre todo considerando que aunque hace tan solo tres décadas la localización nativa del bagre de canal era el noreste de México, actualmente se encuentra introducido en los cuerpos reservorios de agua dulce de la mayor parte del país (Lara-Rivera *et al.*, 2015). Por tal razón, la utilidad de este monitoreo no solamente puede proveer información útil para las poblaciones domésticas actuales en las cuales se han distinguido dos líneas genéticas (De la Rosa-Reyna *et al.*, 2014), sino también para la planificación de programas de conservación o control, toda vez que algunos investigadores han llegado a considerar a la especie *I. punctatus* como invasora (Mendoza *et al.*, 2014)

CONCLUSIONES

Este trabajo es el primer reporte sobre *I. punctatus* considerando las poblaciones introducidas en los estados de Michoacán, Zacatecas y Jalisco. El estudio demostró que el panel de marcadores microsatélites utilizado puede ser muy informativo para el monitoreo de la variabilidad y diversidad genética de poblaciones de bagre de canal. Se comprobó que las poblaciones introducidas son diversas genéticamente, con elevados índices de riqueza alélica y heterocigosidad, y se identificó la población de referencia STM del estado de Tamaulipas como el origen más probable de introducción en las granjas de bagre de canal del centro occidente de México.

A pesar que los acuicultores en México no consideran estudios genéticos poblacionales, para coadyuvar un buen manejo de las granjas, poseen el conocimiento básico de los resultados negativos que conlleva el apareamiento entre consanguíneos, ya que promueven la introducción de nuevos reproductores

para evitar la endogamia. El estudio periódico y documentación de las movilizaciones de bagre de canal son necesarios para predecir posibles consecuencias en la diversidad genética de la especie y para determinar el manejo en los programas de introducción y reproducción con fines de mejoramiento genético y/o conservación. Así mismo, sería necesario promover técnicas de biología molecular para un mejor manejo de las granjas acuícolas y las poblaciones naturales.

AGRADECIMIENTOS

La primera autora agradece a la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Los autores agradecen el apoyo económico obtenido a través del Proyecto FOMIX Tamaulipas 150598, y al Instituto Politécnico Nacional por su apoyo a través del Proyecto SIP20143982.

REFERENCIAS

- Allendorf, F.W., O. Berry & N. Ryman. 2014. So long to genetic diversity, and thanks for all the fish. *Mol. Ecol.*, 23(1): 23-25.
- Baudouin, L. & P. Lebrun. 2000. An operational bayesian approach for the identification of sexually reproduced cross-fertilized populations using molecular markers. In: D. Dosba & H. Baril (eds.). *Proceedings of International Symposium on Molecular Markers*, Acta, 546: 81-94.
- Carta Nacional Pesquera. 2013. Diario Oficial de la Federación DOF, 2012. Acuerdo de actualización de la carta nacional acuícola. [https://dof.gob.mx/nota_detalle_popup.php?codigo=5249902]. Revisado: 20 marzo 2015.
- Cavalli-Sforza, L.L. & A.W.F. Edwards. 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Am. J. Hum. Genet.*, 19: 233-257.
- Ceballos-Orozco, M.L. & M.A. Velázquez-Escobar. 1988. Perfiles de la alimentación de peces y crustáceos en los Centros y Unidades de Producción Acuícola en México. SEPESCA, Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. Pachuca, Hgo., 112 pp. [<http://www.fao.org/3/contents/c8c54743-f46e-508b-a712-dfba6f6a1d95/AB460S00.htm>]. Revisado: 12 diciembre 2015.
- Chistiakov, D.A., B. Hellemans & F.A.M. Volckaert. 2006. Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: a review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*, 255: 1-29.
- De la Rosa-Reyna, X.F., A.M. Sifuentes-Rincón, G.M. Parra-Bracamonte & W. Arellano-Vera. 2014. Identification of two channel catfish stocks, *Ictalurus*

