

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA
ESCUELA DE POSGRADO
Programa de Maestría en Ciencias en Gestión Ambiental



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

“Identificación molecular de peces marinos mediante la técnica del ADN Barcode para el uso en la gestión y conservación de la biodiversidad en la región Tumbes”

**Tesis para optar el grado de Maestro en Ciencias en
Gestión Ambiental**

Autora:

Bach. Chimbor Mejía, Carmen Rosa

Asesora:

Blga. Zelada Mázmela. Eliana Victoria

DNI: 17842746

Código ORCID: 0000-0002-5813-0954

Nuevo Chimbote - PERÚ
2023



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

CONSTANCIA DE ASESORAMIENTO DE LA TESIS

Yo, **Zelada Mázmela, Eliana Victoria**, mediante la presente certifico mi asesoramiento de la Tesis de Maestría titulada: **“Identificación molecular de peces marinos mediante la técnica del ADN Barcode para el uso en la gestión y conservación de la biodiversidad en la región Tumbes”**, elaborada por la **Bach. Chimbor Mejía Carmen Rosa**, para obtener el Grado Académico de Maestro en Ciencias en Gestión Ambiental en la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional del Santa.

Nuevo Chimbote, agosto del, 2023.

Dra. Zelada Mázmela, Eliana Victoria

ASESORA

CODIGO ORCID: 0000-0002-5813-0954

DNI N° 17842746



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

CONFORMIDAD DEL JURADO EVALUADOR

“Identificación molecular de peces marinos mediante la técnica del ADN Barcode para el uso en la gestión y conservación de la biodiversidad en la región Tumbes”,

Tesis para optar el grado de Maestro en Ciencias en Gestión Ambiental.

Revisado y Aprobado por el Jurado Evaluador

Dr. Saldaña Rojas, Guillermo Belisario
PRESIDENTE

CODIGO ORCID: 0000-0003-4877-1165
DNI N°18114311

Dr. Reyes Avalos, Walter Eduardo
SECRETARIO

CODIGO ORCID:0000-0002-4277-9521
DNI N° 17878579

Dra. Zelada Mázme, Eliana Victoria
VOCAL

CODIGO ORCID: 0000-0002-5813-0954
DNI N° 17842746



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

ACTA DE EVALUACIÓN DE SUSTENTACIÓN DE TESIS

A los veintitrés días del mes de agosto del año 2019, siendo las 10:15 horas, en el Aula 01 de la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional del Santa, se reunieron los miembros del Jurado Evaluador, designados mediante Resolución Directoral N° 221-2019-EPG-UNS de fecha 23 de julio de 2019, conformado por: Dr. Guillermo Belisario Saldaña Rojas (Presidente), Dr. Walter Eduardo Reyes Avalos (Secretario) y MSc. Eliana Victoria Zelada Mázmela (Vocal), con la finalidad de evaluar la tesis titulada: **IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE PECES MARINOS MEDIANTE LA TÉCNICA DEL ADN BARCODE PARA EL USO EN LA GESTIÓN Y CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD EN LA REGIÓN TUMBES**, presentado por la tesista **Carmen Rosa Chimbor Mejía**, egresada del programa de **Maestría en Gestión Ambiental**.

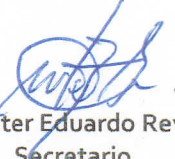
Sustentación autorizada mediante Resolución Directoral N° 241-2019-EPG-UNS de fecha 17 de agosto de 2019.


El Presidente del jurado autorizó el inicio del acto académico; producido y concluido el acto de sustentación de tesis, los miembros del jurado procedieron a la evaluación respectiva, haciendo una serie de preguntas y recomendaciones al tesista, quien dio respuestas a las interrogantes y observaciones.

El jurado después de deliberar sobre aspectos relacionados con el trabajo, contenido y sustentación del mismo y con las sugerencias pertinentes, declara la sustentación como: BUENO asignándole la calificación de: 18.

Siendo las 11:40 del mismo día se da por finalizado el acto académico, firmando la presente acta en señal de conformidad.


Dr. Guillermo Belisario Saldaña Rojas
Presidente


Dr. Walter Eduardo Reyes Avalos
Secretario


MSc. Eliana Victoria Zelada Mázmela
Vocal

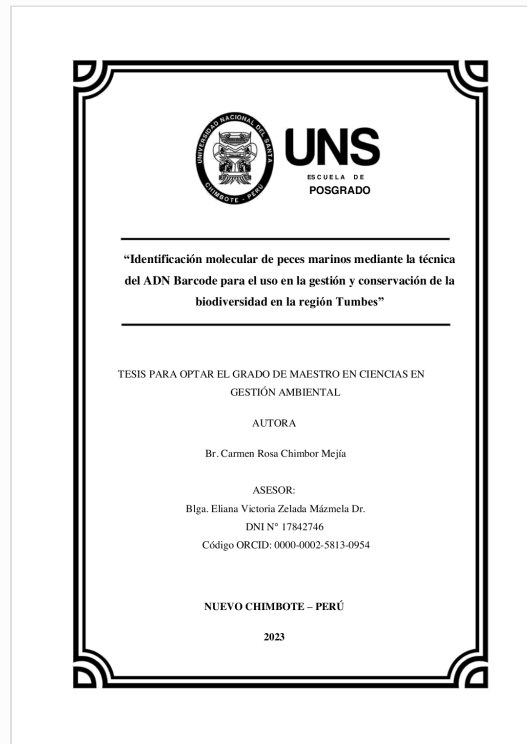


Recibo digital

Este recibo confirma que su trabajo ha sido recibido por **Turnitin**. A continuación podrá ver la información del recibo con respecto a su entrega.

La primera página de tus entregas se muestra abajo.

Autor de la entrega: Carmen Rosa Chimbor Mejia
Título del ejercicio: MAESTRIA 2023
Título de la entrega: Identificación molecular de peces marinos mediante la técni...
Nombre del archivo: Tesis_2023_Carmen_01nov.pdf
Tamaño del archivo: 6.13M
Total páginas: 143
Total de palabras: 29,641
Total de caracteres: 165,843
Fecha de entrega: 01-nov.-2023 09:38a. m. (UTC-0500)
Identificador de la entre... 2214198972



Identificación molecular de peces marinos mediante la técnica del ADN Barcode para el uso en la gestión y conservación de la biodiversidad en la región Tumbes

INFORME DE ORIGINALIDAD

19%

INDICE DE SIMILITUD

19%

FUENTES DE INTERNET

7%

PUBLICACIONES

5%

TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	repositorio.uns.edu.pe Fuente de Internet	6%
2	hdl.handle.net Fuente de Internet	1%
3	repositorio.untumbes.edu.pe Fuente de Internet	1%
4	core.ac.uk Fuente de Internet	1%
5	Submitted to Universidad Andina del Cusco Trabajo del estudiante	1%
6	repositorio.ucp.edu.pe Fuente de Internet	1%
7	repositorio.unal.edu.co Fuente de Internet	1%
8	issuu.com Fuente de Internet	<1%

DEDICATORIA

A mis Padres, por todo su apoyo y el gran ejemplo de superación que me inculcaron en todo este tiempo.

A mi esposo Milthon, quien me apoyó y alentó para continuar, cuando parecía que me iba a rendir.

A mis hijos Fatima y Diego, por todas las veces que no pudieron tener a una mamá a tiempo completo.

AGRADECIMIENTO

Al Fondo Nacional de Desarrollo Científico, Tecnológico e Innovación Tecnológica (FONDECYT- CONCYTEC), por el financiamiento proporcionado para llevar adelante el Proyecto de Investigación convenio FONDECYT-IMARPE N° 192-2015 denominado “Identificación molecular de ADN de la diversidad ictiológica de los ambientes marinos, de manglar y continental del departamento de Tumbes”, dentro del cual estuvo enmarcada la presente tesis de Maestría.

Al Instituto del Mar del Perú sede Tumbes (IMARPE), por el uso de sus laboratorios y equipos para la realización de este trabajo.

A la Dra. Raquel Siccha Ramirez (Co-asesora), por apoyarme, por su amistad, por sus enseñanzas, también por crear un ambiente ameno entre los integrantes del Laboratorio.

A mi Asesora Dra. Eliana Zelada Mázmela, por sus enseñanzas y confiar en mi para realizar este trabajo, por su asesoría siempre dispuesta y apoyo con los equipos del Laboratorio de Genética que dirige.

A la Coordinadora del Laboratorio IMARPE Tumbes, Mg. Mervin Guevara, a los taxónomos del proyecto: Blgo. Carlos Luque Sánchez y Blgo. Manuel Vera.

Al grupo de Laboratorio de Genética de IMARPE_TUMBES como Roxani Córdova, Ray Asmat y Deysi Castillo, por el apoyo en todo momento.

A los señores del Jurado que apoyaron con sus observaciones en el presente trabajo.

Así mismo al equipo del Laboratorio de Genética, Fisiología y Reproducción de la Universidad Nacional del Santa, por su apoyo en la manipulación de equipos y algunas técnicas, a Eduardo Reyes, Julissa, Karen, Luis y muchos más.

ÍNDICE

Pág.

CONSTANCIA DE ASESORAMIENTO DE LA TESIS.....	ii
CONFORMIDAD DEL JURADO EVALUADOR.....	iii
DEDICATORIA	vii
AGRADECIMIENTO.....	viii
LISTA DE TABLAS.....	xiii
LISTA DE FIGURAS	xv
RESUMEN.....	xvii
ABSTRACT.....	xviii
INTRODUCCIÓN	1
CAPITULO I.....	4
PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN.....	4
1.1 Planteamiento y fundamentación del problema de investigación	4
1.2 Antecedentes de la investigación	5
1.3 Formulación del problema de investigación	10
1.4 Delimitación del estudio	10
1.5 Justificación e importancia de la investigación.....	10
1.6 Objetivos de la investigación	13
1.6.1 Objetivo general	13
1.6.2 Objetivos específicos	13
CAPITULO II	14
MARCO TEÓRICO.....	14
2.1. Fundamentos teóricos de la investigación.....	14
2.1.1 Taxonomía tradicional	14
2.1.2 Marcadores moleculares en la identificación de los peces.....	15
2.1.3 Gen Citocromo Oxidasa I – <i>COI</i> :.....	16
2.1.4 ADN Barcode.....	17
2.1.5 Especies de Estudio.....	18
2.2. Marco conceptual	22
2.2.1 ADN	22

2.2.2 ADNmt	22
2.2.3 Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD)	22
2.2.4 Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP)	23
2.2.5 Biodiversidad	23
2.2.6 Barcode gap.....	23
2.2.7 Cladograma	23
2.2.8 Conservación.....	23
2.2.9 Diversidad de Peces en Perú	23
2.2.10 Especies crípticas	24
2.2.11 Gestión Ambiental	24
2.2.12 Modelo general mixto de yule coalescente (GMYC)	24
2.2.13 Molecular Operational Taxonomic Units (MOTUs).....	24
2.2.14 Método Neighbor Joining (NJ)	25
2.2.15 Pares de Base (pb).....	25
2.2.16 Poisson Tree Processes model (PTP)	25
2.2.17 Variabilidad Genética.....	25
2.2.18 Voucher	25
CAPITULO III	26
MARCO METODOLÓGICO	26
3.1. Hipótesis central de la investigación.....	26
3.2. Variables e Indicadores de la investigación	26
3.2.1. Definición conceptual	26
3.2.2. Definición operacional	26
3.2.3. Indicadores	26
3.3. Métodos de la investigación.....	27
3.4. Diseño o esquema de la investigación	27
3.5. Población y muestra	27
3.5.1. Población.....	27
3.5.2. Muestra.....	27
3.6. Actividades del proceso investigativo.....	27
3.6.1. Recolección de Muestras.....	27

3.6.2. Elaboración de Fichas taxonómicas	29
3.7. Técnicas e instrumentos de la investigación	29
3.7.1. Extracción de ADN.....	29
3.7.2. Cuantificación de ADN.....	30
3.7.3. Amplificación del ADN	30
3.7.4. Secuenciación.....	30
3.8. Procedimiento para recolección de datos	31
3.8.1. Edición de secuencias	31
3.8.2. Identificación de las secuencias en BOLD.....	31
3.8.3. Elaboración de la matriz general de secuencias	31
3.8.4. Ingreso de datos en BOLD SYSTEMS	31
3.8.5. Análisis de distancias	31
3.8.6. Análisis de <i>barcode gap</i>	32
3.8.7. Análisis filogenético.....	32
3.8.8. Análisis de delimitación de especies.....	32
CAPITULO IV	34
RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	34
4.1. Resultados	34
4.1.1. Identificación taxonómica	34
4.1.2. Distancias genéticas	38
4.1.3. Barcode gap.....	52
4.1.4. Delimitación de MOTUs.....	54
4.1.5. Fichas Taxonómicas	60
4.2. Discusión.....	60
Identificación taxonómica	60
Distancias genéticas	60
Barcode gap.....	62
Delimitación de MOTUs.....	62
ADN Barcode para la Gestión de la Conservación	65
CAPITULO V	69
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	69

5.1. Conclusiones	69
5.2. Recomendaciones.....	69
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	70
ANEXO 1:.....	83
FICHAS TAXONÓMICAS	83

LISTA DE TABLAS

Pág.

Tabla 1.. Matriz de operacionalización de variables.....	26
Tabla 2. Primers usados en la amplificación del gen <i>COI</i> en peces marinos.	30
Tabla 3. Clasificación taxonómica de la familia Carangidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.	34
Tabla 4. Clasificación taxonómica de la familia Haemulidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.	35
Tabla 5. Clasificación taxonómica de la familia Sciaenidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.	36
Tabla 6. Clasificación taxonómica de la familia Serranidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.	37
Tabla 7. Composición nucleotídica de las cuatro familias analizadas.....	38
Tabla 8. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Carangidae.....	44
Tabla 9. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del <i>COI</i> , siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la Familia Carangidae.....	45
Tabla 10. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Haemulidae.....	46
Tabla 11. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del <i>COI</i> , siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la familia Haemulidae.	47
Tabla 12. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Sciaenidae.....	48
Tabla 13. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del <i>COI</i> , siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la familia Sciaenidae.	49
Tabla 14. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Serranidae.....	50

Tabla 15. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del *COI*, siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la familia Serranidae..... 51

LISTA DE FIGURAS

Pág.

Figura 1: <i>Selene peruviana</i> (Guichenot, 1866), un representante de la familia Carangidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).	19
Figura 2: <i>Orthopristis chalceus</i> (Günther, 1864), un representante de la familia Haemulidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).	20
Figura 3: <i>Larimus pacificus</i> (Jordan & Bollman, 1890), un representante de la familia Scianidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).	20
Figura 4: <i>Pronotogrammus multifasciatus</i> (Gill, 1863), un representante de la familia Serranidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).	22
Figura 5: Ubicación de las estaciones de muestreos de peces marinos en el litoral de la región Tumbes (Fuente: Google Maps).	28
Figura 6. Árbol Neighbour - joining de Secuencias <i>COI</i> de especies de la familia Carangidae. .	40
Figura 7. Árbol Neighbour - joining de Secuencias <i>COI</i> de especies de la familia Haemulidae.	41
Figura 8. Árbol Neighbour - joining de Secuencias <i>COI</i> de especies de la familia Scianidae.	42
Figura 9. Árbol Neighbour - joining de Secuencias <i>COI</i> de especies de la familia Serranidae. ..	43
Figura 10. Barcode gap de la familia Carangidae, generado de la comparación entre la distancia máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.	52
Figura 11. Barcode gap para la familia Haemulidae, generado de la comparación entre la distancia máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.	53
Figura 12. Barcode gap para la familia Sciaenidae, generado de la comparación entre la distancia máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.	53
Figura 13. Barcode gap para la familia Serranidae, generado de la comparación máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.	54

Figura 14. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Carangidae.....	56
Figura 15. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Haemulidae.....	57
Figura 16. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Sciaenidae.....	58
Figura 17. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Serranidae.....	59

RESUMEN

El orden Perciformes es un grupo taxonómico poco estudiado en el Perú, cuyas especies tienen un alto valor por representar un recurso importante para las pesquerías. En ese sentido, la finalidad del presente estudio fue identificar molecularmente a 4 familias de peces marinos del orden Perciformes, procedentes de la Región Tumbes, mediante la técnica del ADN Barcode. Para ello, se colectaron 398 individuos pertenecientes a las familias Carangidae (19 especies), Haemulidae (16 especies), Sciaenidae (29), Serranidae (22 especies). Los análisis morfológicos se realizaron utilizando claves taxonómicas; mientras que, la identificación molecular se realizó por medio del secuenciamiento nucleotídico de un fragmento del gen mitocondrial *COI*. Se empleó el modelo evolutivo de NJ y el modelo de sustitución nucleotídicas de Kimura 2 parámetros para construir los árboles filogenéticos. Las distancias intraespecíficas K2P de todas las Familias analizadas estuvieron en un rango de 0 - 2.04%, mientras que las distancias interespecíficas tuvieron un rango de 0 – 0.31%. Además, se realizaron análisis de delimitación de especies con los métodos PTP, bPTP, ABGD y GMYC para confirmar los grupos de secuencias de las designaciones de especies por taxonomía. El presente estudio demostró la utilidad del método ADN Barcode, basado en el gen *COI*, para caracterizar las especies de peces marinos del orden Perciformes. La información presentada representa el primer estudio molecular de las 4 familias y sirve como una base científica para implementar medidas de gestión y conservación de la biodiversidad de peces del orden Perciformes, tanto en la región Tumbes como en otras localidades.

Palabras claves: ADN Barcode, taxonomía, delimitación de especies, Perciformes.

ABSTRACT

The Perciformes order is a taxonomic group little studied in Peru, whose species have a high value because they represent an important resource for fisheries. In this sense, the purpose of this study was to molecularly identify 4 families of marine fish of the order Perciformes, from the Tumbes Region, by means of the Barcode DNA technique. For this purpose, 398 individuals belonging to the families Carangidae (19 species), Haemulidae (16 species), Sciaenidae (29), Serranidae (22 species) were collected. Morphological analyses were performed using taxonomic keys; whereas, molecular identification was performed by nucleotide sequencing of a fragment of the mitochondrial *COI* gene. The evolutionary model of NJ and the nucleotide substitution model of Kimura 2 parameters were used to construct the phylogenetic trees. Intraspecific K2P distances of all Families analyzed ranged from 0 - 2.04%, while interspecific distances ranged from 0 - 0.31%. In addition, species delimitation analyses were performed using the PTP, bPTP, ABGD and GMYC methods to confirm the sequence groups of species designations by taxonomy. The present study demonstrated the utility of the DNA Barcode method, based on the *COI* gene, to characterize marine fish species. The information presented represents the first molecular study of the 4 families and serves as a scientific basis for implementing management and conservation measures for the biodiversity of fishes of the order Perciformes, both in the Tumbes region and in other localities.

Key words: DNA Barcode, taxonomy, species delimitation, Perciformes.

INTRODUCCIÓN

El Perú es el cuarto país del mundo con mayor diversidad biológica, tanto en ecosistemas, diversidad de especies y recursos genéticos (Jiménez *et al.*, 2017, p. 12); sin embargo, el conocimiento y el interés por la conservación de la biodiversidad es sumamente escaso (Tarazona *et al.*, 2003, p. 206). Dentro de ella, se reconoce mundialmente al mar peruano por su diversidad y la abundancia de recursos hidrobiológicos, principalmente pelágicos, siendo los más importantes *Engraulis ringens* (anchoveta), *Trachurus murphyi* (jurel) y *Scomber japonicus* (caballa).

Esta gran diversidad promueve el desarrollo económico del país a través de la pesca industrial para la producción de materias primas, como harina y aceite de pescado; asimismo, es el sustento económico para muchas familias, que tienen como principal fuente de ingresos a la pesca artesanal (Álvarez-González *et al.*, 2022, p. 8). Además, la biodiversidad proporciona servicios ecosistémicos, desempeñando así un papel sustancial en el equilibrio y funcionamiento de los ecosistemas (Muñoz *et al.*, 2013, p. 234).

A pesar de la abundancia de recursos hidrobiológicos, algunas especies se encuentran amenazadas, debido a la pesca indiscriminada y la contaminación de las zonas costeras, lo que aumenta la necesidad de implementar medidas para la conservación de la biodiversidad marina (Binpeng *et al.*, 2018, p. 10). Para ello, es necesario conocer la diversidad de especies, tanto de peces marinos y continentales, con la finalidad de contar con una guía para el manejo de sus pesquerías y la preservación de estos recursos (Caiafa, Narvaéz & Acero, 2018, p. 122). Es aquí donde los métodos moleculares surgen como una nueva columna para sostener el enfoque de la taxonomía integradora, aunque sin pretender sustituir la taxonomía morfológica tradicional (Ribeiro *et al.*, 2012, p. 1012).

De igual manera, la taxonomía integradora desempeña un rol esencial en el proceso completo de identificación de las especies. Este aspecto es de gran importancia en términos de la preservación de la diversidad biológica, ya que resulta difícil conservar eficazmente lo que no se ha comprendido en su totalidad. Por lo tanto, se convierte en una herramienta crucial para respaldar los esfuerzos de Perú en el cumplimiento de los compromisos establecidos en el Convenio sobre Diversidad Biológica (von May *et al.*, 2012, p. 356).

Es por ello que, el código de barras del ADN se ha propuesto como un complemento en la identificación de especies, sirviendo también como una herramienta de gestión para el control de los recursos acuáticos, con lo cual se logra delimitar y en algunos casos autenticar especies de importancia en la pesca (Torres, Feitosa & Carvahlo, 2013, p. 410). Esta técnica permite la identificación rápida de especies a través del uso de marcadores genéticos estandarizados, lo cual genera un código de barras único que finalmente es otorgado a cada especie (Hebert & Gregory, 2005, p. 859). Para que estos marcadores sean considerados como genes Barcode, es necesario que cumplan tres condiciones: 1) poseer suficiente variación en las secuencias para ser distinguidas al nivel de especie, 2) ser secuencias relativamente cortas y 3) tener regiones franqueables conservadas para desarrollar primer universales (Kress & Erickson, 2008, p. 2761).

La herramienta de ADN Barcode también resulta importante pues mediante ella se pueden elaborar catálogos de biodiversidad de una manera rápida, económica y confiable (De Salle, 2006, P. 1546; Miya *et al.*, 2015, p.2), ya que, al hacer una identificación precisa de los peces, contribuye a la gestión sostenible de estos recursos a largo plazo (Wang, 2019, p. 1).

El presente estudio se llevó a cabo en el área costera de la región Tumbes, una zona que posee un elevado potencial en el sector pesquero debido a su rica diversidad de especies, debido a su ubicación en una zona de transición, caracterizada por la confluencia de corrientes de aguas cálidas y frías. Esta área se encuentra geográficamente situada entre dos importantes provincias biogeográficas: la Provincia del Pacífico Sur Oriental Templado (también conocida como Provincia Peruana), que está vinculada a la corriente de Humboldt; y la Provincia Pacífico Oriental Tropical (Panámica) (Barahona, 2017, p. 16), que se extiende desde el norte del departamento de Piura hasta Jalisco y la zona sur de la Península de Baja California en México (SERNANP, 2018, p. 29). Debido a las condiciones únicas de la zona marina de Tumbes, es posible encontrar especies endémicas que solo se encuentran en esta región (Cutipa-Luque *et al.*, 2020, p. 10).

