



MARCADORES GENÉTICOS DE ADN MITOCONDRIAL EN CARACOL ROSADO *Strombus gigas* PARA ESTUDIOS DE GENÉTICA POBLACIONAL

R. Perez-Enriquez*, F.J. García-Rodríguez, G. Mendoza, and T. Gutierrez

*Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C., Mar Bermejo 195
Col. Playa Palo Santa Rita, La Paz, B.C.S. 23090, México.
Tel: 612-1238504
Correo-e: rperez@cibnor.mx

INTRODUCCIÓN

La importancia económica de la pesquería del caracol rosado requiere información detallada sobre la biología de su población. Entre los estudios básicos que se requieren para su desarrollo se encuentra el conocimiento de la diversidad genética actual de las poblaciones, en particular por el grado de sobreexplotación al cual ha sido sometida dicha especie, ya que la viabilidad de la propia población estará en función de la salud genética de sus poblaciones. Asimismo, el conocimiento del flujo genético en el área de distribución de la especie es particularmente importante debido a la posibilidad de que el recurso sea compartido por varios países del Caribe. El entendimiento de la estructura genética de la población permitirá apoyar el diseño de medidas de manejo más pertinentes, entre las cuales se podría incluir también el cultivo de la especie de manera comercial o para repoblación. El objetivo de este trabajo fue desarrollar marcadores genéticos variables de ADN mitocondrial útiles para analizar la diversidad y estructura genética en poblaciones naturales de caracol rosado *Strombus gigas* del Caribe mexicano para entender cómo tiene lugar el flujo genético en la región.

MATERIALES Y MÉTODOS

En noviembre de 2003 se obtuvo tejido de 5 ejemplares de Puerto Morelos. En marzo de 2004 se obtuvo tejido muscular de 50 individuos de las localidades de Banco Chinchorro y Cozumel, Q. Roo. En noviembre de 2004 se obtuvieron muestras de hemolinfa de organismos colectados mediante buceo libre en Arrecife Alacranes, Yuc.. Tanto el tejido muscular como la hemolinfa se preservaron en etanol al 95% y transportados a temperatura ambiente al laboratorio de Genética Acuícola del CIBNOR.

El ADN de cada ejemplar se extrajo por un protocolo convencional para moluscos. Se probó la amplificación de seis regiones del ADNmt, con base en los juegos de iniciadores

reportados en la literatura para otras especies de moluscos. Las regiones analizadas fueron 16srARN, Citocromo Oxidasa I (COI), NADH deshidrogenasa subunidades 1, 4 y 6 (ND-1, ND-4 y ND-6) y Citocromo b (Cit-b). Cada una de las regiones exploradas se amplificó mediante PCR de gradiente a fin de encontrar la temperatura más adecuada para los iniciadores elegidos. Los productos de PCR de mejor calidad se secuenciaron. De las regiones analizadas se obtuvieron secuencias claras con las regiones 16s, COI y Cit-b, las cuales se compararon con la base de datos de ADN "GenBank" para constatar su identidad con la región esperada.

Para llevar a cabo posibilidades de llevar a cabo un análisis de "Polimorfismo de Longitud de Fragmentos de Restricción" (RFLP por sus siglas en inglés) se hizo una búsqueda de sitios polimórficos en las secuencias editadas y alineadas de la región COI, así como se detectaron las enzimas de restricción (ER) que reconocieron dichos sitios. Con las ER seleccionadas se llevó a cabo la estandarización de las condiciones de digestión de COI.

De manera complementaria se obtuvieron las secuencias de la región Cit-b las cuales se secuenciaron y se localizaron los sitios variables.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A partir de dos individuos de Puerto Morelos y uno de Cozumel, se obtuvo una secuencia consenso de 670 pb para la región de COI, de la cual se detectaron 6 sitios polimórficos. Se encontraron las enzimas de restricción HaeIII, HpaI y BstEII que cortan tres de los seis sitios polimórficos, por lo que fueron seleccionadas para analizar las poblaciones de *Strombus gigas* en la península de Yucatán.

Asimismo, se logró el aislamiento y secuenciación del fragmento citocromo b (Cit-b) y se determinó la presencia de 10 sitios polimórficos en base a la secuencia consenso de 6 individuos. El secuenciado directo con esta región fue seleccionado para los análisis genético-poblacionales.

En las muestras poblacionales de las tres localidades (Banco Chinchorro, Cozumel y Arrecife Alacranes) la diversidad genética en Cit-b fue mayor que en COI. En ambos marcadores dicha diversidad mostró pocas diferencias entre sitios aunque se observó un patrón de mayor a menor de Chinchorro a Alacranes. Con los datos de ambos marcadores las pruebas de diferenciación genética (Exactas de Fisher y Fst) no mostraron diferencias significativas entre localidades, sin embargo, al igual que con la diversidad genética se observó un patrón de variación de frecuencias haplotípicas en gradiente de Chinchorro a Alacranes.

Se sugiere que el caracol rosado *Strombus gigas* del Caribe mexicano conforma una sola población panmítica con un flujo genético un tanto limitado por la distancia.