- punctatus*, cultivated in northeast Mexico. J. World Aquacult. Soc., 45(2): 104-114.
- Excoffier, L. & H.E. Lischer. 2010. Arlequin suite 3.5: a new series of programs to perform population genetic analyses under Linux and Windows. Mol. Ecol. Res., 10(3): 564-567.
- Food and Aquaculture Organization (FAO). 2015. FishStatJ a tool for fishery statistical analysis. Release: 2.12.4. [http://www.fao.org/fishery/statistics/software/fishstatj/en]. Revisado: 17 diciembre 2015.
- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). [http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm]. Revisado: 10 septiembre 2015.
- Ha, H.P., T.T.T. Nguyen, S. Poompuang & U. Na-Nakorn. 2009. Microsatellites revealed no genetic differentiation between hatchery and contemporary wild populations of striped catfish, *Pangasianodon hypophthalmus* (Sauvage, 1878) in Vietnam. Aquaculture, 291(3): 154-160.
- Hartl, D.L., A.G. Clark & A.G. Clark. 1997. Principles of population genetics. Sinauer Associates Publishers, Sunderland, 116: 565 pp.
- Jackson, D.C. 2004. Natural history and fisheries. In: C.S. Tucker & J.A. Hargreaves (eds.). Biology and culture of channel catfish. Elsevier, New York, pp. 15-35.
- Kalinowski, S.T., M.L. Taper & T.C. Marshall. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. Mol. Ecol., 16(5): 1099-1106.
- Lamkom, T., H. Kucuktas, Z. Liu, P. Li, U. Na-Nakorn, S. Klinbunga, A. Hutson, A. Chaimongkol, J. Ballenger, G. Umali & R.A. Dunham. 2008. Microsatellite variation among domesticated populations of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) and blue catfish (*I. furcatus*). KU. Fish. Res. Bull., 32(2): 37-47.
- Lara-Rivera, A.L., G.M. Parra-Bracamonte, A.M. Sifuentes-Rincón, H.H. Gojón-Báez, H. Rodríguez-González & I.O. Montelongo-Alfaro. 2015. El bagre de canal (*Ictalurus punctatus* Rafinesque, 1818): estado actual y problemática en México. Lat. Am. J. Aquat. Res., 43(3): 424-434.
- Mendoza, R., C. Ramírez-Martínez, C. Aguilera & M.A. Meave. 2014. Principales vías de introducción de las especies exóticas. In: R.E. Mendoza & P. Koleff. (coords.). 2014. Especies acuáticas invasoras en México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México D.F., pp. 44-67.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Am. Nat., 106: 283-291.
- Paetkau, D., W. Calvert, I. Stirling & C. Strobeck. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. Mol. Ecol., 4(3): 347-354.
- Parra-Bracamonte, G.M., A.M. Sifuentes-Rincón, X.F. De la Rosa-Reyna, W. Arellano-Vera & B. Sosa-Reyes. 2010. Desarrollo tecnológico para el mejoramiento de especies acuícolas de interés comercial. Recurso bagre de canal. Informe Final de Proyecto. SAGARPA-CONAPESCA, 144 pp.
- Parra-Bracamonte, G.M., A.M. Sifuentes-Rincón, X.F. De la Rosa-Reyna, W. Arellano-Vera & B. Sosa-Reyes. 2011. Inbreeding evidence in a traditional channel catfish (*Ictalurus punctatus*) hatchery in México. Elec. J. Biotechnol., 14(6): 11-11.
- Perales-Flores, L.E., A.M. Sifuentes-Rincón & F.J. García de León. 2007. Microsatellite variability analysis in farmed catfish (*Ictalurus punctatus*) from Tamaulipas, Mexico. Genet. Mol. Biol., 30(3): 570-574.
- Piry, S., A. Alapetite, J.M. Cornuet, D. Paetkau, L. Baudouin & A. Estoup. 2004. GeneClass2: a Software for genetic assignment and first-generation migrant detection. J. Hered., 95: 536-539.
- Tan, G., A. Karsi, P. Li, S. Kim, X. Zheng, H. Kucuktas, B.J. Argue, R.A. Dunham & Z.J. Liu. 1999. Polymorphic microsatellite markers in *Ictalurus punctatus* and related catfish species. Mol. Ecol., 8(10): 1758-1760.
- Waldbieser, G.C. & B.G. Bosworth. 2012. A standardized microsatellite marker panel for parentage and kinship analyses in channel catfish, *Ictalurus punctatus*. Anim. Genet., 44: 476-479.
- Waldbieser, G.C. & W.R. Wolters. 2007. Definition of the USDA103 strain of channel catfish (*Ictalurus punctatus*). Anim. Genet., 38(2): 180-183.
- Waldbieser, G.C., B.G. Bosworth, D.J. Nonneman & W.R. Wolters. 2001. A microsatellite-based genetic linkage map for channel catfish *Ictalurus punctatus*. Genetics, 158(2): 727-734.
- Ward, R.D., K.E. Jorstad & G.B. Maguire. 2003. Microsatellite diversity in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) introduced to Western Australia. Aquaculture, 219(1): 169-179.
- Yousefian, M., F. Laloei, M. Hedayatifard, M. Bahrekazemi, M.J. Tagavi, M. Irani, V. Azizifar V. & E. Khasaesi. 2012. Microsatellite diversity in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) stocks of different origin. Middle-East J. Sci. Res., 11(9): 1196-1201.
- Zhang, H., S. Gao, M.J. Leacher, S. Hu & W.H. Chen. 2012. EvolView an online tool for visualizing, annotating and managing phylogenetic trees. Nucleic Acids Res., 40(W1): 569-572.