La identificación taxonómica, en principio, es fundamental para el conocimiento básico de la biodiversidad, así como la evaluación de impacto ambiental en zonas protegidas, estudios biogeográficos y representa también una herramienta para la administración de los recursos pesqueros (Rodríguez *et al.*, 2008, p. 1). Por esta razón, el estudio tuvo por finalidad la identificación precisa a nivel molecular de 4 familias de peces marinos del orden Perciformes,

colectados en los mares de la región Tumbes, mediante la técnica del ADN Barcode y de esta manera contribuir con los programas de investigación sobre biodiversidad.

CAPITULO I

PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

1.1 Planteamiento y fundamentación del problema de investigación

El Perú se distingue como una región privilegiada debido a su vasta diversidad de recursos naturales, particularmente en los ecosistemas marinos. Esto se hace evidente en la región norte del país, en el departamento de Tumbes, donde se ubica una zona de transición, denominada de esta manera debido a la notable influencia conjunta de las corrientes cálidas provenientes de Ecuador y las corrientes costeras frías del Perú (Luque, 2008, p. 1).

La necesidad de la conservación y gestión de las especies obliga a conocer el número de especies y sus poblaciones, con la finalidad de implementar estrategias que permitan garantizar su explotación sostenible. Sin embargo, considerando los problemas que enfrentan las pesquerías, relacionadas con la sobreexplotación de las especies y la fauna acompañante, resulta necesario identificar los recursos pesqueros y también aquellas especies que comparten el mismo hábitat. Esto se debe, a que la explotación pesquera de un recurso específico tiene un impacto directo o indirecto en todos los elementos que componen su ecosistema. Cabe resaltar que, los peces capturados desempeñan un papel fundamental en la cadena trófica, ya sea como consumidores o como presas; por lo tanto, cualquier perturbación en esta pesquería puede tener repercusiones en todo el equilibrio del ecosistema marino (Caillaux, 2011, p. 6). En este escenario, con la disminución significativa de la biodiversidad por la sobreexplotación de las pesquerías, la extinción de las especies se incrementaría; por lo cual surge la necesidad de conservar la biodiversidad marina (Bingpeng *et al.*, 2018, p. 10).

En este contexto, el conocimiento de las especies es de suma importancia y en donde su descripción y clasificación basadas en características morfológicas enfrentan desafíos debido a la flexibilidad fenotípica y la variabilidad genética, factores que pueden dificultar la identificación precisa de los rasgos distintivos (Ribeiro *et al.*, 2012, p. 1012). Bajo esta perspectiva, los sistemas de identificación microgenómica, que posibilitan la discriminación de organismos a través del análisis de fragmentos genómicos reducidos, emergen como una

estrategia altamente promisorio para abordar el diagnóstico de la diversidad biológica (Hebert *et al.*, 2003, p. 313).

En la última década, se han observado notables avances en el empleo de técnicas de análisis de ADN para la identificación de especies acuáticas (Zelada *et al.*, 2022, p. 13; Marín *et al.*, 2021, p. 2; Ramírez *et al.*, 2021, p. 3). Sin embargo, a pesar de estos avances, aún existe un uso limitado de estas técnicas en la gestión de la pesca y la acuicultura. Lo que conlleva a la necesidad de desarrollar estrategias efectivas para identificar especies hidrobiológicas, dirigidas a contribuir con el conocimiento de la diversidad y también con fines comerciales; por ejemplo, como soporte para combatir la pesca ilegal (Martinson *et al.*, 2018, p. 2).

La costa de la región Tumbes, y en particular los manglares, representa un ecosistema ampliamente conocido por su elevada productividad primaria y su diversidad biológica (Deng *et al.*, 2021, p. 3). Por ello, para conservarla y para hacer una gestión adecuada en beneficio de la sociedad y de la naturaleza, es primordial conocer la identidad correcta de las especies; y en donde la identificación molecular utilizando ADN Barcode sería una alternativa para la identificación rápida de las especies de peces marinos. Además, los estudios de sistematización mediante esta herramienta permiten valorizar las especies por los servicios ecosistémicos que proporcionan, y a largo plazo ayudan a frenar la pérdida de la biodiversidad, contribuyendo con la conservación biológica (Huertas, Sanín & Cataño, 2018, p. 73).

1.2 Antecedentes de la investigación

Los ecosistemas acuáticos dominan más del 70% de la superficie terrestre y engloban una amplia diversidad de entornos, que incluyen hábitats de agua dulce, salobre y marina. Estos hábitats albergan una parte sustancial de la riqueza biológica global, lo cual se entiende mejor si tenemos en cuenta que la vida se originó en estos entornos hace alrededor de 3,500 millones de años (Serrato, Cornejo & Amilpa; 2013, p. 6).

La región de Sudamérica alberga la fauna de peces de aguas continentales y marinas más diversa del mundo, con estimaciones actuales que sugieren la presencia de alrededor de 9,100 especies (Reis *et al.*, 2016, p. 33). La biodiversidad marina, que se refiere a la variedad de formas de vida en los océanos, abarca todos los niveles de organización, desde los genes hasta la biósfera, incluyendo especies, poblaciones, comunidades y ecosistemas. Esta biodiversidad

marina desempeña un papel fundamental al proporcionar protección, recursos alimentarios, materiales y fuentes para medicamentos, lo que la convierte en un elemento esencial para el desarrollo social, económico e intelectual de las sociedades (Mancera, Gavio & Lasso, 2013, p. 111).

En la zona de Tumbes, se ha identificado un total de 248 especies de peces marinos utilizando técnicas de taxonomía convencional que representa el 35.4% del total de especies de peces reportados en el Perú y pertenecen a 23 órdenes, 80 familias y 156 géneros; algunas de ellas son endémicas y poco comunes, lo que demuestra el notable potencial de los recursos marinos en esta región (Luque, 2008, p. 5). Además, Tumbes alberga aproximadamente el 70% de todas las especies que habitan en los arrecifes rocosos de la costa peruana. Muchas de estas especies son pequeñas, se refugian entre las rocas y tienen poblaciones de baja densidad (Hooker, 2009, p. 33).

La identificación de especies es importante en muchos campos de la investigación biológica, además, suma esfuerzos en la comunidad dedicada a la conservación. Por lo general, los métodos de identificación y clasificación de peces han sido basados en caracteres morfológicamente visibles (Nelson, 2006, p. 8; Packer *et al.*, 2009, p. 43); pero que, en los ambientes marinos, presenta desventajas debido a los diferentes estadios de vida de las especies y la presencia de especies crípticas (Trivedi *et al.*, 2016, p. 162).

Esta problemática puede ser solucionada al aplicar una técnica sencilla y confiable, como lo es el código de barras de ADN, que utiliza la sub unidad I del gen mitocondrial citocromo oxidasa (*COI*), presente en todos los organismos, siendo variable y específico para cada especie animal (Márquez, 2015, p. 39). Este marcador es usado como un sistema de identificación eficiente y confiable para una variedad de aplicaciones, como en el manejo de pesquerías, evaluaciones de biodiversidad y conservación (Shen *et al.*, 2016, p. 2).

Luego de un período de más de diez años de investigación científica, se ha acumulado un sólido respaldo de estudios enfocados en una variedad de grupos biológicos, que incluyen invertebrados, aves, peces y otros organismos. Un ejemplo ilustrativo de este esfuerzo es la creación de bibliotecas de códigos de ADN para peces en diferentes países, como Australia, Argentina, Brasil, Canadá, Cuba y México. Estas bibliotecas albergan una impresionante

cantidad de más de 5 millones de secuencias genéticas, todas disponibles en la base de datos "The Barcode of Life Data Systems (BOLD)" (Vera, Jiménez & Franco; 2012, p. 200).

De acuerdo al trabajo de Lakra *et al.* (2015, p. 7), se ha comprobado la eficacia del gen *COI* como herramienta para la identificación de especies de peces de agua dulce en la India mediante la asignación de códigos de barras. En este estudio, todas las especies de peces de agua dulce investigadas presentaron secuencias únicas y claramente distintas entre sí. Por otro lado, un estudio sobre la ictiofauna en Nigeria combinó enfoques morfológicos y moleculares, llegando a la conclusión de que el uso del código de barras de ADN fue fundamental para identificar las especies de peces en la región central y septentrional de Nigeria, lo que simplificó la investigación taxonómica y reveló la riqueza de biodiversidad (Iyiola *et al.*, 2018, p. 14).

Seyhan y Turan (2016, p. 40), validaron la eficacia del gen *COI* en la identificación de especies pertenecientes al grupo de los Scombridos, lo que demuestra que los códigos de barras genéticos pueden ser adoptados como un enfoque práctico para lograr una identificación definitiva de las especies presentes en las aguas marinas de Turquía. Estos resultados tienen implicaciones significativas en términos de la gestión y conservación de los recursos marinos en la región.

En el Sur de China, se han realizado varios estudios con el ADN Barcode en especies de peces marinos para desarrollar una biblioteca de códigos de barras de ADN confiable para peces del orden Perciformes (Hou *et al.*, 2017, p. 141; Xiong *et al.*, 2019, p. 1202; Tang *et al.*, 2023, p. 1).

En la provincia de Gansu-China, Wang *et al.* (2015, p. 312), identificaron la gran mayoría de especies de peces, determinando la biodiversidad para varios taxones, proporcionando así la base para su protección. Asimismo, se demostró en Corea, la utilidad de los códigos de barras de ADN como una herramienta para las evaluaciones de etiquetados incorrectos en mariscos, en restaurantes y productos elaborados como conservas (Do *et al.*, 2019, p. 11).

Además, Zhang y Hanner (2011, p. 40), probaron la eficacia de la identificación de especies mediante código de barras de ADN empleando 229 secuencias de 158 peces marinos de Japón, no encontrando superposiciones entre las distancias intraespecíficas e interespecíficas de K2P,

y todas las secuencias estudiadas formaron unidades de especies en el dendograma de Neighbor-joining.

Karahan et al. (2017, p. 7), llevaron a cabo una evaluación de la aplicabilidad de los códigos de barras de ADN como una herramienta en el ámbito de la biodiversidad y la conservación, con el propósito de identificar la fauna de peces en la región del sureste del Mediterráneo en Israel. Este estudio se enfocó en establecer una base sólida para investigaciones posteriores que harán uso del ADN ambiental (eADN) para monitorear tanto especies nativas como invasoras.

Una investigación realizada en México ha confirmado la efectividad del código de barras de ADN en la identificación de ejemplares de huevos y larvas de peces, una tarea especialmente difícil en entornos marinos. Este avance se ha convertido en una herramienta invaluable para la gestión de la pesca, contribuyendo de manera significativa a la protección de áreas de cría y desove, en particular para las especies de interés económico o deportivo (Valdez-Moreno *et al.*, 2010, p. 669).

Además, en un estudio llevado a cabo en Brasil, puso a prueba el código de barras del ADN como una herramienta altamente efectiva para la vigilancia de la pesca ilegal y el comercio ilícito de *Epinephelus*, conocido como "mero", incluyendo al "mero goliath", una especie en peligro de extinción (Torres *et al.*, 2013, p. 417). En el Estado de Sao Paulo, Brasil, se llevaron a cabo investigaciones centradas en la identificación de especies de peces marinos, confirmando la utilidad del código de barras del ADN como una herramienta molecular altamente competente para diferenciar y catalogar de manera precisa la mayoría de las especies de peces marinos. Esto representa un paso inicial en la comprensión de la diversidad genética (Ribeiro *et al.*, 2012, p. 7).

Asimismo, un estudio que aborda la ictiofauna del Delta de Parnaíba en Brasil ha recopilado información inicial sobre la diversidad de peces mediante la aplicación del código del ADN Barcoding. Este avance representa un hito significativo en la preparación para la implementación de medidas eficaces destinadas a la conservación y al aprovechamiento sostenible de la biodiversidad y los recursos acuáticos en la región (Guimarães *et al.*, 2019, p. 2).

Steinke, Connell y Hebert (2016, p. 965), demuestran que el código de barras de ADN puede proporcionar, regularmente, identificaciones a nivel de especie para peces marinos, validando aún más la efectividad del gen *COI* como el núcleo de un sistema de identificación basado en ADN para peces.

Adicionalmente, se empleó el código de barras con el propósito de llevar a cabo la identificación de especies de peces, así como para analizar la diversidad genética y la estructura poblacional de dos géneros de gran importancia, *Lutjanus* spp. y *Caranx* spp., presentes en las principales áreas de pesca de la bahía de Cartagena, Colombia (Escobar, Luna & Caballero, 2018, p. 3).

En países catalogados como megabiodiversos, como es el caso de Ecuador, la producción de conocimiento biológico todavía se encuentra en niveles subóptimos. Aunque ha habido un aumento en la generación de información en las últimas dos décadas, el objetivo principal es poder medir con precisión la verdadera riqueza biológica que poseen y comprender a fondo la importancia de los procesos ecológicos y evolutivos que operan en los diversos niveles de organización biológica (Altamirano & Yáñez; 2016, p. 11).

A pesar de la abundante biodiversidad que se encuentra en el Perú, se ha llevado a cabo una cantidad limitada de investigaciones en el campo de la genética de los peces. Esto posiblemente se deba a la escasez de recursos económicos, falta de motivación o insuficiente interés en la aplicación de estos conocimientos. Sin embargo, es imperativo fomentar más estudios en este campo, ya que son fundamentales para lograr un estado ecológico óptimo en los mares, preservar los ecosistemas marinos y promover un uso sostenible de los mismos.

Rosas *et al.* (2018, p. 5), realizaron un estudio de código de barras de ADN para investigar la diversidad de peces marinos de la familia Scianidae en el Perú, construyendo una biblioteca de referencia de código de barras de ADN, para complementar las evaluaciones del ambiente marino.

Para garantizar la conservación efectiva de los variados ecosistemas, es esencial contar con datos sobre la diversidad de especies, su abundancia y su importancia en el contexto ecológico (Pavan *et al.*, 2016, p. 296). En este sentido, la utilización del código de ADN desempeña un

papel crucial al proporcionar información valiosa. Esta información puede ser utilizada para identificar las áreas prioritarias de conservación y evaluar la efectividad de las medidas de conservación ya implementadas. Con base en estos datos, es posible desarrollar nuevas políticas y estrategias de conservación (Krishnamurthy & Francis, 2012, p. 1903).

Por lo tanto, mediante el uso de esta herramienta molecular para la identificación de peces se busca realizar un levantamiento de la diversidad ictiológica y contribuir así al reconocimiento de la biodiversidad marina de la región Tumbes.

1.3 Formulación del problema de investigación

¿Cuál es la identidad molecular de los peces marinos de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae, mediante la técnica del ADN Barcode?

1.4 Delimitación del estudio

El presente trabajo de investigación pertenece a un proyecto ganador de FONDECYT-IMARPE N°192-2015 denominado “Identificación molecular de ADN de la diversidad ictiológica de los ambientes marinos, de manglar y continental del departamento de Tumbes”, en el cual la tesis se enmarcó en la identificación de cuatro familias de peces marinos tales como: Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae. Mediante la metodología del ADN Barcode, se hizo una identificación precisa que será útil en el momento de adoptar criterios en la gestión y conservación de especies sujetas a explotación en dicha región.

1.5 Justificación e importancia de la investigación

Una de las principales preocupaciones en la conservación y gestión de recursos es la sobreexplotación, pero, existe poco conocimiento sobre todas las especies que son aprovechadas por el sector pesquero de mayor escala y artesanal; presentándose características fenotípicas similares de ciertas especies ícticas, hecho que sirve de ventaja para hacer pasar una determinada especie por otra, con la finalidad de incumplir las normas de gestión de los recursos pesqueros.

La Ley N° 26839 establece disposiciones para la preservación de la diversidad biológica y la utilización sostenible de sus componentes, en línea con los preceptos de los artículos 66 y 68 de la Constitución Política del Perú. Uno de los aspectos abordados en esta legislación, es la

promoción de la educación, el intercambio de información, el desarrollo de la capacidad de los recursos humanos, la investigación científica y la transferencia de tecnología. En consonancia con esta normativa nacional, el presente estudio se enmarca en el contexto peruano y contribuye al entendimiento de la biodiversidad, con el propósito de fortalecer la gestión y el uso sostenible de los recursos pesqueros.

La Política Nacional del Ambiente tiene como propósito fundamental, mejorar la calidad de vida de la población al garantizar la existencia a largo plazo de ecosistemas saludables, viables y funcionales. Dentro de uno de sus ejes temáticos centrado en la Conservación y Aprovechamiento Sostenible de los Recursos Naturales y la Diversidad Biológica, se enfatiza la necesidad de fortalecer la gestión integrada de las zonas marino-costeras y sus recursos, adoptando un enfoque ecosistémico (MINAM, 2009, p. 21). En este estudio, el objetivo principal se centra en la investigación de la biodiversidad en la región norte del Perú, con el propósito de contribuir a la conservación de especies de peces que aún carecen de valor económico. Esto es relevante debido a su función crucial como reguladores energéticos en la cadena trófica y como facilitadores del reciclaje de nutrientes entre los distintos componentes del ecosistema (Muñoz *et al.*, 2013, p. 214).

Los estudios de Luque (2008, p. 16) y Chirichigno (2001, p. 314), han identificado mediante taxonomía tradicional las especies existentes en el Manglar de Tumbes; pero al basarse ésta en las características morfológicas (fenotipo), que frecuentemente dependen del estadio de vida de la especie, se podría estar presentando errores de clasificación taxonómica en ciertos casos. En este sentido, se requiere de herramientas más precisas para la identificación y clasificación de las especies ícticas.

Los códigos de barras de ADN ayudarían a caracterizar y digitalizar rápidamente la diversidad de peces marinos, pudiendo ser aplicada en la gestión y conservación de las pesquerías marinas. A pesar de algunas limitaciones, el código de ADN ha demostrado ser el método más exitoso para la identificación de especies de peces marinos. Los rápidos avances en la informática y la tecnología de secuenciación harán que los dispositivos móviles de códigos de barras de ADN sean una realidad en la próxima década (Pavan *et al.*, 2016, p. 295). Así mismo, el ADN Barcode permitirá identificar especies marinas en peligro de extinción.

El ADN Barcode tiene la capacidad de discernir la identidad taxonómica de una especie que forma parte de un grupo de especies crípticas. En muchos casos, especies morfológicamente similares pueden tener una amplia distribución geográfica. A pesar de esta dispersión, no siempre es evidente si las diferentes poblaciones a lo largo de gradientes geográficos o latitudinales han experimentado cambios suficientes para ser consideradas especies distintas desde el punto de vista taxonómico. Este desafío resalta la importancia del descubrimiento de especies crípticas, ya que contribuye significativamente a nuestro conocimiento y a una estimación más precisa de la biodiversidad en ámbitos locales, regionales y continentales (Altamirano & Yáñez, 2016, p. 8). Además, estos datos moleculares resultantes nos proporcionarán información valiosa para el desarrollo de estrategias de conservación y gestión de los recursos marinos.

En la Ley N° 29811 se contempla "... generar las líneas de base, que permitan una adecuada evaluación, prevención y gestión de los impactos potenciales sobre la biodiversidad nativa ...". En concordancia, la presente investigación ha permitido identificar correctamente a las especies de peces marinos que se encuentran en la línea costera de la región Tumbes mediante herramientas moleculares. El conocimiento generado ayudará a la conservación y provee datos que servirán para implementar nuevas políticas de uso sostenible de la biodiversidad en la región Tumbes.

Este trabajo abarcó la identificación molecular de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae de la región Tumbes, fortaleciendo una nueva línea de investigación en esta región mediante la metodología del ADN Barcode. Esta técnica resulta una herramienta poderosa y fácil de implementar para la identificación de especies, y como complemento en los esfuerzos de conservación y gestión de especies sujetas a explotación. Además, nuestros resultados contribuyen al crecimiento de la base de datos de referencia "Barcode of Life Data System", la cual es de utilidad para investigadores en el área de identificación molecular, y otros campos afines, a nivel global.

1.6 Objetivos de la investigación

1.6.1 Objetivo general

Identificar molecularmente a los peces marinos (familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae) mediante la técnica del ADN Barcode para el uso en la gestión y conservación de la biodiversidad en la región Tumbes.

1.6.2 Objetivos específicos

Identificar las especies de peces de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae presentes en la región Tumbes, mediante claves taxonómicas.

Determinar las distancias genéticas interespecífica e intraespecífica de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae utilizando el gen *COI*.

Delimitar los MOTUs a las especies de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae mediante los análisis de Poisson Tree Processes (PTP), Bayesian Poisson Tree Process (bPTP), Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD) y Modelo General Mixto Yule Coalescente (GMYC).

Elaborar fichas taxonómicas de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae; para el uso en la gestión y conservación de los peces marinos de la región Tumbes.

CAPITULO II

MARCO TEÓRICO

2.1. Fundamentos teóricos de la investigación

2.1.1 Taxonomía tradicional

La taxonomía es el campo de estudio dedicado a la clasificación y denominación de todos los seres vivos que habitan en nuestro planeta (Altamirano & Yáñez, 2016, p. 12). Su objetivo primordial radica en la creación de una estructura de organización de los organismos vivos, que se basa en la evaluación jerarquizada de sus características y dependencias mutuas (Alvarado, 1990, p. 12).

Carl Linnaeus revolucionó la manera en que se clasifican los seres vivos y realizó una contribución trascendental al conocimiento a través de su obra "Systema Naturae". En esta obra, propuso un sistema de clasificación jerárquico que agrupa a los seres vivos en categorías taxonómicas basadas en similitudes anatómicas. Este sistema, que todavía se utiliza ampliamente en la actualidad, ha proporcionado un marco sólido para la organización del mundo natural. En su segunda obra, Linnaeus introdujo el sistema binomial de nomenclatura, que asigna un nombre único en latín a cada especie. En la actualidad, siguiendo este sistema de nomenclatura, se describen entre 16,000 y 20,000 especies de animales nuevas para la ciencia cada año, según la International Commission on Zoological Nomenclature (ICZN) (De la Cadena, 2016, p. 7).

En este contexto, la taxonomía convencional se fundamenta en la evaluación de los fenotipos, que son las características morfológicas visibles que distinguen a una especie de otra. Estos fenotipos comprenden las partes observables o atributos de los organismos y representan la unidad principal en el análisis sistemático (Bañón, 2016, p. 29).

La identificación de las especies de peces se ha basado tradicionalmente en la observación de características morfológicas externas, que abarcan aspectos como la forma del cuerpo, el patrón de colores, el tamaño, la disposición y características de las aletas, así como el número y tipo de rayos en las aletas, además de diversas medidas relativas de partes corporales. Por otra

parte, los otolitos también se utilizan para la identificación de especies de peces, incluso en contextos de estudio de fósiles. Es relevante mencionar que existen recursos en línea que ofrecen información detallada sobre la morfología de los peces, como el sitio web www.fishbase.org, o incluso información más específica sobre los otolitos en www.pescabase.org (Rajeshkannan, 2017, p. 10).

Por otro lado, la "taxonomía integrada" se caracteriza por la utilización de diversas fuentes de caracteres, incluyendo el ADN, para descubrir, delimitar e identificar especies y taxones naturales en todos los niveles. Dentro de este enfoque, el ADN Barcode desempeña un papel fundamental al agilizar el proceso de identificación, particularmente en grupos de organismos extremadamente diversos. Es importante destacar que el ADN Barcode no sustituye ni compete con la taxonomía clásica, sino que complementa de manera significativa su labor (Lanteri, 2007, p. 19).

Por lo tanto, es de suma importancia lograr una identificación precisa de los diversos organismos que ocupan una determinada área, ya que esto es fundamental para comprender, valorar y preservar su biodiversidad. En la época actual, determinar si una especie se encuentra en peligro de extinción resulta un desafío complejo, a menos que se hayan llevado a cabo investigaciones científicas que incluyan una identificación taxonómica precisa de la especie en cuestión. Por esta razón, es esencial proporcionar formación a los expertos en taxonomía en el uso del ADN Barcode (Altamirano & Yáñez, 2016, p. 12).

2.1.2 Marcadores moleculares en la identificación de los peces

Un marcador molecular se refiere a cualquier molécula de proteína, ARN o ADN con un tamaño o peso molecular conocido, que se emplea para supervisar o ajustar la separación de muestras mediante técnicas como la electroforesis convencional, la electroforesis de capilar o la cromatografía (Flores, 2018, p. 17).

Estas herramientas se han aplicado de diversas maneras, abordando una amplia gama de cuestiones que incluyen la taxonomía, el mejoramiento genético de especies, la investigación de variaciones en el genoma, análisis filogenéticos y evolutivos, así como la identificación de polimorfismos en poblaciones y la evaluación de poblaciones y lotes de peces. Un ejemplo que

ilustra su utilidad es su aplicación en programas de repoblamiento de peces, donde el monitoreo genético desempeña un papel crucial en la preservación de la diversidad genética (Povh *et al.*, 2008, p. 7).

Entre las técnicas más utilizadas que emplean marcadores moleculares basados en el análisis de ácidos nucleicos, se destacan el RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), el RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), los STS (Sequence Tagged Sites), los minisatélites, los microsátélites o SSR (Simple Sequence Repeats), los SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions), la PCR (Polymerase Chain Reaction) con cebadores específicos, el ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), el QTL (Quantitative Trait Locus), el SNP (Single Nucleotide Polymorphism), entre otros (Gasques, Beloni & Oliveira, 2013, p. 48). Estas técnicas se han aplicado de manera extensa y la elección adecuada de uno de estos métodos moleculares depende de la naturaleza de la problemática que se busca resolver (Moreira, 2016, p. 23).

2.1.3 Gen Citocromo Oxidasa I – *COI*:

El gen mitocondrial conocido como citocromo oxidasa I (*COI*) constituye la subunidad principal del complejo citocromo C oxidasa, que es un complejo proteico presente en las bicapas lipídicas de bacterias y en la mitocondria de organismos eucariotas. Esta enzima desempeña un papel crucial en la cadena de transporte de electrones respiratorios. Con frecuencia, se utiliza como un marcador de ADN tipo código de barras para la identificación de especies animales, ya que su secuencia posee una baja variación dentro de especies pertenecientes al mismo género y una alta variabilidad entre distintas especies. Además, este gen se caracteriza por su alta conservación (Daza, 2018, p. 19; Álvarez, 2012, p.30).

El gen citocromo oxidasa I (*COI*), como marcador molecular que forma parte de las subunidades del ADN mitocondrial, presenta una serie de características que lo posicionan como uno de los marcadores moleculares más eficaces para llevar a cabo investigaciones relacionadas con la evolución. Entre estas características se destaca la longitud del gen, que es la más extensa entre las tres subunidades del citocromo oxidasa, lo que permite la amplificación y secuenciación de un mayor número de caracteres o nucleótidos. Además, este gen cuenta con extremos altamente conservados que facilitan la utilización de cebadores universales,

permitiendo así la realización de comparaciones y la obtención de conclusiones sólidas en diversos tipos de análisis (Salinas, 2010, p. 29).

Por consiguiente, es más apropiado enfocarse en el análisis del ADN mitocondrial (ADNmt) debido a su relativa abundancia en comparación con el ADN nuclear (ADNn). Además, la estructura circular del ADNmt le confiere una mayor resistencia a la degradación inducida por el calor. Cabe destacar que el ADNmt se hereda de manera materna y, en todos los vertebrados, carece de recombinación, lo que significa que su secuencia es más conservadora. Por lo tanto, el ADNmt se ha utilizado ampliamente en la identificación de especies, incluso en muestras que puedan contener material genético potencialmente degradado (Aguilar, Alonso & Barrero, 2012, p. 369).

La utilización de las secuencias del gen Citocromo C oxidasa subunidad I (*COI*) como la región estándar para el ADN Barcode ha posibilitado la obtención de información sobre la identidad específica de los peces de manera rápida, precisa y automatizada (Flores, 2018, p. 19).

2.1.4 ADN Barcode

El código de barras de ADN se presenta como un método de identificación y reconocimiento de especies, basado en el uso de una base de datos que alberga secuencias de ADN estandarizadas (Paz, González & Crawford, 2011, p. 164). Este enfoque se apoya en fragmentos breves de ADN extraídos de una ubicación uniforme en el genoma con el fin de establecer límites entre las diferentes especies. En la mayoría de los grupos de animales, se ha adoptado una región de 648 pares de bases del gen mitocondrial conocido como citocromo c oxidasa subunidad 1 (*COI*) como el estándar para el código de barras de ADN (Páiz & Huete, 2008, p. 106).

La aplicación de este método se basa en la observación de que la variación genética dentro de las especies (variación intraespecífica) es significativamente menor que la variación entre diferentes especies (variación interespecífica). Por esta razón, es posible determinar la diversidad genética dentro de una especie con una muestra relativamente pequeña, siempre y cuando dicha muestra abarque un conjunto representativo de las subpoblaciones (Robainas & García, 2012, p. 2).

En este contexto, el código de barras de ADN viene siendo una herramienta molecular de gran relevancia en la última década, desempeñando un papel crucial en la identificación de especies. Su eficacia se ha destacado especialmente en estudios filogenéticos moleculares, así como en el análisis de la distribución geográfica y la conservación de la biodiversidad marina (Trivedi *et al.*, 2016, p. 162). Además, el código de barras del ADN se considera una solución para acelerar el ritmo de descubrimiento de especies y abrir nuevas perspectivas en la conservación, más aún al estar atravesando una era de extinción masiva de las especies por causa del hombre, donde se hace evidente que la descripción de la diversidad biológica con los enfoques tradicionales ocurre a un ritmo mucho más lento que el de la pérdida de especies, lo que pone en peligro la conservación de las biotas de la tierra (Hubert & Hanner, 2015, p.44).

El ADN Barcode ayuda a formular políticas para la evaluación rápida de la biodiversidad a bajo costo; además, provee información útil para priorizar las áreas de conservación o evaluar el éxito de las acciones dirigidas a preservar los hábitats; priorizando los diferentes ecosistemas dependiendo de la información sobre la diversidad de especies, su riqueza y valor (Pavan *et al.*, 2016, p. 296).

2.1.5 Especies de Estudio

El presente estudio se enfocó en los peces marinos de las familias Carangidae, Scianidae, Haemulidae y Serranidae de la Región Tumbes, de importancia económica local y regional, los cuales se comercializan en zonas de descarga y playas.

Familia Carangidae

Los integrantes de esta familia, conocidos como jureles, pámpanos, palometas, cojinúas, cocineros y otros nombres en español, así como jacks, scads y pompanos en inglés, comprenden un conjunto de 140 especies que se dividen en 32 géneros. Estos peces, en su mayoría, poseen una significativa importancia económica (Santillán, 2011, p. 266).

Esta amplia diversidad de especies de la familia habita principalmente en aguas tropicales y subtropicales de los océanos Atlántico, Pacífico e Índico. Son carnívoros, alcanzan tamaños considerables y desempeñan un papel fundamental en las pesquerías (Lucano, 2016, p. 611).

Se encuentran distribuidos de manera abundante en los mares tropicales y subtropicales, y ocasionalmente se les halla en esteros salobres o aguas dulces. Tienden a formar grandes bancos y a realizar migraciones significativas. Aunque no se limitan a los arrecifes, los pámpanos son frecuentes en las zonas cercanas a los mismos, a menudo en proximidad a pendientes pronunciadas. La reproducción de estos peces es pelágica, y liberan un gran número de huevos pequeños que permanecen flotando en el agua. Dada la amplia distribución geográfica de la mayoría de las especies, se presume que las larvas pueden mantener una existencia pelágica durante largos períodos (Donayre-Salazar *et al.*, 2022, p. 3).

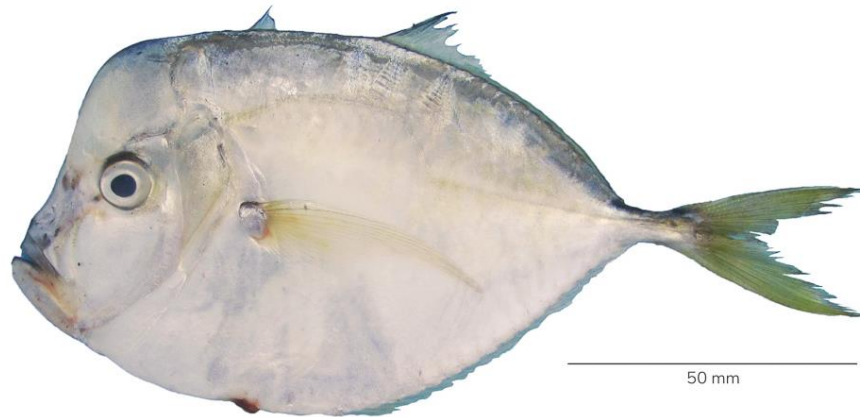


Figura 1: *Selene peruviana* (Guichenot, 1866), un representante de la familia Carangidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).

En lo que respecta a su dieta, estos peces son voraces depredadores que se alimentan de una amplia gama de peces. Algunas especies, como el pámpano rayado (*Gnathanodon* o *Caranx speciosus*), también incorporan moluscos, crustáceos e invertebrados planctónicos en su alimentación (Donayre-Salazar *et al.*, 2022, p. 4).

Familia Haemulidae

El nombre común "roncadores" les fue atribuido debido al peculiar sonido que emiten al frotar sus dientes superiores con los inferiores. Estos peces tienen una distribución circumtropical, habitando en los océanos Atlántico, Índico y Pacífico, así como en entornos marinos, algunos estuarios y, de manera excepcional, en aguas dulces, con registros de solo tres especies en esta última categoría (Ruiz-Ramírez *et al.*, 2012, p. 709). Los roncadores son principalmente criaturas nocturnas, realizan desoves en aguas pelágicas y, en su mayoría, se

alimentan de diversos invertebrados bentónicos, destacando su preferencia por crustáceos y poliquetos (Tavera, 2012, p. 18).



Figura 2: *Orthopristis chalceus* (Günther, 1864), un representante de la familia Haemulidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).

Familia Scianidae

El origen de su denominación común se relaciona con los sonidos resonantes, como de croar o tamborileo, que emiten gracias a músculos especializados en su estructura corporal que están conectados con su vejiga natatoria. La vejiga natatoria actúa como una especie de caja de resonancia que amplifica estos sonidos. Estos peces son clasificados como marinos euritérmicos y eurihalinos, lo que significa que son capaces de tolerar cambios drásticos en la temperatura y la salinidad del agua sin problemas significativos (Duncan *et al.*, 2013, p. 2).



Figura 3: *Larimus pacificus* (Jordan & Bollman, 1890), un representante de la familia Scianidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).

El género *Cynoscion* alberga diversas especies de peces depredadores que desempeñan un papel ecológico y económico fundamental en las aguas costeras y estuarinas del Nuevo Mundo. Este género se caracteriza por su gran diversidad y es especialmente valioso en términos de

alimentación humana, siendo objeto de una explotación significativa en toda su área de distribución (Minaya *et al.*, 2016, p. 106).

Los Sciáenidos tienen una distribución global y se encuentran principalmente en aguas subtropicales y tropicales, aunque algunas especies también se hallan en ambientes de agua dulce, particularmente en Sudamérica. Estos peces tienen preferencia por hábitats en el lecho marino, tales como zonas lodosas o arenosas cercanas a playas, bahías protegidas, estuarios y desembocaduras de ríos. Algunas especies pueden encontrarse en aguas más alejadas de la costa, incluso en la plataforma continental a profundidades de hasta 40 metros (Nion *et al.*, 2013, p. 8).

Los huevos de los Sciáenidos son esféricos, transparentes y presentan una fase pelágica. En cuanto a su dieta, estos peces son carnívoros y se alimentan mayormente en el fondo marino, consumiendo invertebrados bentónicos y peces pequeños (Ruíz *et al.*, 2001, p. 1).

Familia Serranidae

Estos peces exhiben un cuerpo musculoso cubierto de escamas, que pueden ser del tipo ctenoideas o cicloideas. Poseen una cabeza robusta y ancha, caracterizada por la presencia de dientes. Uno de sus rasgos distintivos es el preopérculo, que presenta bordes cerrados, lo que da nombre al grupo. La clasificación abarca 75 géneros y más de 500 especies. Estos peces demersales se encuentran asociados a fondos rocosos someros en aguas de regiones tropicales, subtropicales y templadas, y suelen habitar en plataformas continentales a profundidades que generalmente no sobrepasan los 300 metros (Rojas & Pequeño, 2001, p. 157).

Diversas especies presentan hermafroditismo protogínico, lo que implica que pueden cambiar de sexo de femenino a masculino a lo largo de su ciclo de vida o mantener ambos sexos simultáneamente, funcionando como machos y hembras al mismo tiempo. El comportamiento reproductivo varía, ya que algunas forman agregaciones para la reproducción, mientras que otras se reproducen en parejas. Algunas especies tienden a agruparse en cardúmenes durante ciertas épocas del año para llevar a cabo desoves nocturnos (Erauskin-Extramiana, 2015, p. 2). En términos de alimentación, son depredadores que se nutren principalmente de pequeños crustáceos bentónicos y peces.



Figura 4: *Pronotogrammus multifasciatus* (Gill, 1863), un representante de la familia Serranidae (Fuente: Catálogo digital de la biodiversidad acuática del Perú. IMARPE. 2023).

2.2. Marco conceptual

2.2.1 ADN

Ácido desoxirribonucleico, compuesto de cuatro nucleótidos: adenina, citosina, guanina y timina, habitualmente abreviada como A, C, G y T. Estos bloques de construcción forman cadenas largas llamadas secuencias de ADN (Alberts *et al.*, 2008, p. 195).

2.2.2 ADNmt

El ADN mitocondrial (ADNmt) es un material genético circular cerrado de doble cadena que se localiza en el interior de las mitocondrias. Este genoma, de aproximadamente 16,000 pares de bases (p.b) codifica un conjunto de proteínas mitocondriales. Las proteínas restantes del ADNmt son codificadas por el ADN nuclear (ADNn). El ADNmt presenta replicación semi-conservativa, ausencia de proteínas cromosomales (histonas) y ninguna repetición de genes (Daza, 2018, p. 9).

2.2.3 Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD)

Prueba la existencia del Barcode gap en la distribución de las distancias genéticas por pares e identifica grupos de individuos unidos por distancias genéticas más cortas que el gap (Da Silva *et al.*, 2018, p. 1114). El objetivo del método ABGD es inferir estadísticamente el Barcode gap a partir de los datos, y aplicar recursivamente este procedimiento a los grupos de secuencias recién obtenidas, lo que permite trabajar conjuntos de datos con umbrales múltiples a lo largo de los taxones (Puillandre *et al.*, 2011, p. 1865).

2.2.4 Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP)

bPTP es una versión mejorada de PTP que utiliza métodos bayesianos para inferir los límites de especies a partir de datos moleculares. Utiliza modelos probabilísticos para estimar la probabilidad de que una transición en un árbol filogenético represente un límite de especie real. Esto permite una mayor precisión en la delimitación de especies en comparación con PTP (Toussaint *et al.*, 2016, p. 248).

2.2.5 Biodiversidad

Es la variabilidad de organismos vivos de cualquier fuente, ya sea en los ecosistemas marinos o terrestres (continentales) y los complejos ecológicos de los que forman parte; esto incluye la diversidad dentro de cada especie, entre las especies y de los ecosistemas (Rusch & Fracassi, 2021, p. 1).

2.2.6 Barcode gap

El Barcode gap representa la relación entre las distancias intraespecíficas e interespecíficas basado en las secuencias obtenidas. Cuando una secuencia es un marcador ADN Barcode, la distancia interespecífica es mayor a la variación intraespecífica (Vera, Jimenez & Lara, 2016, p. 202). Cuanto mayor sea la diferencia entre éstas, la discriminación entre especies será más precisa. Se considera que un Barcode gap es óptimo cuando la distancia interespecífica es 10 veces mayor que la distancia intraespecífica (Candek & Kunter, 2015, p. 269).

2.2.7 Cladograma

Es un dendrograma que refleja las relaciones genealógicas de los taxones terminales (Morrone, 2000, p.15).

2.2.8 Conservación

Es la gestión de la utilización de la biósfera por el ser humano, de tal suerte que produzca el mayor y sostenido beneficio para las generaciones actuales, pero que mantenga su potencialidad para satisfacer las necesidades y las aspiraciones de las generaciones futuras (MINAM, 2012, p.59).

2.2.9 Diversidad de Peces en Perú

La diversidad de especies expresa la variedad o riqueza de especies dentro de una región (MINAM, 2012, p.65). Se han reportado 275 especies de peces costeros en el litoral peruano,

198 especies (72%) son peces tropicales pertenecientes a la Provincia biogeográfica Panámica, mientras que, 51 (19%) son típicas de la Corriente Peruana (Provincia biogeográfica peruana), además de 18 especies que se mueven indistintamente en aguas tropicales y templadas; ocho de origen oceánico que pueden ser encontradas en la costa (Hooker, 2009, p.40).

2.2.10 Especies crípticas

Las especies crípticas, son especies morfológicamente similares, pero genéticamente distintas, que se encuentran comúnmente en los ecosistemas marinos (Ghosh, Bankura & Das, 2016, p.51) y debido a su similitud morfológica con otras especies conocidas, no han sido reconocidas como entidades taxonómicas diferentes (von May *et al.*, 2012, p.351).

2.2.11 Gestión Ambiental

Es un conjunto estructurado de principios, normas técnicas, procesos y actividades, orientado a administrar los intereses, expectativas y recursos relacionados con los objetivos de la Política Ambiental y alcanzar así una mejor calidad de vida, el desarrollo integral de la población, el desarrollo sostenible de las actividades económicas y la conservación del patrimonio ambiental y natural del país (MINAM, 2012, p.76).

2.2.12 Modelo general mixto de yule coalescente (GMYC)

El método GMYC fue diseñado para delimitar especies de datos genéticos de un solo *locus* (Puillandre *et al.* 2011, p.1865). Se basa en la predicción de que la evolución independiente conduce a la aparición de distintos grupos genéticos, separados por ramas internas más largas. Delimita estos grupos genéticos optimizando el conjunto de nodos que definen las transiciones entre procesos intra e interespecíficos (Fujisawa & Barreclough, 2013, p. 712).

2.2.13 Molecular Operational Taxonomic Units (MOTUs)

Los MOTUs son un concepto utilizado en ADN Barcode y biología molecular para clasificar e identificar especies basándose en información genética, como las secuencias de ADN. Los MOTUs suelen definirse en función de un umbral de similitud genética predeterminado. Las secuencias de ADN se comparan y, si son lo suficientemente similares (por encima del umbral especificado), se agrupan en el mismo MOTUs, que se trata entonces como una unidad taxonómica para su posterior análisis (Floyd *et al.*, 2002, p. 842).

2.2.14 Método Neighbor Joining (NJ)

Es un método basado en la distancia genética para la construcción de árboles que representan el grado de similitud de las secuencias, lo cual corresponde al campo de la fenética y no de la sistemática filogenética (Vera, Jiménez & Lara, 2012, p. 201).

2.2.15 Pares de Base (pb)

Las pares de base son las unidades de doble hebra ADN (nucleótidos apareados), que se utiliza para medir la longitud de una secuencia de ADN. Fragmentos tan pequeños como 100 pb pueden ser informativos en genética de poblaciones (Alberts *et al.*, 2008, p.195).

2.2.16 Poisson Tree Processes model (PTP)

PTP es un modelo para delimitar especies en un árbol filogenético enraizado. En PTP, se modelan las especiaciones o los eventos de ramificación en términos de número de sustituciones. Por lo tanto, sólo requiere un árbol filogenético de entrada (Zhang *et al.*, 2013, p. 2875).

2.2.17 Variabilidad Genética

La variabilidad genética se refiere a la diversidad en las frecuencias de los genes. La variabilidad genética puede referirse a las diferencias entre individuos o las diferencias entre poblaciones. Las mutaciones son la causa fundamental de la variabilidad genética, pero mecanismos tales como la reproducción sexual y la deriva genética, también contribuyen a la misma (Demarchi, 2009, p. 74).

2.2.18 Voucher

Es un espécimen o muestra biológica que es recolectada, procesada y almacenada para documentar la existencia de un organismo en un lugar y tiempo determinado, de manera consistente con las normas disciplinarias, para asegurar la repetitividad de la investigación, que de otro modo no podría ser adecuadamente revisada o reevaluada (Kageyama, Monk, Bradley & Baker, 2006, p.260).

CAPITULO III

MARCO METODOLÓGICO

3.1. Hipótesis central de la investigación

Hipótesis implícita.

3.2. Variables e Indicadores de la investigación

3.2.1. Definición conceptual

Identidad Molecular

Reconocimiento de los organismos independientemente de las características morfológicas visibles, que se logra únicamente a través del análisis de su secuencia de ADN (Sánchez, 2011.p. 256).

3.2.2. Definición operacional

Se identificó molecularmente a las diferentes especies de peces de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae, colectados del ecosistema marino de la región Tumbes, mediante el uso de la técnica de ADN Barcode y a través de la taxonomía tradicional (claves taxonómicas: Chirichigno & Velez, 1998).

3.2.3. Indicadores

Los indicadores de operacionalización se muestran en la Tabla 1.

Tabla 1.. Matriz de operacionalización de variables.

Variable	Dimensiones	Indicadores	Valor Final	Tipo de Variable
		Secuencias del gen <i>COI</i>	% de identidad	Numérica
Identidad Molecular	Biológica	Distancias interespecíficas	%	Numérica
		Distancias intraespecíficas	%	Numérica
		Cladograma	Árbol filogenético	Numérica
		Delimitación de especies	Número de MOTUs	Numérica

3.3. Métodos de la investigación

El método de investigación fue la observación; debido a que no hubo manipulación de ninguna variable, solo se confirmó la identificación taxonómica tradicional de los peces marinos pertenecientes a las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae, colectados en la Región Tumbes, con el empleo de la técnica del ADN Barcode.

3.4. Diseño o esquema de la investigación

En el presente trabajo se utilizó el diseño descriptivo simple, que consistió en coleccionar la muestra e identificar con el ADN Barcode cada muestra, el esquema es el siguiente:



Donde:

M: Muestra de peces marinos de la región Tumbes.

O: Representa las secuencias del gen *COI* de las muestras de peces marinos de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae comparados entre sí, mediante análisis filogenético y delimitación de especies.

3.5. Población y muestra

3.5.1. Población

La población está conformada por las diferentes especies de peces marinos de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae que habitan la zona costera de la región Tumbes, susceptibles a su extracción.

3.5.2. Muestra

La muestra estuvo conformada por 398 peces de diferentes especies de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae, que fueron colectadas en cinco diferentes caletas de la línea costera de Tumbes.

3.6. Actividades del proceso investigativo

3.6.1. Recolección de Muestras

Las muestras se colectaron en las caletas de desembarque pesquero de la región Tumbes: Puerto Pizarro, La Cruz, Acapulco, Grau y Zorritos, con la colaboración de los observadores de

campo del Instituto del Mar del Perú (IMARPE) (Fig. 5) y de los pescadores artesanales que pescan empleando una red chinchorro de 1.5", red de mano de 1" y una atarraya de 1" de abertura de malla. Los peces colectados fueron colocados en contenedores con hielo, para luego ser trasladados al Laboratorio Costero de IMARPE - Tumbes.

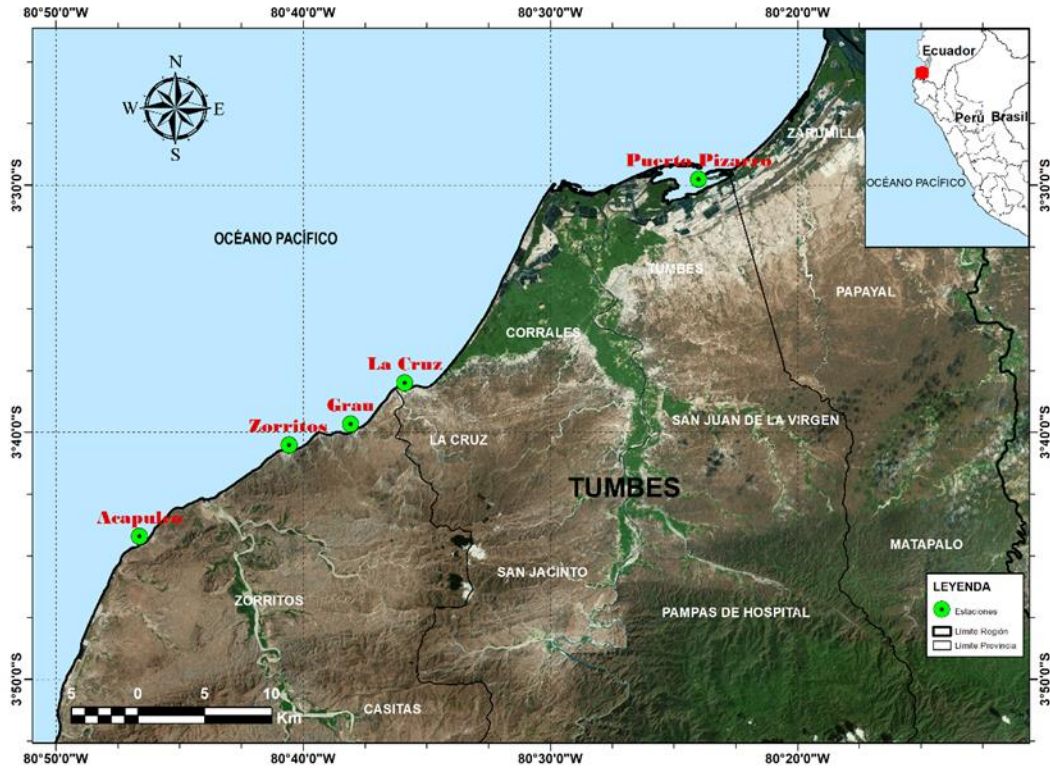


Figura 5: Ubicación de las estaciones de muestreo de peces marinos en el litoral de la región Tumbes (Fuente: Google Maps).

En el laboratorio de pesquería de IMARPE-Tumbes, se agruparon los ejemplares de peces por especie en recipientes plásticos, luego se colectó aproximadamente 1 cm³ de tejido muscular de cada uno de los especímenes, mediante un corte en el músculo del lado lateral derecho, cerca de la ateta dorsal, empleando tijeras, bisturí y pinzas, y fueron almacenados rápidamente en criovales de 2 mL de capacidad, conteniendo alcohol al 96%. Las muestras fueron codificadas secuencialmente (LCT_000) y posteriormente almacenadas a -20 °C, en el Laboratorio de Genética de IMARPE- Tumbes.

Luego se procedió a identificar *a priori*, taxonómicamente hasta el nivel de especie, cada muestra, con apoyo de profesionales del IMARPE – Tumbes. Para ello, se empleó la clave

taxonómica de Chirichigno y Vélez (1998); asimismo, se tomó fotografías de los organismos colectados. Por último, se registraron los datos de colecta de cada ejemplar: código de tejido, ficha de identificación, nombre científico, orden, familia, género, lugar de colecta, zona geográfica de colecta, entre otros datos, y posteriormente los datos fueron registrados en hojas de cálculo de Microsoft Excel.

Después de obtener las muestras de tejido, los representantes “voucher” de cada especie, se fijaron con formol al 10%, luego fueron colocados en frascos de vidrio para ser conservados en alcohol al 70% y depositados en la colección de peces del IMARPE- Tumbes para futuros estudios.

3.6.2. Elaboración de Fichas taxonómicas

Se elaboró unas fichas taxonómicas de las especies de las familias Carangidae, Haemulidae, Scianidae y Serranidae del litoral de la región Tumbes, que podrá ser usado para la identificación, conservación y gestión de la biodiversidad.

En las fichas, se consideró la siguiente información: nombre científico, nombre común, fotografía, descripción de la especie, bibliografía y código de barras de ADN ilustrativo.

3.7. Técnicas e instrumentos de la investigación

3.7.1. Extracción de ADN.

Se extrajo el ADN utilizando un pequeño fragmento de tejido muscular de las muestras colectadas mediante el método de Solución Salina (Aljanabi & Martínez, 1997). Luego el ADN extraído fue almacenando en microtubos de 1.5 mL de capacidad, conteniendo buffer TAE hasta su amplificación por PCR. Posteriormente, los extractos de ADN fueron conservados a una temperatura de -20 °C en una congeladora Biobase.

Posteriormente, se procedió con la electroforesis para comprobar la calidad del ADN extraído, así como de los productos de PCR, en geles de agarosa (1%) en una cámara electroforética; con buffer TAE 1X pH 8.4, a 80 voltios durante 45 minutos. Además, se usó 6X Loading Dye Solution como agente intercalante y MassRuler ADN Ladder low range de 1000 pb como marcador molecular. La cámara se conectó a una fuente de poder modelo Sigma

Techware PS250-2. Los geles se visualizaron en un fotodocumentador (Thermo Scientific) por exposición a luz ultravioleta.

3.7.2. Cuantificación de ADN

El ADN que se obtuvo fue cuantificado por espectrofotometría y se valoró la calidad midiendo la absorción a 260 y 280 nm de longitud de onda en un Equipo Epoch Biotek. Cuando la cuantificación de ADN fue alta, se hizo dilución para llegar a una concentración promedio de 20 ng/μL, luego se procedió a su almacenamiento a -20 °C.

3.7.3. Amplificación del ADN

La amplificación se efectuó en un termociclador de PCR, en un volumen de 25 μL de solución, conteniendo 16.1 μL de agua destilada, 2.5 μL de dNTP (8 mM), 2.5 μL de buffer 10X, 1.2 μL de cada primer (10 μM) y 0.5 μL de Taq polimerasa (1 unidad). La PCR consistió en una desnaturación inicial de ADN por 4 minutos a 94 °C y 35 ciclos de desnaturación a 94 °C por 1 minuto, hibridación por 1 minuto a 52 – 54 °C y extensión por 2 minutos a 72 °C, finalmente una extensión final a 72 °C por 5 minutos para terminar el proceso.

Para la amplificación del segmento del gen *COI* de 648 pares de bases (pb), se utilizó los *primers* universales descritos por Ward *et al.* (2005, p. 1848), y probados con un gran número de órdenes de peces marinos y agua dulce (Morales, 2017, p. 7) (Tabla 2).

Tabla 2. Primers usados en la amplificación del gen *COI* en peces marinos.

Primer	Secuencia	Referencia
Fish F1	5'- TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC -3'	Ward <i>et al.</i> (2005)
Fish R1	5'- TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3'	
Fish F2	5'- TCG ACT AAT CAT AAA GAT ATC GGC AC -3'	
Fish R2	5'-ACT TCA GGG TGA CCG AAG AAT CAG AA -3'	

3.7.4. Secuenciación

Los productos de amplificación obtenidos mediante la técnica de PCR, fueron enviados a secuenciar en duplicado (forward y reverse) al laboratorio MACROGEN - USA, para su respectiva secuenciación por electroforesis capilar empleando el método de Sanger.

3.8. Procedimiento para recolección de datos

3.8.1. Edición de secuencias

Los electroferogramas de las secuencias de nucleótidos obtenidos se editaron usando el programa Geneious v.5.6. (Biomatters Ltd), que permitió ensamblar las secuencias *forward* y *reverse* de cada muestra para obtener las secuencias consenso.

3.8.2. Identificación de las secuencias en BOLD

Para verificar que las secuencias correspondan a la amplificación del gen *COI* de las especies en estudio, se realizó un BLAST a todas las secuencias en la plataforma del NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), así como en la plataforma BOLD System, para buscar su secuencia de referencia más cercana y comprobar genéticamente su relación con las especies en dichas plataformas, considerando una identidad mínima de 99% (Pejovic *et al.*, 2016, p. 170).

3.8.3 Elaboración de la matriz general de secuencias

Para realizar una matriz general alineada, se realizó un alineamiento usando el software editor de alineamiento de secuencias Bioedit v. 7.0.5 (Hall, 1999, p. 97). Se verificaron las secuencias consenso para determinar la presencia de inserciones, deleciones o codones de parada (stop codons).

3.8.4. Ingreso de datos en BOLD SYSTEMS

En la plataforma BOLD SYSTEMS (<http://www.boldsystems.org/>), se cargaron y almacenaron todas las secuencias obtenidas, junto con información detallada sobre el muestreo, que incluye la fecha de recolección, las coordenadas geográficas, imágenes de los especímenes, entre otros datos relevantes.

3.8.5. Análisis de distancias

Los análisis de distancia entre especies se realizaron con el método de vecino más cercano (Neighbor-joining, NJ), utilizando el modelo de sustitución de Kimura 2-parámetros (K2P) desarrollado por Kimura en 1980. Para construir los cladogramas, se empleó el software Mega v.6.0 con 1000 réplicas de bootstrap, siguiendo el enfoque de Tamura *et al.* (2013, p. 2727).

3.8.6. Análisis de *barcode gap*

El análisis de *barcode gap* fue calculado mediante el desarrollo de un programa escrito en Python (Ramírez *et al.*, 2023, p. 4).

3.8.7. Análisis filogenético

Se utilizó Beast 2.5 para estimar el árbol de especies bayesianas multilocus (BST), como se describió en Bouckaert *et al.* (2019, p. 1-28). Este proceso se llevó a cabo a través del servidor web CIPRES Science Gateway (Miller *et al.*, 2010, p. 1-8). Se aplicó un reloj lognormal relajado y un modelo de nacimiento y muerte, con un período de burn-in del 10%. Además, se realizaron 30, 100, 40 y 350 millones de generaciones con el algoritmo de Markov Chain Monte Carlo (MCMC), para las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae, respectivamente.

Se determinaron los parámetros del modelo de sustitución de nucleótidos utilizando jModeltest 2, según el criterio del Criterio de Información Bayesiano (BIC), como se detalla en Durrleman *et al.* (2012, p. 772). El modelo de sustitución de nucleótidos seleccionado para el conjunto de datos completo fue HKY+I+G. La comprobación de la convergencia se llevó a cabo en Tracer v 1.7.1, siguiendo los valores de tamaño de muestra efectiva (ESS) que superaron los 200.

3.8.8 Análisis de delimitación de especies

Para la generación de unidades taxonómicas moleculares operativas (MOTUs), se emplearon varios modelos, incluyendo el modelo Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC) descrito en Fujisawa y Barraclough (2013, p. 707), el modelo de Procesos de Árbol de Poisson (PTP) según Zhang *et al.* (2013, p. 2874), y la versión bayesiana del modelo de Procesos de Árbol de Poisson (bPTP) también propuesta por Zhang *et al.* (2013, p. 2874). Todos estos resultados se calcularon mediante un script en Python (Ramírez *et al.*, 2023, p. 4). Asimismo, se llevó a cabo el análisis ABGD (Descubrimiento Automático del Espacio de Código de Barras) a través del servidor web ABGD (www.wabi.snv.jussieu.fr/public/abgd/), utilizando la distancia Kimura 2-parámetros (K2P) tal como se describe en Kimura (1980, p. 111). Para las familias Carangidae, Sciaenidae, Haemulidae y Serranidae, se emplearon valores de ancho de brecha relativa de $X = 1.2$, $X = 1$ y $X = 1.1$, respectivamente. Se registraron todos los resultados utilizando límites

previamente establecidos para la divergencia intraespecífica en el rango de $P = 0.001$ a 0.1 . Para los restantes parámetros, se utilizaron los valores predeterminados.

CAPITULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Resultados

4.1.1. Identificación taxonómica

Se colectaron 398 ejemplares los cuales fueron identificados usando claves taxonómicas hasta el taxón más bajo posible. De la Familia Carangidae, se identificaron 12 géneros con 19 especies. El mayor número de especies perteneció al género *Selene* y *Trachinotus*, con 3 especies en cada género. La consulta en el servidor BOLD SYSTEM permitió identificar el Barcode Index Number (BIN) para cada especie, con excepción de *T. kennedyi* (Tabla 3).

Tabla 3. Clasificación taxonómica de la familia Carangidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.

GENERO	ESPECIE	NOMBRE COMÚN	BIN
<i>Alectis</i>	<i>Alectis ciliaris</i>	“Espejo plumudo”	BOLD:AAB7827
<i>Caranx</i>	<i>Caranx caninus</i>	“Chumbo”	BOLD:AAE2948
	<i>Caranx caballus</i>	“Chumbo”	BOLD:AAC4853
<i>Chloroscombus</i>	<i>Chloroscombus orqueta</i>	“Pez hojita”	BOLD:ACU7605
<i>Carangoides</i>	<i>Carangoides otrynder</i>	“Jurel de hebra”	BOLD:ABA1949
<i>Decapterus</i>	<i>Decapterus macrosoma</i>	“Jurel fino”	BOLD:ADI4344
<i>Elegatis</i>	<i>Elagatis bipinnulata</i>	“Pez choclo”, “corredor”	BOLD:AAB3730
<i>Hemicaranx</i>	<i>Hemicaranx zelotes</i>	“Cachaco”, “Chiri”	BOLD:ADR8474
	<i>Hemicaranx leucurus</i>	“Cachaco”, “Chiri”	BOLD:ADR4575
<i>Selene</i>	<i>Selene peruviana</i>	“Espejo”	BOLD: AAB7372
	<i>Selene brevoortii</i>	“Espejo”	BOLD: AAC8040
	<i>Selene oerstedii</i>	Espejo	BOLD:ADR8814
<i>Oligoplites</i>	<i>Oligoplites altus</i>	“Cometrapo”	BOLD:AAU0910
	<i>Oligoplites saurus</i>	“Sierrilla”	BOLD:ADN4208
<i>Selar</i>	<i>Selar crumenophthalmus</i>	“Ojotón”	BOLD:AAB0871
<i>Naucrates</i>	<i>Naucrates ductor</i>	“Pez piloto”	BOLD:AAE6750
<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus kennedyi</i>	“Pámpano toro”	---
	<i>Trachinotus paitensis</i>	“Pámpano”	BOLD:ACB5408
	<i>Trachinotus rhodopus</i>	“Pámpano plumudo, rayado”	BOLD:ACI7390

En la Familia Haemulidae, se identificaron 8 géneros y 16 especies. Los géneros *Haemulopsis* y *Xenichthys* tuvieron la mayor cantidad de especies en esta familia, con 4 especies en cada género. La consulta en el servidor BOLD SYSTEM permitió identificar el Barcode Index Number (BIN) para 15 especies, no lográndose obtener el BIN para *H. leuciscus* (Tabla 4).

Tabla 4. Clasificación taxonómica de la familia Haemulidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.

GENERO	ESPECIE	NOMBRE COMÚN	BIN
<i>Anisotremus</i>	<i>Anisotremus taeniatus</i>	“Sargo rayado”	BOLD:ACF1328
	<i>Anisotremus interruptus</i>	“Rocador”, “burrito”	BOLD:AAD4128
<i>Genyatremus</i>	<i>Genyatremus dovii</i>	“Sargo cabeza manchada”	BOLD:ACB9962
	<i>Genyatremus pacific</i>	“Burro”	BOLD:ACC0484
<i>Conodon</i>	<i>Conodon serrifer</i>	“Ofensivo”	BOLD:ACB9843
<i>Haemulopsis</i>	<i>Haemulopsis leuciscus</i>	“Ronco chinilla”	---
	<i>Haemulopsis axillaris</i>	“Callana”	BOLD:AAM3804
	<i>Haemulopsis nitidus</i>	“Roncador brillante”	BOLD:ACC0129
	<i>Haemulopsis elongatus</i>	“Ronco trompudo”	BOLD:AA9842
<i>Haemulon</i>	<i>Haemulon steindachneri</i>	“Cabeza dura”	BOLD:AAC5790
<i>Orthopristis</i>	<i>Orthopristis chalceus</i>	“Callana”	BOLD:ACC0395
<i>Pomadasys</i>	<i>Pomadasys aff. ranickii</i>	“Gallinazo”	BOLD:AAZ1626
	<i>Pomadasys panamensis</i>	“Chaparro, periche”	BOLD:AAC0442
	<i>Pomadasys aff. macracanthus</i>	“Ronco espina larga”	BOLD:ADR3350
	<i>Pomadasys bayanus</i>	“Gruñidor”	BOLD: AAY8043
<i>Xenichthys</i>	<i>Xenichthys xanti</i>	“Chulita, ojón rayado”	BOLD:AAM4555

En la familia Sciaenidae, se identificaron 13 géneros y 29 especies. Los géneros *Cynoscion* y *Stellifer* presentaron el mayor número de especies, con 5 especies de cada género. La consulta

en el servidor BOLD SYSTEM permitió identificar el Barcode Index Number (BIN) para 28 especies, no lográndose obtener el BIN para *E. archidium* (Tabla 5).

Tabla 5. Clasificación taxonómica de la familia Sciaenidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.

GENERO	ESPECIE	NOMBRE COMÚN	BIN
<i>Cynoscion</i>	<i>Cynoscion albus</i>	“Cachema”	BOLD:AEM7220
	<i>Cynoscion nannus</i>	“Corvina enana”	BOLD:ABX7571
	<i>Cynoscion phoxocephalus</i>	“Corvina cherela,	BOLD:AAE2985
	<i>Cynoscion stolzmanni</i>	“Guavina”	BOLD:ACJ0784
	<i>Cynoscion analis</i>	“Cachema”	BOLD:ACB7387
<i>Elattarchus</i>	<i>Elattarchus archidium</i>	“Cachema ñata”	---
<i>Larimus</i>	<i>Larimus effulgens</i>	“Berechecola amarilla”	BOLD:ABW5842
	<i>Larimus pacificus</i>	“Bereche”	BOLD:ABW5841
	<i>Larimus acclivis</i>	“Bereche”	BOLD:ADR7459
<i>Isophisthus</i>	<i>Isophisthus remifer</i>	“Corvinilla azul”	BOLD:AAI8145
<i>Menticirrhus</i>	<i>Menticirrhus</i> sp.	“Chula”	BOLD:ADR5036
	<i>Menticirrhus elongatus</i>	“Chula”	BOLD:ADI2075
	<i>Menticirrhus paitensis</i>	“Chula,misho”	BOLD:AEI5713
	<i>Menticirrhus nasus</i>	“Chula”	BOLD:ADE5559
<i>Micropogonias</i>	<i>Micropogonias altipinnis</i>	“Corvina dorada”	BOLD:AAD4985
<i>Nebris</i>	<i>Nebris occidentalis</i>	“Corvina guavina”	BOLD:AAG3174
<i>Paralonchurus</i>	<i>Paralonchurus rathbuni</i>	“coco”	BOLD:ADR3806
	<i>Paralonchurus goodei</i>	“Suco rayado”	BOLD:ADR5025
	<i>Paralonchurus dumerlii</i>	“Suco rayado”	BOLD:ADR3804
	<i>Paralonchurus peruanus</i>	“Suco, coco”	BOLD:ACB8681
<i>Pareques</i>	<i>Pareques lanfeari</i>	“Roncador rayado”	BOLD:ADR3805
<i>Odontoscion</i>	<i>Odontoscion xanthops</i>	“Gruñidor de ojo amarillo”	BOLD:AAN1010
<i>Ophioscion</i>	<i>Ophioscion scierus</i>	“Gallinazo”	BOLD:ABW5201
<i>Stellifer</i>	<i>Stellifer fuerthii</i>	“Mojarrilla”	BOLD:ADH5838
	<i>Stellifer illecebrosus</i>	“Mojarrilla”	BOLD:ABW5479
	<i>Stellifer</i> sp.	“Mojarrilla”	BOLD:ADH4691
	<i>Stellifer chrysoleuca</i>	“Chinita rayada”	BOLD:ADR9525
	<i>Stellifer oscitans</i>	“Mojarrilla cabeza esponjosa”	BOLD:ACV8725
<i>Umbrina</i>	<i>Umbrina xanti</i>	“Polla rayada”	BOLD:AAN0481

En la Familia Serranidae, se identificaron 13 géneros y 22 especies. El género *Diplectrum* tuvo el mayor número de especies, 5 especies. La consulta en el servidor BOLD SYSTEM permitió identificar el Barcode Index Number (BIN) para 20 especies, no lográndose obtener el BIN para *H. macrophthalmus* y *S. psittacinus* (Tabla 6).

Tabla 6. Clasificación taxonómica de la familia Serranidae, orden Perciformes, clase Actinopterygii, phylum Cordata, identificados morfológicamente.

GENERO	ESPECIE	NOMBRE COMÚN	BIN
<i>Alphesthes</i>	<i>Alphesthes multiguttatus</i>	“Mero moteado”	BOLD:AAJ2169
	<i>Alphesthes immaculatus</i>	“Merito rojo”	BOLD:AAJ2168
<i>Cephalophopolis</i>	<i>Cephalophopolis panamensis</i>	“Cabrilla enjambre”	BOLD:AAC4202
<i>Diplectrum</i>	<i>Diplectrum euryplectrum</i>	“Pollo ratón”	BOLD:ABX9945
	<i>Diplectrum maximum</i>	“Camotillo, maraño”	BOLD:ABU6662
	<i>Diplectrum macropoma</i>	“Camote”	BOLD:ADR6387
	<i>Diplectrum rostrum</i>	“Camotillo”	BOLD:ABA8467
	<i>Diplectrum conceptione</i>	“Carajito, camotillo”	BOLD:ADI4144
<i>Epinephelus</i>	<i>Epinephelus quinquefasciatus</i>	“Mero ojo chico pacífico”	BOLD:AAG2543
	<i>Epinephelus analogus</i>	“Mero manchado”	BOLD:AAZ6272
<i>Hemanthias</i>	<i>Hemanthias signifer</i>	“Gallo, princesa”	BOLD:AAX1562
<i>Hemilutjanus</i>	<i>Hemilutjanus macrophthalmus</i>	“Ojo de uva”	---
<i>Hyporthodus</i>	<i>Hyporthodus niphobles</i>	“Mero gris”	BOLD:AAF0389
	<i>Hyporthodus acanthistius</i>	“Mero colorado”	BOLD:ACB5437
<i>Mycteroperca</i>	<i>Mycteroperca xernacha</i>	“Mero de peña”	BOLD:AAZ5368
<i>Paralabrax</i>	<i>Paralabrax callaensis</i>	“Cabrilla, perela”	BOLD:ACW399
	<i>Paralabrax humeralis</i>	“Cágalo”	BOLD:ACL8546
<i>Paranthias</i>	<i>Paranthias colonus</i>	“Cabinza serranida”	BOLD:AAC8378
<i>Pronotogrammus</i>	<i>Pronotogrammus multifasciatus</i>	“Carapachudo”	BOLD:ABU7042
<i>Rypticus</i>	<i>Rypticus nigripinnis</i>	“Mero jabón negro”	BOLD:ACZ8020
<i>Serranus</i>	<i>Serranus psittacinus</i>	“Cabrilla de barro”	---
	<i>Serranus huascarii</i>	“Maraño de peña”	BOLD:ABU6013

Todos los especímenes de las cuatro familias estudiadas fueron analizados por los procedimientos moleculares del ADN Barcode. Las secuencias del gen *COI* de los 398 especímenes, representan 86 especies y 46 géneros que componen el presente trabajo.

En la Tabla 7, se muestra el porcentaje de la composición nucleotídica en cada familia. En la Carangidae se observó un 29.9% de Timina (T), 27.8% de Citosina (C), 23.9% de Adenina (A) y 18.4% Guanina (G); para la familia Haemulidae los promedios fueron T=27.5%,

C=31.3%, A=21.5% y G=19.6%; para la familia Sciaenidae los promedios fueron T=28,1%, C=29,8%, A=22,7% y G=19,4% y por último para la familia Serranidae fue de T= 30,9%, C=27,2%, A=23,8 y G=18,1%.

Tabla 7. Composición nucleotídica de las cuatro familias analizadas.

Composición nucleotídica (%)	Carangidae Media ± Desv.est.	Haemulidae Media ± Desv.est.	Sciaenidae Media ± Desv.est.	Serranidae Media ± Desv.est.
Timina (T)	29.9 ±1,31	27,5±1,07	28,1±0,66	30,9±1,00
Citosina (C)	27.8±1,29	31,3±1,30	29,8±0,88	27,2±1,21
Adenina (A)	23,9±0,74	21,5±0,85	22,7±0,82	23,8±1,07
Guanina (G)	18,4±0,77	19,6±0,72	19,4±0,63	18,1±0,69

La matriz total tuvo 652 pb; la familia Carangidae presentó 408 posiciones conservadas, 244 posiciones variables 232 sitios informativos para parsimonia; para la familia Haemulidae se identificaron 412 sitios conservados, 240 sitios variables y 229 sitios informativos; en la familia Sciaenidae se observó 395 sitios conservados, 257 sitios variables y 240 sitios informativos y en la familia Serranidae se mostró 403 sitios conservados, 249 sitios variables y 240 sitios informativos.

4.1.2. Distancias genéticas

Se elaboró una cladograma de Neighbour-joining (NJ) por cada una de dichas familias de peces marinos. En la Figura 6, se observó que las especies de la familia Carangidae *Selene brevoortii* y *Selene peruviana* forman un grupo con un valor de bootstrap de 52% relacionados con *Alectis ciliaris* y *Carangoides otrynder*, *Decapterus macrosoma* y género *Caranx*; las especies *Chloroscombrus orqueta* están más emparentados con el género *Hemicaranx* con un valor bootstrap de 90%, relacionado con el género *Selar*, forman un clado que tiene por grupo hermano al género *Trachinotus*. El género *Oligoplites* es el grupo hermano de los demás clados.

En el cladograma de la familia Haemulidae se observó una división en dos grupos monofiléticos, el primero conformado por el género *Haemulopsis* y el otro clado que contiene a los siguientes géneros: *Anisotremus*, *Conodon*, *Pomadasys*, *Haemulon*, *Genyatremus*, *Orthopristis* y *Xenichthys* (Figura 7).

El cladograma de la familia Sciaenidae (Figura 8), está compuesto por *Menticirrhus*, *Cynoscion*, *Isophisthus*, *Micropogonias*, *Larimus*, *Nebris*, *Paralonchurus*, *Pareques*, *Umbrina*, *Elattarchus*, *Odontoscion*, *Stellifer*, *Ophioscion* y *Stellifer*, todos estos grupos hermanos entre sí, con valores de bootstrap de 100%.

De manera similar, el cladograma de la familia Serranidae (Figura 9), se dividió en dos clados los cuales están estrechamente relacionados los géneros *Hyporthodus*, *Epinephelus*, *Mycteroperca*, *Alphestes*, *Paranthias*, *Cephalopholis*, *Rypticus*, *Hemilutjanus*, *Pronotogrammus*, *Hemanthias*, *Serranus psittacinus*, *Paralabrax*; con un valor de bootstrap de 98% los géneros *Serranus* y *Diplectrum*.

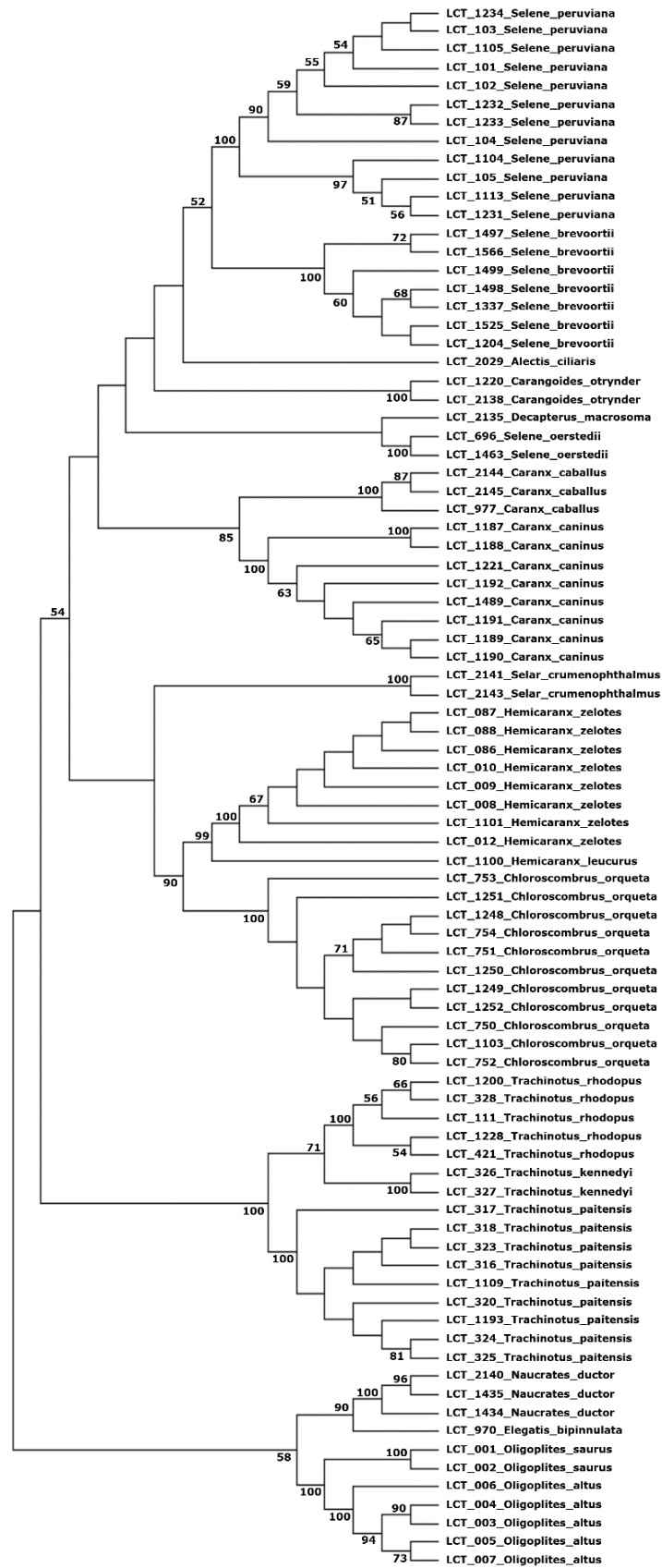


Figura 6. Árbol Neighbour - joining de Secuencias *COI* de especies de la familia Carangidae.

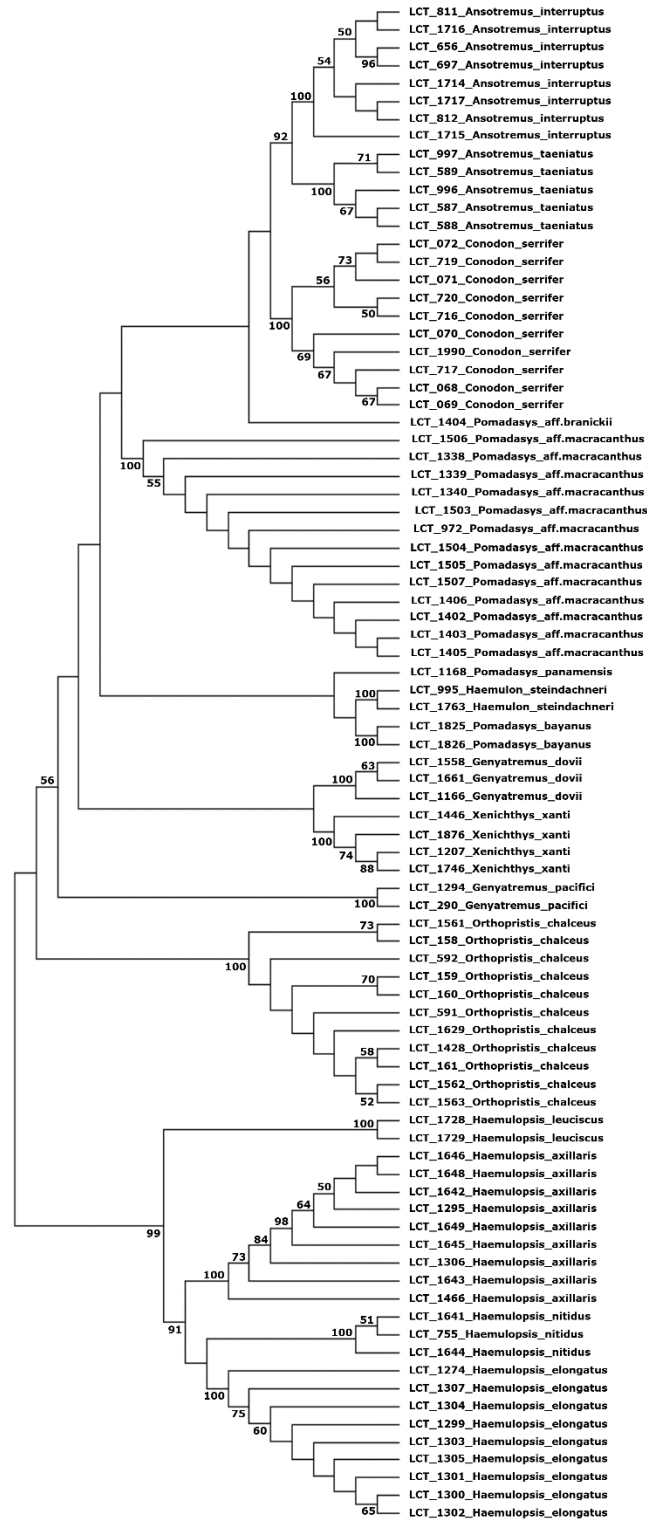


Figura 7. Árbol Neighbour - joining de Secuencias *COI* de especies de la familia Haemulidae.

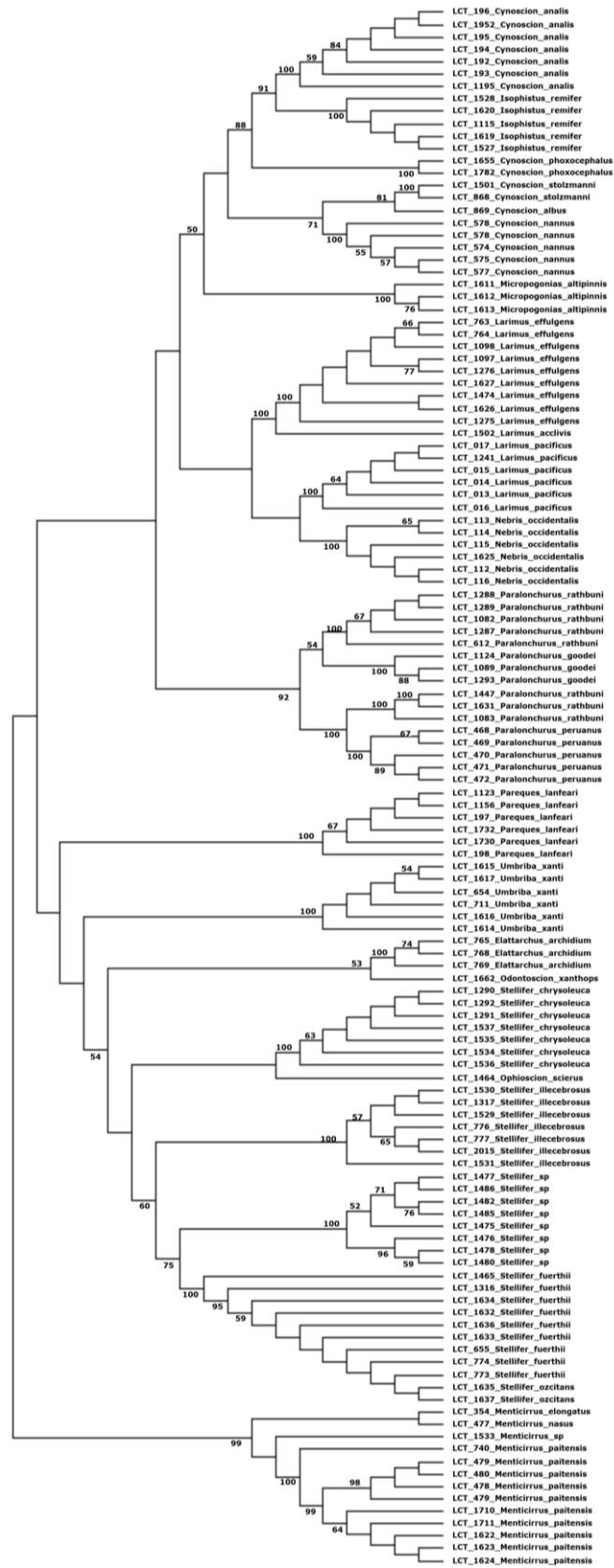


Figura 8. Árbol Neighbour - joining de Secuencias *COI* de especies de la familia Scianidae.

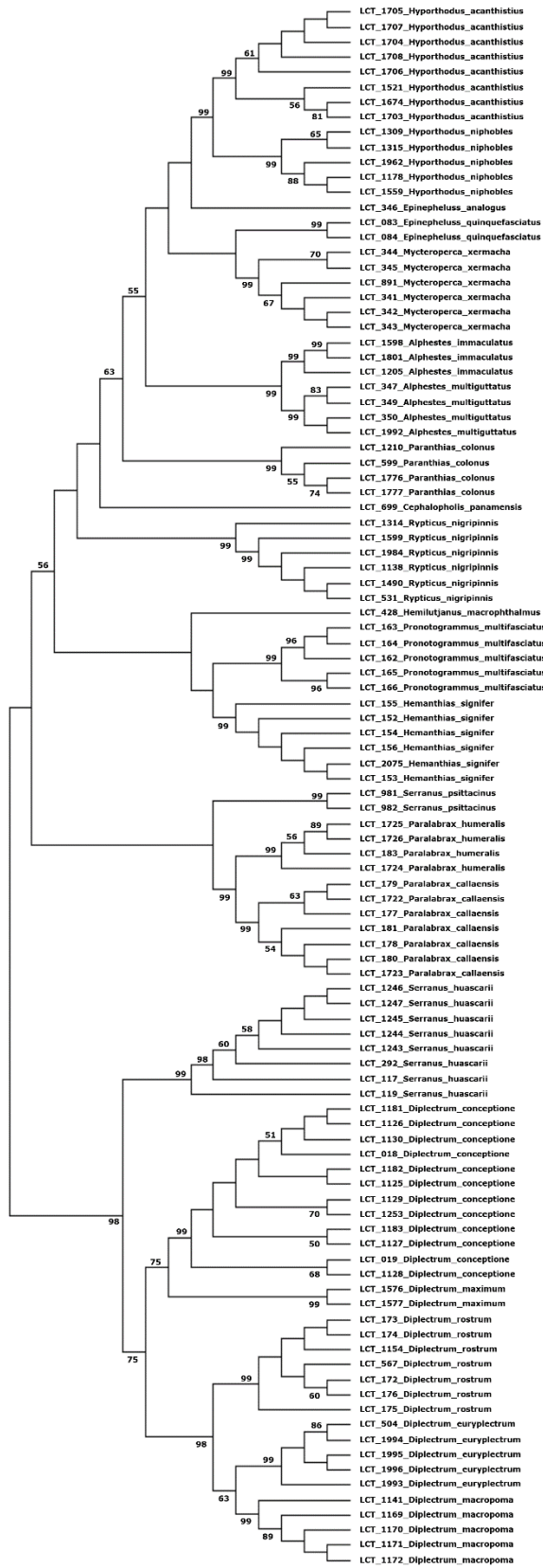


Figura 9. Árbol Neighbour - joining de Secuencias *COI* de especies de la familia Serranidae.

A) Carangidae

En la Tabla 8, se muestran las distancias intraespecíficas de la familia Carangidae, sin embargo, este valor no pudo ser calculado en cuatro especies por contar con un solo ejemplar. Las especies *Carangoides otrynder*, *Caranx caballus*, *Caranx caninus*, *Hemicaranx zelotes*, *Selar crumenophthalmus*, *Selene brevoortii*, *Selene oerstedii*, *Trachinotus paitensis* y *T. rhodopus* presentaron una distancia intraespecífica entre 0,04 a 0,32%; mientras que, una distancia de 0,63 a 0,93 %, se observaron en las especies *Chloroscombus orqueta*, *Naucrates ductor*, *Oligoplites altus*, *O. saurus* y *Trachinotus kennedyi*. *Selene peruviana* presentó la máxima distancia intraespecífica de 1,04%; mientras que la menor distancia de 0.04% se observó en *H. zelotes*.

Tabla 8. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Carangidae.

Espece	Distancia (%)	Desviación estándar
<i>Alectis ciliaris</i>	n/c	n/c
<i>Carangoides otrynder</i>	0.15	0.00
<i>Caranx caballus</i>	0.32	0.00
<i>Caranx caninus</i>	0.23	0.00
<i>Chloroscombus orqueta</i>	0.63	0.00
<i>Decapterus macrosoma</i>	n/c	n/c
<i>Elegatis bipinnulata</i>	n/c	n/c
<i>Hemicaranx leucurus</i>	n/c	n/c
<i>Hemicaranx zelotes</i>	0.04	0.00
<i>Naucrates ductor</i>	0.73	0.00
<i>Oligoplites altus</i>	0.87	0.00
<i>Oligoplites saurus</i>	0.62	0.00
<i>Selar crumenophthalmus</i>	0.31	0.00
<i>Selene brevoortii</i>	0.24	0.00
<i>Selene oerstedii</i>	0.15	0.00
<i>Selene peruviana</i>	1.04	0.00
<i>Trachinotus kennedyi</i>	0.93	0.00
<i>Trachinotus paitensis</i>	0.32	0.00
<i>Trachinotus rhodopus</i>	0.31	0.00

n/c = no es posible calcular.

Tabla 9. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del *COI*, siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la Familia Carangidae.

Especie	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
1 <i>Alectis_ciliaris</i>																				
2 <i>Carangoides otrynder</i>	0.12																			
3 <i>Caranx caballus</i>	0.14	0.16																		
4 <i>Caranx caninus</i>	0.17	0.17	0.13																	
5 <i>Chloroscombrus orqueta</i>	0.19	0.22	0.21	0.22																
6 <i>Decapterus macrosoma</i>	0.20	0.20	0.19	0.21	0.24															
7 <i>Elegatis bipinnulata</i>	0.22	0.23	0.20	0.24	0.23	0.22														
8 <i>Hemicaranx leucurus</i>	0.17	0.18	0.17	0.18	0.16	0.19	0.21													
9 <i>Hemicaranx zelotes</i>	0.18	0.19	0.19	0.20	0.18	0.18	0.20	0.08												
10 <i>Naucrates ductor</i>	0.21	0.24	0.23	0.24	0.28	0.24	0.19	0.24	0.24											
11 <i>Oligoplites altus</i>	0.27	0.24	0.25	0.28	0.28	0.28	0.27	0.30	0.29	0.27										
12 <i>Oligoplites saurus</i>	0.23	0.23	0.22	0.23	0.29	0.26	0.28	0.28	0.31	0.26	0.09									
13 <i>Selar crumenophthalmus</i>	0.17	0.17	0.18	0.20	0.19	0.21	0.21	0.18	0.21	0.23	0.24	0.24								
14 <i>Selene brevortii</i>	0.14	0.14	0.16	0.19	0.20	0.18	0.23	0.20	0.21	0.24	0.25	0.28	0.18							
15 <i>Selene oerstedii</i>	0.16	0.16	0.18	0.19	0.22	0.18	0.24	0.18	0.19	0.26	0.28	0.27	0.20	0.15						
16 <i>Selene peruviana</i>	0.12	0.15	0.16	0.19	0.23	0.18	0.23	0.18	0.20	0.26	0.26	0.26	0.18	0.12	0.16					
17 <i>Trachinotus kennedyii</i>	0.21	0.21	0.20	0.21	0.23	0.23	0.23	0.23	0.23	0.26	0.25	0.24	0.21	0.20	0.22	0.21				
18 <i>Trachinotus paitensis</i>	0.19	0.19	0.19	0.21	0.24	0.22	0.21	0.20	0.22	0.24	0.27	0.26	0.21	0.20	0.22	0.19	0.10			
19 <i>Trachinotus rhodopus</i>	0.23	0.20	0.18	0.19	0.25	0.22	0.21	0.21	0.20	0.23	0.27	0.26	0.24	0.23	0.24	0.20	0.09	0.09		

Las distancias interespecíficas (Tabla 9), muestran valores que varían entre el 8 % y el 30%, siendo la mayor distancia interespecíficas entre las especies de *O. altus* y *H. leucurus*, mientras que la menor distancia (8 %) se estableció entre *H. leucurus* y *H. zelotes*.

B) Haemulidae

Las distancias intraespecíficas de la familia Haemulidae (Tabla 10), muestran que *Genyatremus pacifici* y *Pomadasys bayanus* tienen una distancia de 0%, dos especies no se pudieron calcular la distancias por contar con un solo ejemplar. La mayor distancia genética de 2,04 % se encontró en la especie *Haemulopsis axillaris*.

Tabla 10. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Haemulidae.

Especie	Distancia (%)	Desviación estándar
<i>Anisotremus interruptus</i>	0.26	0.00
<i>Anisotremus taeniatus</i>	0.09	0.00
<i>Conodon serrifer</i>	0.49	0.00
<i>Genyatremus dovii</i>	0.21	0.00
<i>Genyatremus pacifici</i>	0.00	0.00
<i>Haemulon steindachneri</i>	0.31	0.00
<i>Haemulopsis axillaris</i>	2.04	0.00
<i>Haemulopsis elongatus</i>	0.27	0.00
<i>Haemulopsis leuciscus</i>	0.15	0.00
<i>Haemulopsis nitidus</i>	0.21	0.00
<i>Orthopristis chalceus</i>	0.46	0.00
<i>Pomadasys aff. Branickii</i>	n/c	n/c
<i>Pomadasys aff. Macracanthus</i>	0.02	0.00
<i>Pomadasys bayanus</i>	0.00	0.00
<i>Pomadasys panamensis</i>	n/c	n/c
<i>Xenichthys xanti</i>	0.33	0.00

n/c = o es posible calcular

Tabla 11. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del *COI*, siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la familia Haemulidae.

Especie	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1 <i>Anisotremus_interruptus</i>																
2 <i>Anisotremus_taeiniatus</i>	0.11															
3 <i>Conodon_serrifer</i>	0.16	0.16														
4 <i>Genyatremus_dovii</i>	0.18	0.21	0.21													
5 <i>Genyatremus_pacifici</i>	0.23	0.24	0.25	0.25												
6 <i>Haemulon_steindachneri</i>	0.22	0.19	0.21	0.25	0.23											
7 <i>Haemulopsis_axillaris</i>	0.24	0.27	0.24	0.27	0.27	0.31										
8 <i>Haemulopsis_elongatus</i>	0.25	0.23	0.25	0.25	0.25	0.29	0.14									
9 <i>Haemulopsis_leuciscus</i>	0.22	0.21	0.23	0.28	0.24	0.24	0.17	0.17								
10 <i>Haemulopsis_nitidus</i>	0.27	0.26	0.24	0.29	0.24	0.29	0.15	0.14	0.14							
11 <i>Orthopristis_chalceus</i>	0.22	0.22	0.20	0.22	0.25	0.25	0.24	0.21	0.21	0.21						
12 <i>Pomadasys_aff. branickii</i>	0.18	0.15	0.16	0.20	0.25	0.22	0.25	0.26	0.23	0.27	0.21					
13 <i>Pomadasys_aff. macracanthus</i>	0.18	0.19	0.18	0.21	0.24	0.21	0.28	0.25	0.21	0.25	0.23	0.16				
14 <i>Pomadasys_bayanus</i>	0.20	0.23	0.20	0.21	0.26	0.21	0.25	0.22	0.22	0.24	0.21	0.18	0.21			
15 <i>Pomadasys_panamensis</i>	0.20	0.21	0.20	0.20	0.28	0.21	0.25	0.22	0.24	0.26	0.22	0.21	0.19	0.20		
16 <i>Xenichthys_xanti</i>	0.21	0.22	0.21	0.20	0.23	0.24	0.26	0.26	0.23	0.25	0.22	0.20	0.21	0.24	0.19	

Las distancias interespecíficas muestran una distancia de 31% entre *Haemulopsis axillaris* y *Haemulon steindachneri*, mientras que la menor distancia fue de 11% y se estableció entre *Anisotremus interruptus* y *A. taeniatus* (Tabla 11).

C) Sciaenidae

La Tabla 12 presenta las distancias genéticas intraespecíficas de la familia Sciaenidae, en siete especies no se pudieron calcular las distancias genéticas pues solo se obtuvo un ejemplar. En esta familia, 17 especies presentaron una distancia de 0% y las especies *Larimus effulgens*, *Menticirrhus paitensis*, *Paralonchurus rathbuni*, *Stellifer sp.* y *Umbrina xanti* presentaron una distancia intraespecífica de 1%.

Tabla 12. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Sciaenidae.

Espece	Distancia (%)	Desviación estándar
<i>Cynoscion phoxocephalus</i>	0.00	0
<i>Cynoscion albus</i>	n/c	n/c
<i>Cynoscion analis</i>	0.00	0
<i>Cynoscion nannus</i>	0.00	0
<i>Cynoscion stolzmanni</i>	0.00	0
<i>Elattarchus archidium</i>	0.00	0
<i>Isophisthus remifer</i>	0.00	0
<i>Larimus acclivis</i>	n/c	n/c
<i>Larimus effulgens</i>	1.00	0
<i>Larimus pacificus</i>	0	0
<i>Menticirrhus sp.</i>	n/c	n/c
<i>Menticirrhus elongatus</i>	n/c	n/c
<i>Menticirrhus nasus</i>	n/c	n/c
<i>Menticirrhus paitensis</i>	1.00	0
<i>Micropogonias altipinnis</i>	0.00	0
<i>Nebris occidentalis</i>	0.00	0
<i>Odontoscion xanthops</i>	n/c	n/c
<i>Ophioscion scierus</i>	n/c	n/c
<i>Paralonchurus dumerilli</i>	0.00	0
<i>Paralonchurus goodei</i>	0.00	0
<i>Paralonchurus peruanus</i>	0.00	0
<i>Paralonchurus rathbuni</i>	1.00	0
<i>Pareques lanfeari</i>	0.00	0
<i>Stellifer chrysoleuca</i>	0.00	0
<i>Stellifer fuerthii</i>	0.00	0
<i>Stellifer oscitans</i>	0.00	0
<i>Stellifer illecebrosus</i>	0.00	0
<i>Stellifer sp.</i>	1.00	0
<i>Umbrina xanti</i>	1.00	0

n/c = no es posible calcular

Tabla 13. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del *COI*, siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la familia Sciaenidae.

Especie	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
1 <i>Cynoscion_phoxocephalus</i>																													
2 <i>Cynoscion_albus</i>	0.15																												
3 <i>Cynoscion_analis</i>	0.16	0.17																											
4 <i>Cynoscion_nannus</i>	0.17	0.10	0.17																										
5 <i>Cynoscion_stolzmanni</i>	0.17	0.10	0.18	0.13																									
6 <i>Elattarchus_archidium</i>	0.25	0.22	0.26	0.22	0.25																								
7 <i>Isophisthus_remifer</i>	0.15	0.16	0.12	0.13	0.19	0.24																							
8 <i>Larimus_acclivis</i>	0.21	0.20	0.18	0.14	0.19	0.21	0.19																						
9 <i>Larimus_effulgens</i>	0.20	0.20	0.18	0.15	0.18	0.21	0.17	0.04																					
10 <i>Larimus_pacificus</i>	0.18	0.17	0.20	0.16	0.17	0.23	0.19	0.16	0.17																				
11 <i>Menticirrhus_sp.</i>	0.26	0.24	0.24	0.23	0.23	0.25	0.24	0.21	0.22	0.25																			
12 <i>Menticirrhus_elongatus</i>	0.25	0.23	0.25	0.21	0.22	0.26	0.24	0.22	0.22	0.23	0.17																		
13 <i>Menticirrhus_nasus</i>	0.28	0.23	0.27	0.23	0.23	0.27	0.24	0.23	0.23	0.25	0.18	0.17																	
14 <i>Menticirrhus_paitensis</i>	0.26	0.23	0.26	0.23	0.25	0.26	0.27	0.23	0.23	0.24	0.16	0.18	0.18																
15 <i>Micropogonias_altipinnis</i>	0.19	0.15	0.22	0.14	0.17	0.25	0.18	0.19	0.18	0.17	0.23	0.21	0.27	0.22															
16 <i>Nebris_occidentalis</i>	0.22	0.16	0.22	0.17	0.19	0.22	0.20	0.18	0.17	0.17	0.29	0.26	0.24	0.23	0.19														
17 <i>Odontoscion_xanthops</i>	0.23	0.22	0.23	0.22	0.25	0.18	0.22	0.22	0.21	0.23	0.25	0.27	0.29	0.26	0.22	0.23													
18 <i>Ophioscion_scierus</i>	0.21	0.17	0.22	0.21	0.22	0.19	0.23	0.22	0.21	0.22	0.23	0.24	0.28	0.23	0.23	0.21	0.20												
19 <i>Paralonchurus_dumerilli</i>	0.20	0.20	0.25	0.18	0.20	0.23	0.20	0.18	0.17	0.20	0.24	0.22	0.23	0.23	0.19	0.24	0.22	0.23											
20 <i>Paralonchurus_goodei</i>	0.20	0.22	0.23	0.22	0.23	0.21	0.22	0.20	0.19	0.21	0.23	0.23	0.23	0.23	0.20	0.23	0.24	0.25	0.14										
21 <i>Paralonchurus_peruanus</i>	0.22	0.23	0.23	0.18	0.24	0.25	0.24	0.21	0.21	0.21	0.24	0.23	0.25	0.23	0.20	0.23	0.23	0.21	0.17	0.16									
22 <i>Paralonchurus_rathbuni</i>	0.24	0.24	0.24	0.20	0.25	0.29	0.24	0.24	0.24	0.23	0.27	0.28	0.28	0.27	0.21	0.24	0.23	0.23	0.20	0.18	0.06								
23 <i>Pareques_lanfeari</i>	0.23	0.20	0.23	0.19	0.21	0.23	0.22	0.21	0.21	0.19	0.26	0.26	0.27	0.25	0.20	0.22	0.21	0.20	0.26	0.23	0.25	0.24							
24 <i>Stellifer_chrysoleuca</i>	0.24	0.20	0.26	0.21	0.21	0.18	0.23	0.19	0.20	0.19	0.22	0.24	0.23	0.22	0.23	0.18	0.22	0.15	0.21	0.21	0.19	0.22	0.21						
25 <i>Stellifer_fuerthii</i>	0.24	0.19	0.25	0.19	0.22	0.17	0.22	0.21	0.20	0.20	0.22	0.22	0.26	0.24	0.21	0.21	0.21	0.17	0.21	0.22	0.22	0.24	0.21	0.15					
26 <i>Stellifer_oscitans</i>	0.24	0.19	0.25	0.19	0.22	0.17	0.23	0.21	0.20	0.20	0.22	0.22	0.26	0.24	0.21	0.21	0.21	0.16	0.21	0.22	0.22	0.24	0.21	0.15	0.00				
27 <i>Stellifer_illecebrosus</i>	0.22	0.20	0.21	0.24	0.21	0.17	0.24	0.20	0.19	0.22	0.22	0.22	0.27	0.23	0.23	0.23	0.18	0.16	0.19	0.22	0.21	0.25	0.23	0.14	0.13	0.13			
28 <i>Stellifer_sp.</i>	0.25	0.18	0.24	0.20	0.20	0.18	0.24	0.21	0.20	0.21	0.23	0.23	0.25	0.22	0.20	0.21	0.19	0.18	0.20	0.23	0.23	0.26	0.21	0.15	0.12	0.12	0.13		
29 <i>Umbrina_xanti</i>	0.21	0.17	0.23	0.17	0.19	0.20	0.18	0.19	0.19	0.17	0.19	0.26	0.25	0.21	0.19	0.22	0.22	0.23	0.22	0.21	0.25	0.26	0.21	0.18	0.18	0.18	0.19	0.22	

Las distancias interespecíficas de la familia Sciaenidae (Tabla 13), muestran valores que van desde 0 a 29%, siendo que la mayor distancia fue encontrada entre *N. occidentalis* y *Menticirrhus* sp., *P. rathbuni* y *E. archidium*, *O. xanthops* y *M. nasus*; mientras que la menor distancia 0 % se estableció entre *Stellifer fuerthii* y *S. oscitans*.

D) Serranidae

En las distancias intraespecíficas de la familia Serranidae (Tabla 14), solo se obtuvo un ejemplar en 3 especies (*C. panamensis*, *H. macrophthalmus* y *H. macrophthalmus*), por lo que no se pudo realizar este análisis para dichas especies. Así mismo, las especies *Diplectrum maximum* *Epinephelus quinquefasciatus* y tienen una distancia de 0 %. La mayor distancia fue de 1,96% de la especie *D. conceptione*.

Tabla 14. Distancias genéticas intraespecíficas K2P de la familia Serranidae.

Especie	Distancia (%)	Desviación estándar
<i>Alphestes immaculatus</i>	1.05	0.00
<i>Alphestes multiguttatus</i>	0.59	0.00
<i>Cephalopholis panamensis</i>	n/c	n/c
<i>Diplectrum conceptione</i>	1.96	0.00
<i>Diplectrum euryplectrum</i>	0.50	0.00
<i>Diplectrum maximum</i>	0.00	0.00
<i>Diplectrum rostrum</i>	0.46	0.00
<i>Diplectrum macropoma</i>	0.12	0.00
<i>Epinephelus analogus</i>	n/c	n/c
<i>Epinephelus quinquefasciatus</i>	0.00	0.00
<i>Hemanthias signifer</i>	0.16	0.00
<i>Hemilutjanus macrophthalmus</i>	n/c	n/c
<i>Hyporthodus acanthistius</i>	0.23	0.00
<i>Hyporthodus niphobles</i>	0.18	0.00
<i>Mycteroperca xernacha</i>	0.08	0.00
<i>Paralabrax callaensis</i>	0.18	0.00
<i>Paralabrax humeralis</i>	0.28	0.00
<i>Paranthias colonus</i>	0.18	0.00
<i>Pronotogrammus multifasciatus</i>	0.28	0.00
<i>Rypticus nigripinnis</i>	0.31	0.00
<i>Serranus huascarii</i>	0.74	0.00
<i>Serranus psittacinus</i>	0.15	0.00

n/c = no es posible calcular

Tabla 15. Distancias génicas interespecíficas los pares de haplotipos del *COI*, siguiendo el modelo de sustitución nucleotídica K2P para la familia Serranidae.

Especie	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
1 <i>Alphestes immaculatus</i>																						
2 <i>Alphestes multiguttatus</i>	0.08																					
3 <i>Cephalopholis panamensis</i>	0.24	0.23																				
4 <i>Diplectrum conceptione</i>	0.27	0.25	0.29																			
5 <i>Diplectrum euryplectrum</i>	0.26	0.26	0.27	0.16																		
6 <i>Diplectrum maximum</i>	0.25	0.25	0.24	0.11	0.16																	
7 <i>Diplectrum rostrum</i>	0.27	0.26	0.24	0.14	0.12	0.14																
8 <i>Diplectrum macropoma</i>	0.26	0.25	0.24	0.15	0.11	0.13	0.11															
9 <i>Epinephelus analogus</i>	0.23	0.20	0.24	0.29	0.27	0.25	0.27	0.31														
10 <i>Epinephelus quinquefasciatus</i>	0.18	0.16	0.21	0.27	0.23	0.26	0.27	0.26	0.19													
11 <i>Hemanthias signifer</i>	0.23	0.21	0.27	0.26	0.24	0.28	0.26	0.26	0.26	0.22												
12 <i>Hemilutjanus macrophthalmus</i>	0.26	0.23	0.23	0.25	0.21	0.24	0.24	0.26	0.24	0.25	0.21											
13 <i>Hyporthodus acanthistius</i>	0.16	0.14	0.22	0.24	0.24	0.22	0.25	0.23	0.16	0.16	0.23	0.23										
14 <i>Hyporthodus niphobles</i>	0.17	0.16	0.22	0.26	0.25	0.23	0.26	0.25	0.17	0.17	0.24	0.25	0.05									
15 <i>Mycteroperca xernacha</i>	0.20	0.20	0.24	0.25	0.25	0.24	0.27	0.25	0.18	0.15	0.24	0.26	0.14	0.15								
16 <i>Paralabrax callaensis</i>	0.24	0.22	0.23	0.20	0.21	0.20	0.23	0.21	0.21	0.25	0.22	0.23	0.20	0.23	0.25							
17 <i>Paralabrax humeralis</i>	0.24	0.22	0.24	0.21	0.21	0.22	0.25	0.23	0.20	0.25	0.24	0.22	0.21	0.23	0.25	0.03						
18 <i>Paranthias colonus</i>	0.19	0.21	0.22	0.30	0.27	0.25	0.28	0.23	0.20	0.22	0.27	0.23	0.21	0.20	0.23	0.23	0.23					
19 <i>Pronotogrammus multifasciatus</i>	0.29	0.27	0.27	0.27	0.28	0.29	0.27	0.28	0.28	0.26	0.22	0.22	0.26	0.25	0.26	0.26	0.27	0.26				
20 <i>Rypticus nigripinnis</i>	0.27	0.24	0.22	0.27	0.26	0.24	0.23	0.25	0.21	0.23	0.24	0.20	0.22	0.24	0.22	0.23	0.24	0.23	0.22			
21 <i>Serranus huascarii</i>	0.26	0.25	0.26	0.16	0.21	0.16	0.21	0.20	0.29	0.28	0.26	0.29	0.26	0.27	0.28	0.20	0.22	0.28	0.31	0.27		
22 <i>Serranus psittacinus</i>	0.27	0.26	0.26	0.28	0.27	0.24	0.25	0.27	0.27	0.26	0.28	0.27	0.23	0.26	0.26	0.22	0.22	0.27	0.29	0.25	0.27	

En la Tabla 15, se reporta que las distancias interespecíficas muestran una mayor distancia con 31 % *Epinephelus analogus* y *Diplectrum macropoma*, *Serranus huascarii* y *Rypticus nigripinnis*, mientras que la menor distancia 3% se estableció entre *Paralabrax callaensis* y *Paralabrax humeralis*.

4.1.3. Barcode gap

Se han considerado los valores de las distancias intraespecíficas e interespecíficas del análisis K2P de cada una de las familias analizadas, obteniéndose el *barcode gap*. Para la familia Carangidae la mínima distancia del vecino más cercano fue de 8% comparada con el máximo valor intraespecífico de 1,04%, han generado un umbral de barcode gap de 7,69 x (Figura 10).

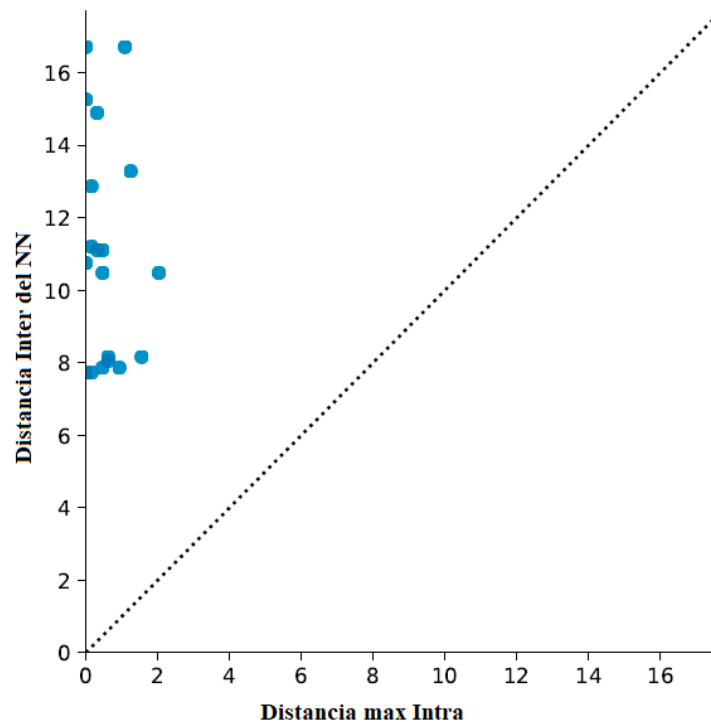


Figura 10. Barcode gap de la familia Carangidae, generado de la comparación entre la distancia máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.

En las Figuras 11 y 12, se presentan diagramas de dispersión que evidencian la ausencia de un "barcode gap" para el conjunto de datos de las familias Haemulidae y Sciaenidae. En estos gráficos, los puntos se encuentran distribuidos por debajo de la línea punteada, lo que indica que no se observa una separación clara entre las secuencias y, por lo tanto, no existe un "barcode gap" distintivo.

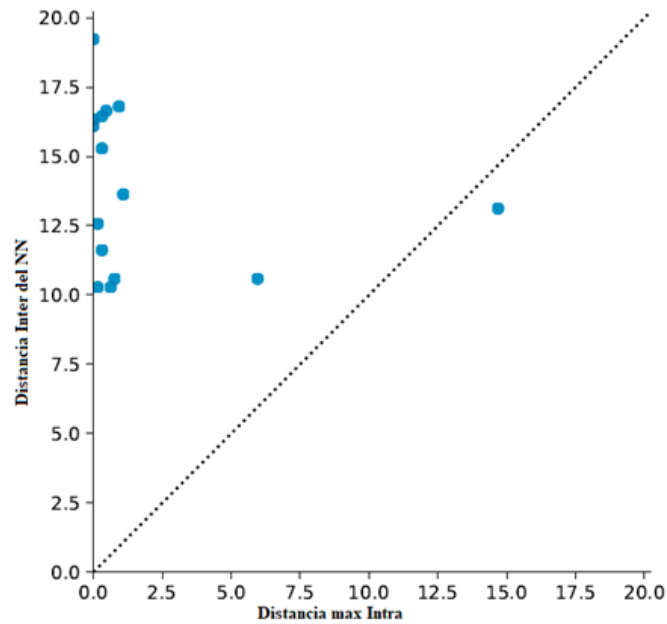


Figura 11. Barcode gap para la familia Haemulidae, generado de la comparación entre la distancia máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.

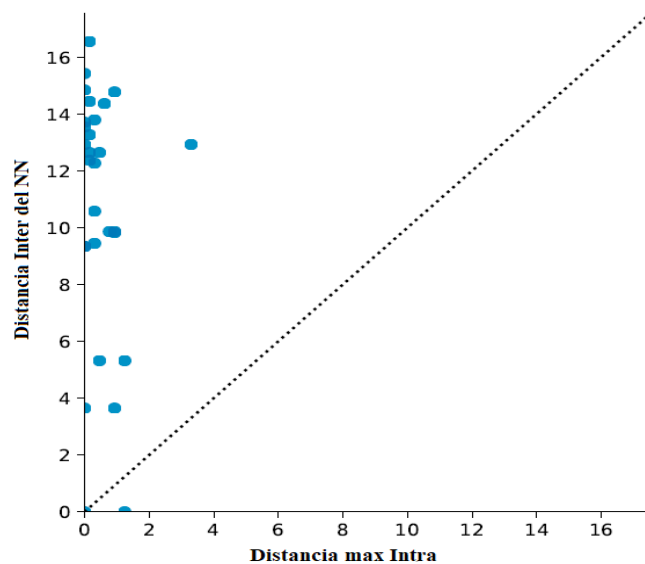


Figura 12. Barcode gap para la familia Sciaenidae, generado de la comparación entre la distancia máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.

En la familia Serranidae, se encontró la mínima distancia interespecífica K2P del vecino más cercano fue de 3% comparada con el máximo valor intraespecífico de 1%, han generado un umbral barcode gap de 3x (Figura 13).

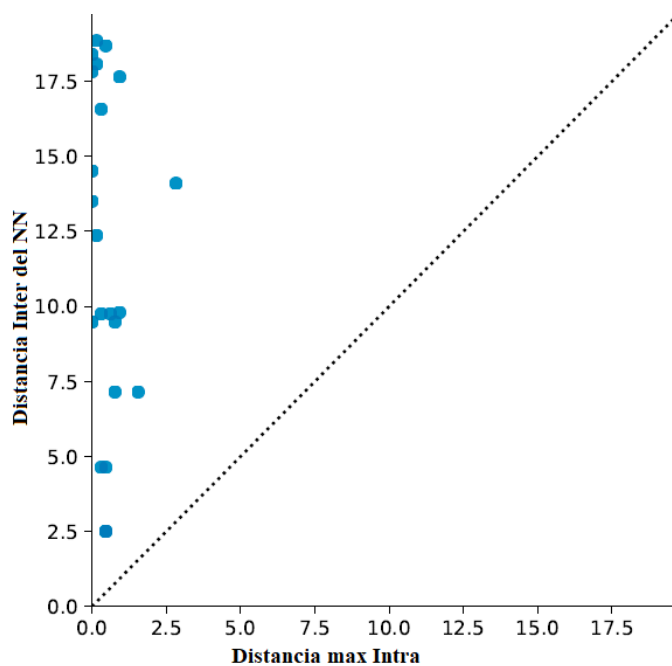


Figura 13. Barcode gap para la familia Serranidae, generado de la comparación máxima intraespecífica vs la distancia interespecífica del vecino más cercano.

4.1.4. Delimitación de MOTUs

A) Carangidae

Para identificar los MOTUs de la familia Carangidae (Figura 14), empleamos 4 métodos de delimitación: PTP, bPTP, GMYC y ABGD. Los métodos PTP, bPTP, GMYC y ABGD coinciden en delimitar 21 MOTUS. Asimismo, el análisis ABGD encontró nueve particiones de 34 ($P=0.001$) a 19 grupos ($P=0.1$), incluyendo una partición con los 21 MOTUs ($P=0.002783$) obtenidos en los análisis PTP, bPTP y GMYC.

B) Haemulidae

Similarmente, en la familia Haemulidae (Figura 15), la delimitación mediante taxonomía clásica determinó 16 especies en esta familia, pero en el análisis de MOTUs se obtuvo que *P. branickii* y *P. macracanthus* serían una sola especie. Por el contrario, los análisis con PTP, bPTP, GMYC y ABGD determinaron 19 MOTUS. Las diferencias con estos métodos ocurren en un ejemplar de *P. aff. branickii* y en 3 ejemplares de *H. axillaris*, los cuales formaron 4 MOTUs independientes (Figura 16). Además, el análisis ABGD encontró 10 particiones de 34 ($P=0.001$) a 16 grupos ($P=0.1$), incluyendo una partición con los 19 MOTUs ($P=0.012915$) obtenidos en los análisis PTP, bPTP y GMYC.

C) Sciaenidae

Para la familia Sciaenidae (Figura 16), el análisis PTP y ABGD identificaron 31 MOTUs, no obstante, estos MOTUs difieren en algunas especies, como en *C. analis*, en donde el método ABGD clasifica un ejemplar con un MOTUs independiente (color negro) del resto de los ejemplares (color azul), por otro lado, en *S. fuerthii*, el método PTP clasifica un ejemplar con un MOTUs independiente (color verde) del resto, el cual, además, incluyó a *S. oscitans* como parte del mismo MOTUs de *S. fuerthii* (color purpura). Por su parte, los análisis bPTP y GMYC coincidieron en todos los MOTUs, sin embargo, clasificaron a un ejemplar de la especie *S. fuerthii* con un MOTUs independiente del resto (color verde), y también a *S. oscitans* como parte del mismo MOTUs de *S. fuerthii*. Además, el análisis ABGD encontró 10 particiones de 49 ($P=0.001$) a 26 grupos ($P=0.1$), incluyendo una partición de 31 MOTUs ($P=0.004642$).

D) Serranidae

Por último, en la familia Serranidae (Figura 17), se clasificó 22 especies identificadas taxonómicamente. Por su parte, los análisis PTP y bPTP coinciden en los MOTUs, sin embargo, indican la presencia de 25 MOTUs. Mientras que, los análisis de GMYC y ABGD delimitan 24 MOTUs, pero no coinciden en un ejemplar de *A. immaculatus* y en otro de *R. nigripinnis*. Así mismo, El análisis ABGD encontró nueve particiones de 39 ($P=0.001$) a 20 grupos ($P=0.1$), incluyendo una partición con 24 MOTUs ($P= 0.012915$).

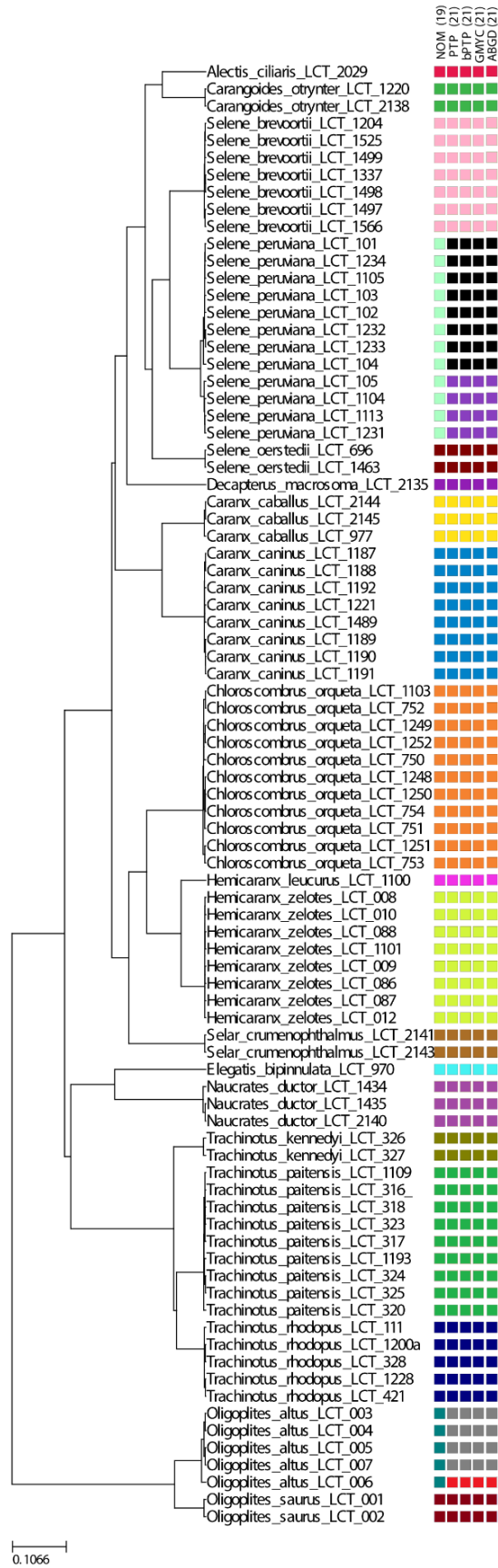


Figura 14. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Carangidae.

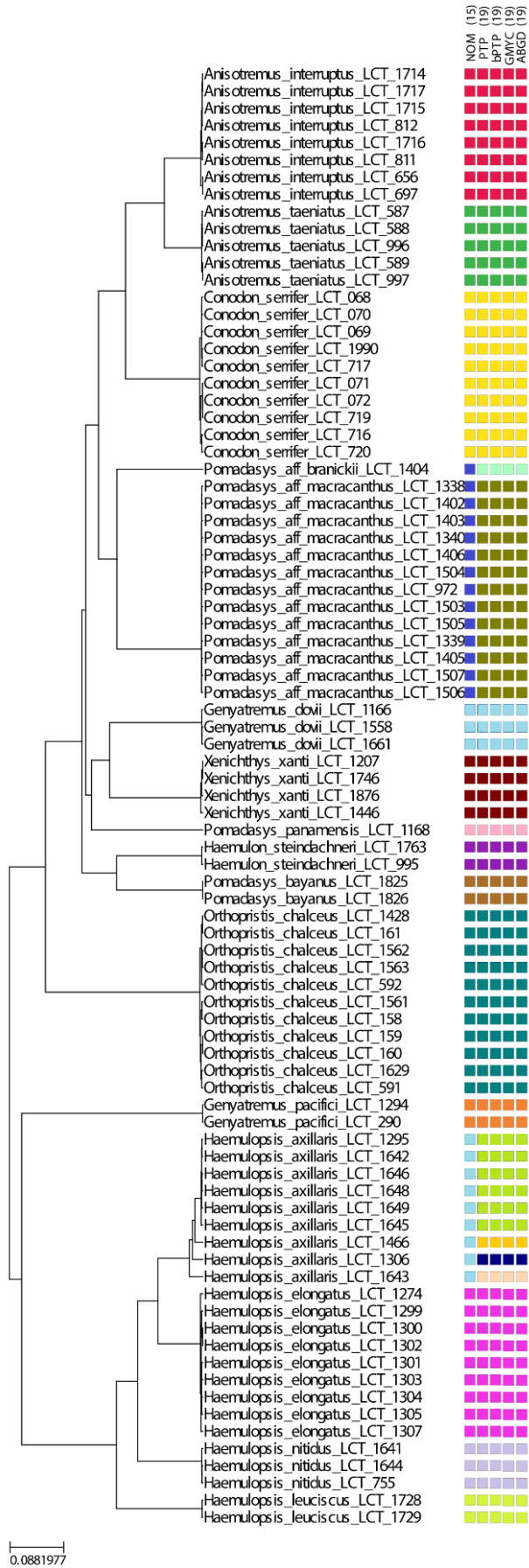


Figura 15. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Haemulidae.

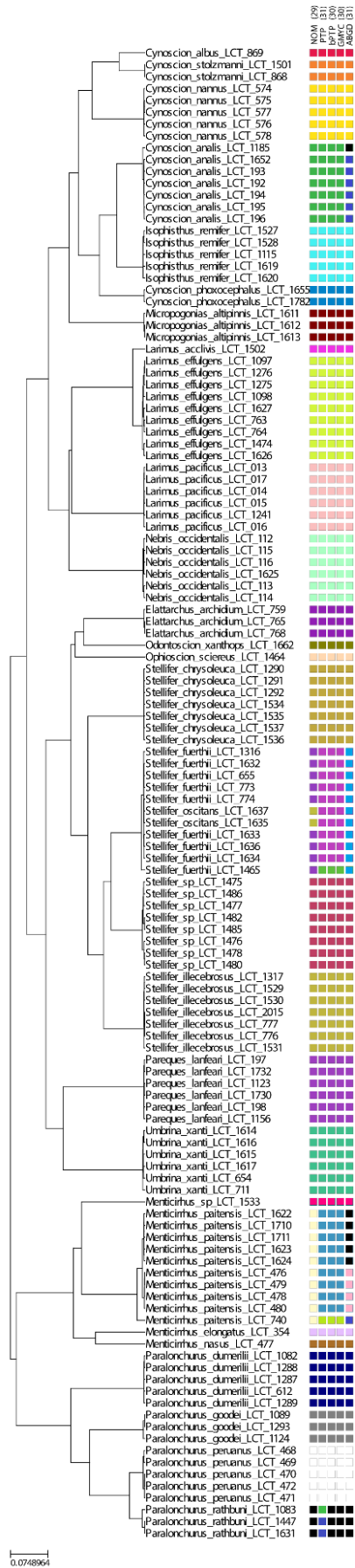


Figura 16. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Sciaenidae.

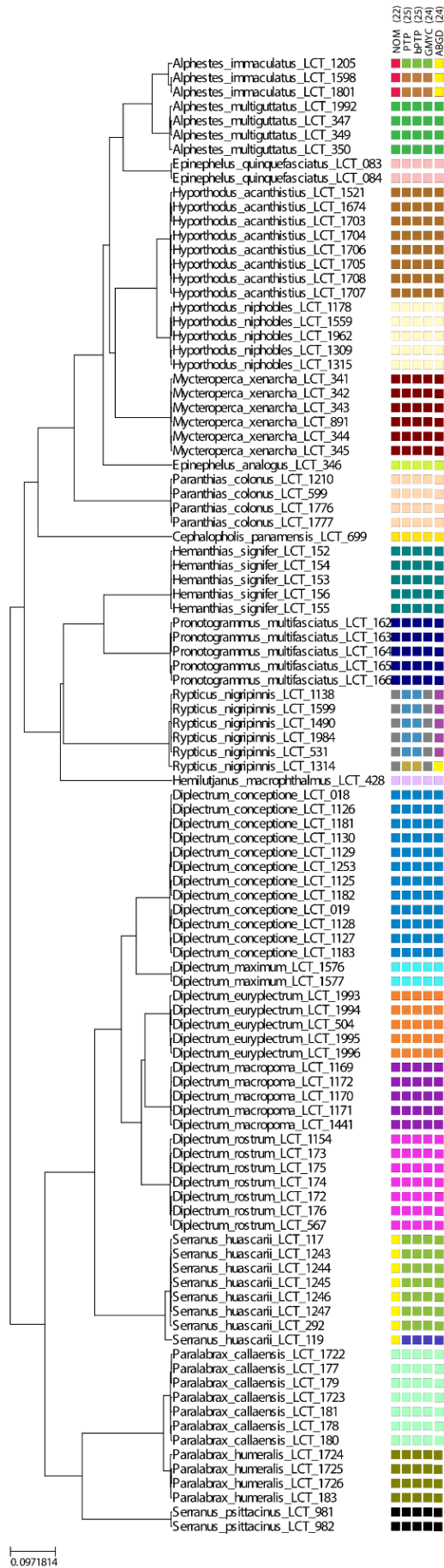


Figura 17. Árbol de bayesiano para delimitar las especies de la Familia Serranidae.

4.1.5. Fichas Taxonómicas

En el Anexo 1, se presentan las Fichas Taxonómicas de las especies de peces marinos de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae. Las fichas proveen información valiosa basadas en la identificación morfológica; además, presentan una descripción, lugar de colecta y código de barra para cada especie. Estas fichas pretenden servir como material de consulta para futuras investigaciones y para el uso en la gestión y conservación de los peces marinos de la región Tumbes.

4.2. Discusión

Identificación taxonómica

Los peces representan el grupo más extenso de vertebrados y exhiben una amplia gama de características morfológicas y adaptaciones biológicas (Xu *et al.*, 2019, p. 108). No obstante, la presencia de numerosas similitudes intraespecíficas y solapamientos entre especies en peces plantea desafíos para la identificación basada únicamente en la morfología. Además, la disminución en el número de taxonomistas ha hecho necesario un enfoque molecular para llevar a cabo una sistemática precisa de las especies (Zhang & Hanner, 2011, p. 40). Es aquí donde los códigos de barras funcionan adecuadamente para el reconocimiento de la gran mayoría de peces en todo el mundo (Elías, 2013, p. 49), como se ha demostrado en este estudio para las especies del orden Perciformes.

En nuestro estudio, identificamos 86 especies nominales, que representan 46 géneros agrupados en las 4 familias mencionadas, dentro del orden Perciformes (Tabla 3, 4, 5 y 6). En base a los análisis con la herramienta BLAST en el BOLD SYSTEM, corroboramos que todas las secuencias del gen *COI* corresponden a las especies previamente identificadas morfológicamente.

Distancias genéticas

En cuanto a las distancias intraespecíficas K2P de las especies de peces identificados genéticamente, para el caso de la familia Carangidae (con 19 especies), se observó un rango de 0,04 - 1,04%. En *A. ciliaris*, no fue posible calcular la distancia intraespecífica pues solo se contó con un ejemplar. Mientras que, en la familia Haemulidae, se encontró un rango de 0 - 2,04%. En la familia Scianidae, la distancia intraespecífica de 5 especies (*L. effulgens*,

M. paitensis, *P. rathbuni*, *Stellifer sp.* y *U. xanti*) fue de 1%; mientras que, en las demás especies (17 especies) fue de 0%. Para la familia Serranidae, se obtuvo un rango de distancia intraespecífica de 0 – 1.96%. Sin embargo, este análisis estuvo limitado en ciertas especies, pues solo se contaba con un ejemplar; tal es el caso de *D. macrosoma*, *E. bipinnulata*, *H. leucurus* y *S. brevoortii*, en la Familia Carangidae; *P. aff. branickii* y *P. panamensis*, en la Familia Haemulidae; *C. albus*, *L. acclivis*, *Menticirrhus sp.* *M. nasus*, *M. elongatus* y *O. xanthops*, en la Familia Sciaenidae; *C. panamensis*, *E. analogus* y *H. macrophthalmus*, en la Familia Serranidae. Por lo tanto, incluir un mayor número de ejemplares resultaría beneficioso para mejorar los análisis de distancias.

Las distancias interespecíficas K2P arrojaron valores que oscilan de 8 - 31% para la familia Carangidae; de 11 - 31 % en la familia Haemulidae; de 0 - 29 % en la familia Sciaenidae y por último valores de 3 - 31% en la familia Serranidae. Los valores bajos o nulos (0%), como por ejemplo los encontrados entre los ejemplares *S. oscitans* y *S. fuerthii*, en la familia Sciaenidae, tuvieron secuencias de ADN similares, y los ejemplares con valores altos, probablemente, serían especies muy emparentadas. Estos resultados guardan relación con estudios anteriores, como un estudio de peces marinos de la familia Sciaenidae, en donde la distancia intraespecífica K2P encontrada fue de 0,16% (Rosas *et al.*, 2018, p.3), mientras que, en peces marinos de Brasil la distancia K2P intraespecíficas fue 0,40% y la distancia media entre individuos congénicos fue 12,35% (Ribeiro, 2012, p.24). En otro estudio de peces marinos del Mediterráneo, se encontró una distancia media de K2P intraespecífica de 0,39% y la distancia interespecífica fue de 8,91% (Landi *et al.*, 2014) y para peces en China, la distancia promedio intraespecífica fue de 0.33% (rango 0 - 0.81%), mientras que la distancia genética promedio entre congéneres fue de 3.43% (rango 0.74 - 8.39%) (Xu *et al.*, 2019, p.108).

Los valores de distancias intraespecíficas e interespecíficas determinadas en las familias analizadas (0 - 31,0%) del presente estudio, difieren en los valores reportados por Zhang *et al.* (2017, p. 6), quienes estudiaron a la Familia Syngnathidae, reportando distancias intraespecíficas e interespecíficas entre de 0,49 y 12,53%, respectivamente; este aumento en la distancia genética a través de los niveles taxonómicos más altos apoya un cambio significativo en la genética y la divergencia en los límites de las especies. Además, estas diferencias entre géneros probablemente reflejan la duración y la historia de la divergencia

de las especies, aunque algunas especies dentro de los géneros pueden ser más antiguas que otras (Nwani, 2011, p. 4; Xu *et al.*, 2019, p. 109).

Barcode gap

Un criterio de calidad para determinar la aplicación correcta de la técnica de DNA Barcode es el concepto de “Barcode gap” (Hebert *et al.*, 2004, p 1657). El Barcode gap presenta la relación entre las distancias inter e intraespecíficas de las secuencias, en donde se espera que la distancia interespecífica sea 10 veces mayor (10x) a la distancia intraespecífica (Vera *et al.*, 2012, p. 201). En nuestros resultados, solo confirmamos Barcode gap en las Familias Carangidae y Serranidae (7.69x y 3x, respectivamente), aunque ambos valores están por debajo del nivel óptimo, especialmente en la Familia Serranidae.

En otros Perciformes pertenecientes a la Familia Lutjanidae, se ha encontrado Barcode gap con distancia interespecífica de 4.9% entre los grupos (Guimarães-Costa *et al.*, 2019, p. 4), el cual también está por debajo del nivel de Barcode gap óptimo; sin embargo, debido a la complejidad para poder clasificar taxonómicamente a esta familia, la técnica de DNA Barcode resulta más fiable y precisa. Por otro lado, en las Familias Haemulidae y Sciaenidae no se ha observado Barcode gap, debido a la alta distancia intraespecífica entre las secuencias, lo cual sugiere que podrían existir especies crípticas entre las muestras (Koroivaa & Kvistc, 2017, p. 1). Estudios más detallados en estas familias son necesarios para revelar nuevas especies en esta familia.

Delimitación de MOTUs

Pinacho *et al.* (2018, p. 39), reportan que, para realizar una mejor investigación de delimitación de especies es necesario el análisis de datos a través de una amplia variedad de métodos y delimitación de linajes genéticos consistentes en todos los resultados. Es por ello que, en nuestro estudio se usaron los métodos PTP (Poisson Tree Processes), bPTP (Bayesian Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent) y ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery), para tener una mejor designación de especies en cada familia estudiada.

En cuanto al análisis de los MOTUs, la identificación taxonómica de 16 especies (nominal), en la Familia Haemulidae, no concordó con la identificación de 15 MOTUs. De acuerdo a de Mestier *et al.* (2023, p. 1), algunos especímenes individuales que corresponden

a especies aceptadas pueden aparecer dentro de un mismo clado de alguna especie estrechamente emparentada. Normalmente, estos casos se dejarían sin decidir, sin embargo, se requieren decisiones taxonómicas tomando más información sobre el espécimen.

El método ABGD se usó para confirmar la concordancia entre agrupaciones de secuencias y designaciones de especies a través de la taxonomía (Díaz *et al.*, 2016, p. 4). Mediante este análisis, se delimitaron las especies según los datos de la secuencia de un solo locus. De las 86 especies identificadas morfológicamente, 87.21% se delimitaron bien a través de ABGD y se encontró concordancia con el análisis de Neighbour-joining (NJ).

La distancia genética por el análisis ABGD, sugiere que, algunas especies de la familia Carangidae (Figura 14), se observó que cuatro ejemplares de *S. peruviana* y un ejemplar de la especie *O. altus* (LCT_006) se separaron del grupo formando MOTUs diferentes. Por otro lado, en la familia Haemulidae (Figura 16), no se confirmó la estimación de los grupos formados por el análisis NJ con la aplicación del método ABGD, pues tres ejemplares de la especie *H. axillaris* (LCT_1466, LCT_1306 y LCT_1643) formaron MOTUs distintos. En las especies de la familia Scianidae (Figura 16), como *S. oscitans*, podrían pertenecer a la especie *S. fuerthii*, debiéndose corroborar con el análisis de más ejemplares u otros marcadores moleculares. Así mismo, se observó que, en la familia Serranidae (Figura 17), un ejemplar de *S. huascarii* (LCT_119) y *R. nigripinnis* (LCT_1314) formaron MOTUs diferentes, por lo que podrían pertenecer a una especie nueva.

Así mismo, se usó el método GMYC diseñado para delimitar agrupamientos de árboles de genes de un solo locus y para delimitar especies putativas de datos del tipo código de barras (Kartavtsev, 2017, p. 6). Como se aprecia en el Figura 15, el análisis por GMYC pronosticó que hay 21 MOTUs, algunos de los cuales fueron incongruentes para los árboles de la familia Carangidae, ya que 4 ejemplares de la especie *S. peruviana* se separaron en un grupo individual, lo cual podría deberse a que al tener muchas secuencias de esta especie (12), aumentó la probabilidad de recuperar haplotipos raros y divergentes; siendo interpretadas como especies adicionales (Michonneau, 2016). Mientras que, en la familia Haemulidae (Figura 14), notamos que 3 ejemplares de *H. axillaris* forman tres MOTUs distintos (LCT_1466, LCT_1306 y LCT_1643). Por su parte, en la familia Sciaenidae, la especie *S. oscitans* se agrupó con *S. fuerthii*, coincidiendo con el método PTP, bPTP y ABGD. Por el contrario, un espécimen de *M. paitensis* (LCT_740) formó un clado independiente de los demás ejemplares del grupo, que coincidió con el análisis PTP y bPTP.

En base a estos análisis, inferimos que estas dos especies son posibles especies crípticas. En cuanto a las especies de la familia Serranidae, se encontró discrepancias con el análisis GMYC, pero únicamente en un ejemplar de las especies *A. immaculatus* (LCT_1205) y *S. huascarii* (LCT_119).

En el presente estudio, se observó que con el análisis de NJ, ABGD y GMYC en la familia Sciaenidae (Figura 9 y 17), el grupo taxonómico compuesto por *Stellifer* forma un clado fuertemente relacionado con *O. scierus* y las especies *S. fuerthii* y *S. oscitans* se consideraron en un solo grupo; por lo que se confirma lo descrito por Barbosa *et al.* (2014, p. 6), quienes encontraron que las especies con similitudes morfológicas del grupo de *Stellifer* (*Stellifer* sp., *S. rastrifer* y *S. stellifer*) forman un clado estrechamente relacionado con *Ophioscion*, el cual considera la necesidad de una revisión taxonómica más sistemática de este grupo. Por lo tanto, se sugiere realizar más análisis para las especies de la familia Sciaenidae y Haemulidae; evitando una errónea asignación de especies en dichas familias. Asimismo, *O. xanthops* y *E. archidum* son especies cercanas que requieren ser evaluadas para establecer una correcta delimitación.

En cuanto a los análisis PTP y bPTP, en la familia Carangidae, sólo se observó discrepancia entre 4 especímenes de *S. peruviana* (LCT_105, LCT_1104, LCT_1113 y LCT_1231). Según Reed *et al.* (2001, p. 468), la clasificación molecular del género *Selene* es complicada, especialmente en *S. orstedii*, requiriendo una correcta colocación filogenética y análisis morfológicos detallados. Esto también ha sido observado en este estudio, pues, en el análisis NJ, *S. orstedii* estuvo altamente relacionado con *D. macrosoma*, distante de *S. peruviana* y *S. brevoortii*.

Por su parte, en la Familia Haemulidae, los análisis PTP y bPTP coincidieron con los resultados de los métodos GMYC y ABGD, proponiendo 3 MOTUs separados en *H. axillaris*. Esto se deba probablemente a la variabilidad genética de estos 3 ejemplares (LCT_1466, LCT_1306 y LCT_1643). De acuerdo a Maharachchikumbura *et al.* (2021, p. 160), un enfoque integrativo entre los métodos de delimitación ayudaría a descubrir especies crípticas; en tal sentido, los análisis de PTP, bPTP GMYC y ABGD que concuerdan en separar a estos ejemplares proporcionan evidencia suficiente para sugerir la posibilidad de una especie críptica dentro de *H. axillaris*, que requiere más estudios. La investigación realizada por Sanciangco *et al.* (2011, p. 44), en el orden Perciformes, agrupó dentro de un

mismo clado a las especies *H. axillaris*, *H. nitidus* y *H. leuciscus*, similar a nuestros resultados, con excepción a los 3 ejemplares mencionados.

La familia Scianidae fue la que presentó mayores discrepancias en los análisis PTP y bPTP. En *S. fuerthi*, solo un espécimen fue separado en un MOTUs independiente. En un estudio de especies de *Stellifer* del Atlántico, se ha descubierto que algunas de estas especies no son monofiléticas, pudiendo haber provenido de ancestros diferentes (Barbosa *et al.*, 2014, p. 5). Por lo que, el ejemplar que se agrupó con un MOTUs independiente, podría ser una especie distinta o con alta variabilidad en el gen *COI*. En otro ejemplar de *M. paitensis* se encontró concordancia entre el análisis PTP, bPTP y GMYC, pero no con el análisis ABGD, lo cual se deba al mayor número de ejemplares incluidos en el análisis. Por el contrario, en un ejemplar de *P. rathbuni* (LCT_1083), el análisis PTP no coincidió con los otros análisis de delimitación, lo cual pueda estar atribuido a una limitación del método para clasificar los MOTUs en esta especie en particular, es por ello que, el análisis integrativo de todos los métodos en conjunto debe ser considerado para definir correctamente a las especies.

En cuanto a la familia Serranidae, el método PTP coincidió con los métodos bPTP y GMYC, al separar un ejemplar de la especie *A. immaculatus* (LCT_1205) con otro MOTUs, pero no concordó con el método ABGD. La mayoría de los especímenes coincidieron entre el análisis PTP y bPTP, excepto el ejemplar de la especie *S. huascarii* (LCT_119) y el ejemplar *R. nigripinnis* (LCT_1314), que formaron MOTUs independientes delimitados con los análisis PTP, bPTP, GMYC y ABDG, lo cual también sugiere que estos podrían pertenecer a una especie distinta. Sin embargo, no se han encontrado reportes en cuanto a delimitaciones basadas en herramientas moleculares para *A. immaculatus*, por lo cual se requiere mayores estudios para explicar la diferencia entre los MOTUs reportados, así como incluir al menos 5 ejemplares en el análisis. Con respecto a la especie *R. nigripinnis* (“mero jabonoso negro”), Ordinala (2020, p. 56), reportó resultados que concuerdan con este estudio, utilizando ABGD, mediante lo cual encontró alta divergencia genética, evidencia que lo llevó a proponer algunas especies nuevas o crípticas.

ADN Barcode para la Gestión de la Conservación

Las herramientas moleculares, como los códigos de barra de ADN, desempeñan un papel fundamental en la rápida y precisa identificación de especies de peces marinos. Esto

contribuye de manera significativa a avanzar en el reconocimiento de la biodiversidad marina. Este enfoque permite cumplir con las disposiciones establecidas en la Ley N° 26839, que se refiere a la Conservación y Aprovechamiento Sostenible de la Biodiversidad Biológica. Además, está en línea con el compromiso asumido en el Convenio sobre la Diversidad Biológica, que implica la creación de un inventario nacional que documente nuestra diversidad biológica y la realización de un seguimiento anual de su estado. El Plan Estratégico de la Diversidad Biológica 2011-2020 y las Metas de Aichi subrayan la importancia de la taxonomía integradora, especialmente en la Meta 12, que se enfoca en evitar la extinción de especies amenazadas y mejorar y mantener su estado de conservación, particularmente para aquellas en declive. En este contexto, el ADN Barcode desempeña un papel fundamental en la identificación de especies y esto tiene consecuencias significativas en términos de conservación. Además, es esencial recordar que no podemos proteger ni gestionar de manera sostenible lo que no conocemos adecuadamente (von May *et al.*, 2012, p. 352).

Por otro lado, el plan estratégico Institucional del departamento de Tumbes 2019-2022, menciona que, entre sus objetivos estratégicos se encuentra garantizar el aprovechamiento sostenible de los recursos naturales, incluyendo entre sus acciones la asistencia técnica en conservación de la biodiversidad y el ambiente. En este sentido, al contar con los datos del ADN Barcode de las familias de peces que habitan en las costas de la región Tumbes permitirá facilitar el monitoreo y toma de decisión en la conservación de la Biodiversidad y mejorar el manejo en la gestión de las pesquerías de la zona.

Aunque algunas de las especies de peces analizadas en este estudio pueden no tener un gran valor económico, desempeñan un papel crucial en el ecosistema. Además, se considera que todas las demás especies son igualmente importantes en el ecosistema, ya que tienen representantes en todas las redes y niveles tróficos. Su variada dieta les permite desempeñar un papel esencial en varios aspectos, como el ciclo de nutrientes, la regulación de la resiliencia del ecosistema, la redistribución de sedimentos en el fondo marino, la regulación de los flujos de carbono hacia la atmósfera y el mantenimiento de procesos de sedimentación. Además, contribuyen a la preservación de la diversidad genética de las especies y la diversidad de los ecosistemas (Huertas, Sanín & Cataño, 2018, p. 80).

El patrimonio natural desempeña un papel fundamental en el bienestar de la sociedad gracias a sus diversas funciones ecosistémicas, que contribuyen a mantener y satisfacer las

necesidades de la vida humana. En este contexto, la valoración económica busca asignar valores numéricos a los bienes y servicios ecosistémicos, incluso cuando estos no tienen un precio establecido en un mercado (MINAN, 2015).

En ese sentido, los resultados obtenidos permiten inferir que esta metodología se puede emplear para registrar la biodiversidad del litoral peruano a través del ADN Barcode y esa información puede servir para estudios de biodiversidad, monitoreo de especies, y de Valoración Económica de Patrimonio Natural; cuyo propósito es conservar y proteger los recursos naturales. Por lo tanto, la gestión de los recursos acuáticos debe estar dirigida, principalmente, a preservar las especies con valor de uso directo, es decir con valor de consumo o económico. No obstante, hay especies que carecen de valor económico pero que merecen la misma atención debido a que poseen un valor de existencia. Este valor de existencia se refiere al aprecio que las personas tienen hacia los ecosistemas y las especies simplemente por el hecho de su existencia, sin que necesariamente estén relacionados con beneficios económicos directos (MINAN, 2016, p. 30).

Según García *et al.* (2017, p. 198), se argumenta que el sistema de monitoreo actual, que se basa en el análisis morfológico, requiere ser complementado con otras herramientas, como el análisis molecular. Esta última técnica permite una identificación precisa a nivel de especie, ya sea de especímenes completos (adultos, larvas y juveniles) o de sus partes (subproductos), e incluso de sus huevos. Un ejemplo concreto es el estudio de los stocks pesqueros, donde el uso de bancos de secuencias como punto de comparación desempeña un papel vital en los planes de manejo y conservación de estos recursos. Además, puede ser de utilidad en investigaciones relacionadas con la biología reproductiva de las especies (Agencia CYTA, 2016, p. 1).

En ese sentido, los datos obtenidos del presente estudio contribuirán en el avance de la construcción de la biblioteca de código de barras genético de los peces marinos del Perú, los cuales se podrán apreciar en la página www.boldsystems.org, para usar la información en la gestión de la diversidad marina, con la finalidad de orientar a los procesos de valoración económica de la biodiversidad y al ordenamiento marino costero.

En este contexto, el Ministerio del Ambiente (MINAM), a través de la Dirección General de Diversidad (DGDB), impulsa el desarrollo y la puesta en marcha de la Plataforma Nacional de Intercambio de Información sobre la Diversidad Biológica. Este proyecto se

concibe como un sistema de información que abarca desde datos taxonómicos fundamentales hasta información estratégica, que no se limita únicamente a especies, ecosistemas y genes, sino que también abarca aspectos sociales (MINAM, 2015). La identificación molecular de las especies de peces marinos identificados en este estudio mediante el ADN Barcode, puede contribuir como información básica en la Plataforma Nacional de Información de la Diversidad Biológica, para ayudar a monitorear y administrar las poblaciones de especies de peces marinos promoviendo un uso sostenible evitando su extinción.

Los Códigos de Barra de la Vida llamado también ADN Barcode, empleado en este estudio, permitió la identificación precisa y rápida de las especies de las cuatro familias analizadas, los cuales brindarán un gran impulso al reconocimiento de la biodiversidad biológica en la región Tumbes y permitirá ejercer impactos en la sociedad como gestión de recursos marinos y la conservación de la biodiversidad. Finalmente, las fichas taxonómicas elaboradas en este estudio resultan en una herramienta científica para la toma de decisiones en asuntos de pesquerías y conservación en la región Tumbes, siendo este el primer reporte de fichas taxonómicas para las familias del orden Perciformes de Perú.

CAPITULO V

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1. Conclusiones

Al realizar los análisis con el NJ se demostró que las distancias genéticas basada en el gen *COI* coincidieron con la identificación taxonómica en la mayoría de las especies de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae.

El análisis de delimitación con los métodos PTP, bPTP, GMYC y ABGD corroboró la identidad de las especies de las cuatro familias, sin embargo, se observaron algunas discrepancias, principalmente en la familia Sciaenidae, en *S. oscitans*, *S. fuerthii* y *C. analis*, en la familia Haemulida, en *P. branickii* y *P. macracanthus*, y en la familia Serranidae, en *A. immaculatus* y *R. nigripinnis*, las cuales podrían ser posibles especies nuevas o crípticas.

Este estudio confirma la capacidad del ADN Barcode en la identificación de las 86 especies de peces marinos de las familias Carangidae, Haemulidae, Sciaenidae y Serranidae, el cual proporcionó información a la biblioteca de referencia de secuencia de código de barras y tiene aplicaciones importantes en la conservación de la biodiversidad marina, la gestión de recursos pesqueros y la valoración económica del patrimonio natural, a la vez que contribuye a los esfuerzos de monitoreo y conservación de las especies marinas en la región de Tumbes.

5.2. Recomendaciones

Realizar una revisión taxonómica más sistemática del grupo de la familia Sciaenidae y Haemulidae; evitando una errónea asignación de especies en dichas familias.

Continuar con la investigación para incluir más especies de peces en la base de datos de códigos de barras de ADN. Esto ampliará el conocimiento sobre la diversidad de especies en la región Tumbes y ayudará a identificar posibles especies crípticas o variantes genéticas dentro de las especies conocidas.

Es necesario realizar estudios de genética poblacional de las familias estudiadas en litoral costero de Tumbes que permitan establecer adecuadamente unidades de manejo para la conservación de la especie.

Utilizar los códigos de barras de ADN como una herramienta de monitoreo constante de las poblaciones de peces en la región de Tumbes. Esto permitirá detectar cambios en las poblaciones, identificar especies en peligro y ayudar en la gestión sostenible de los recursos pesqueros.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AgenciaCyta. (2016). Arman Biblioteca De “Código De Barras” Genético De Peces De Paraná Inferior. Recuperado de: <https://www.agenciacyta.org.ar/2016/09/arman-biblioteca-de-codigo-de-barras-genetico-de-peces-de-parana-inferior/>
- Aguilar, A., Alonso, G. y Barrero, M. (2012). IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE ATÚN (*Thunnus* spp) EN VENEZUELA UTILIZANDO LA TÉCNICA DE PCR. Revista Científica, FCV-LUZ. 22(4):368 – 375.
- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. y Walter P. (2008). Biología molecular de la célula. Quinta Edición. Ed. Omega.1539 p.
- Aljanabi, M. S., y Martinez, I. (1997). Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic ADN for PCR-techniques. Nucleic acids research. 25(22):4692-4693.
- Altamirano, A. y Yáñez, P. (2016). El código de barras de ADN (barcoding): una herramienta para la investigación y conservación de la diversidad biológica en el ecuador. La Granja: Revista de Ciencias de la Vida. 23(1):5-13.
- Alvarado, R. (1990). Sistemática, Taxonomía, Nomenclatura. Nuevos avances en esos campos del saber. Universitat de les Illes Balears. Departament de Biologia Fonamental. Rev. Trazos. p.43.
- Álvarez, M. (2012). IDENTIFICACIÓN MOLECULAR MEDIANTE SECUENCIACIÓN Y PCR MULTIPLEX DEL PEZ VELA (*Istiophorus platypterus*: Istiophoridae) EN COSTA RICA. (Tesis Ballicher). 62 p.
- Álvarez-González, C. A., Martínez, C. R., Martínez-García, R., Darias, M. J., Vissio, P., Peña-Marín, E. S., ... & Gisbert, E. (2022). Carta Acuícola Iberoamericana.
- Bañon, R. (2016). *Ictiofauna Del Banco De Galicia: Composición Taxonómica y Aspectos Biogeofiguras*. (Tesis Doctoral). Universidad de Vigo, España.

- Barahona, S. (2017). Patrones Filogeográficos de dos Moluscos Intermareales a lo largo de un gradiente Biogeográfico en la Costa Norte del Perú. Universidad Cayetano Heredia. (Tesis de Maestría). 94p.
- Barbosa, A. J. B., Sampaio, I., Schneider, H., y Santos, S. (2014). *Molecular Phylogeny of Weakfish Species of the Stellifer Group (Sciaenidae, Perciformes) of the Western South Atlantic Based on Mitochondrial and Nuclear Data. PLoS ONE, 9(7), e102250.*doi: 10.1371/journal.pone.0102250
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., y Jianjun, W. (2018). *ADN barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. PLOS ONE, 13(6), e0198109.*doi: 10.1371/journal.pone.0198109.
- Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C., Xie, D., Suchard, M.A., Caiafa, I., Narváez, J. y Acero, A. (2018). Genetic variation and genetic structure of *Caranx hipos* (Teleostei: Carangidae) in the Colombian Caribbean. *Rev. Biol. Trop. (Int. J. Trop. Biol. ISSN-0034-7744) Vol. 66(1): 122-135.*
- Caillaux, M. Campbell. (2011). Cambios en el índice trófico marino de las capturas de los principales recursos pesqueros de la costa peruana desde el año 1950 hasta el 2008. Tesis para obtener el título de Ingeniero Pesquero.
- Candek, K. y Kuntner, M. (2015). ADN barcoding gap: reliable species identification over morphological and geographical scales. *Molecular Ecology Resources* .15: 268–277. doi: 10.1111/1755-0998.12304
- Chirichigno, F. (1978). Nuevas adiciones a la ictiofauna marina del Perú. Informe N°46. Instituto del Mar del Perú, IMARPE. Callao - Perú. 109 p.
- Chirichigno, N. y Vélez J. (1998). Clave para identificar los peces marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. Publicación Especial. Callao - Perú. 500 p.
- Chirichigno, N. y Cornejo, M. (2001). Catálogo comentado de los peces marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú, IMARPE, Publicación Especial. Callao- Perú. 314 p.
- Cutipá-Luque, L. M., Alvarino, L., & Iannacone, J. (2020). Situación actual de las áreas marinas protegidas en el Perú y propuestas de conservación. *Paideia XXI, 10(2), 573-612.*
- da Silva, R., Peloso, P. L., Sturaro, M. J., Veneza, I., Sampaio, I., Schneider, H., & Gomes, G. (2018). Comparative analyses of species delimitation methods with molecular data in snappers (Perciformes: Lutjaninae). *Mitochondrial DNA Part A, 29(7), 1108-1114.*

- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R., Posada, D. (2012). JModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9: 772.
- Daza, L. y Montenegro, S. (2018). Uso del Gen Citocromo Oxidasa I (*COI*) y Código de Barras en estudios de Genética y Biología Molecular para la identificación de especies animales. Universidad Nacional Abierta a Distancia. Fusagasugá - Colombia. p.34.
- De la Cadena, G. (2016). Eliminación de impedimentos taxonómicos y ecológicos en “hot-spots” de biodiversidad mediante herramientas moleculares: los Chrysomelidae y sus asociaciones tróficas en el bosque seco tropical de Nicaragua. (Tesis Doctoral). Universidad Barcelona. 215 p.
- de Mestier, A., Lücking, R., Gutierrez, J., Brokamp, G., Celis, M., & Borsch, T. (2023). Nested singletons in molecular trees: Utility of adding morphological and geographical data from digitized herbarium specimens to test taxon concepts at species level in the case of *Casearia* (Salicaceae). *Ecology and Evolution*, 13(1), e9736.
- Demarchi, D. (2009). Microsatélites, Distancias genéticas y estructura de Poblaciones Nativas Sudamericanas. *Revista Argentina de Antropología Biológica*. 11(1):73-88.
- Deng, H., He, J., Feng, D., Zhao, Y., Sun, W., Yu, H., & Ge, C. (2021). Microplastics pollution in mangrove ecosystems: a critical review of current knowledge and future directions. *Science of the Total Environment*, 753, 142041.
- De Salle, R. O. B. (2006). Species discovery versus species identification in DNA barcoding efforts: response to Rubinoff. *Conservation Biology*, 20(5), 1545-1547.
- Díaz, J., Villanova, G., Brancolini, F., Del Pazo, F., Posner, V., Grimberg, A. y Arranz, S. (2016) First ADN Barcode Reference Library for the Identification of South American Freshwater Fish from the Lower Paraná River. *PLoS ONE* 11(7): e0157419. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157419>
- Do, T. D., Choi, T. J., Kim, J. I., An, H. E., Park, Y. J., Karagozlu, M. Z., & Kim, C. B. (2019). Assessment of marine fish mislabeling in South Korea's markets by DNA barcoding. *Food Control*, 100, 53-57.
- Donayre-Salazar, S., Higaki Moyano, K., Roque-Sánchez, M., Lorenzo, A., & Barriga Rivera, E. (2022). Especies de Carangidae inusuales durante el Niño costero 2017 en el litoral de Pisco, sur del Perú. *Revista peruana de biología*, 29(1).

- Duncan, N. J., Estévez, A., Fernández-Palacios, H., Gairin, I., Hernández-Cruz, C. M., Roo, J., ... & Vallés, R. (2013). Aquaculture production of meagre (*Argyrosomus regius*): hatchery techniques, ongrowing and market. In *Advances in aquaculture hatchery technology* (pp. 519-541). Woodhead Publishing.
- Elías Gutiérrez, M. (2013). “Códigos de Barras de la Vida en Peces y Zooplancton de México”. El Colegio de la Frontera Sur. Unidad Chetumal. Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. HE009. México D.F.536 p.
- Escobar, R., Luna-Acosta, A., y Caballero, S. (2018). *ADN barcoding, fisheries and communities: What do we have? Science and local knowledge to improve resource management in partnership with communities in the Colombian Caribbean. Marine Policy*. p: 1-8. doi: 10.1016/j.marpol.2018.08.025
- Erauskin-Extramiana, M., Herzka, S. Z., Hinojosa-Arango, G., y Aburto-Oropeza, O. (2017). An interdisciplinary approach to evaluate the status of large-bodied Serranid fisheries: The case of Magdalena-Almejas Bay lagoon complex, Baja California Sur, Mexico. *Ocean & Coastal Management*, 145, 21-34.
- Flores, M. (2018). "Caracterización morfológica y molecular de las especies de peces de consumo comercializados en la ciudad de Iquitos (Amazonía Peruana), 2016". (Tesis de Licenciado). San Juan, Perú. 106 p.
- Floyd, R., Abebe, E., Papert, A., & Blaxter, M. (2002). Molecular barcodes for soil nematode identification. *Molecular ecology*, 11(4), 839-850.
- Fujisawa, T. y Barraclough, T. (2013). Delimiting Species Using Single-Locus Data and the Generalized Mixed Yule Coalescent Approach: A Revised Method and Evaluation on Simulated Data Sets. *Systematic Biology* 62 (5): 707–724.
- García, C., Flores, M., Pinedo, L., Loyola, R., Castro, D., Angulo, C., Mejía, E., Sánchez, H., García, A., Chota, W., Estivals, G., Panduro, H., Nolorbe, C., Chuquipiondo, C., Duponchelle, F. y Renno, J. (2017). APLICACIÓN DEL BARCODING AL MANEJO Y CONSERVACIÓN DE PECES Y SUS SUBPRODUCTOS EN LA AMAZONÍA PERUANA. 26 (2): 195 – 204.
- Gasques, L., Beloni K., Oliveira J. (2013). OS MARCADORES MOLECULARES EM PEIXES E SUAS APLICAÇÕES EM PUBLICAÇÕES DA BASE DE DADOS DO SCIELO. *Arquivos de Ciências Veterinárias e Zootecia*, UNIPAR 16(1): 47-50.

- Ghosh, S., Bankura, B., & Das, M. (2016). DNA Barcoding: a tool to assess and conserve Marine Biodiversity. *DNA Barcoding in Marine Perspectives: Assessment and Conservation of Biodiversity*, 43-61.
- Guimarães-Costa, A., Machado, F., Oliveira, R., Silva-Costa, V., Andrade, M., Giarrizzo, T., Saint-Paul, U., Sampaio, I & Schneider, H. (2019). Fish diversity of the largest deltaic formation in the Americas - a description of the fish fauna of the Parnaíba Delta using ADN Barcoding. *Scientific Reports*, 9(1):1-8. doi:10.1038/s41598-019-43930-z
- Hall, T. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl Acids Symp. Ser*, 41, 95–98.
- Hebert, P., E. Penton, J. Burns, D. Janzen & W. Hallwachs. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrartes fulgerator*. *PNAS*. 41(101):14812-14817.
- Hebert, P. D., & Gregory, T. R. (2005). The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic biology*, 54(5), 852-859.
- Hebert, P.; Cywinska, A.; Ball, S. y De Waard, J. (2003). Biological identifications through ADN barcodes. *Proc. R. Soc. Lond. B*. 270: 313-322.
- Hooker, Y. (2009). Nuevos registros de peces costeros tropicales para el Perú. *Rev. Per Biol*, 16(1), 33-41.
- Hou, G., Chen, W.-T., Lu, H.-S., Cheng, F., y Xie, S.-G. (2017). *Developing a ADN barcode library for perciform fishes in the South China Sea: Species identification, accuracy and cryptic diversity. Molecular Ecology Resources*. 18(1), 137–146.
- Hubert, N., y Hanner, R. (2015). *ADN Barcoding, species delineation and taxonomy: a historical perspective. ADN Barcodes*, 3(1):44-48. doi:10.1515/ADN-2015-0006
- Huertas, J., Sanín, C. y Cataño, A. (2018). Los Peces y sus servicios ecosistémicos en la Cuenca del Río Porce. 40 (108): 72-84.
- IMARPE.2023. Catálogo digital de la Biodiversidad Acuática del Perú. Recuperado en: <https://biodiversidadacuatica.imarpe.gob.pe/>
- Iyiola, O.A., Nneji, L.M., Mustapha, M.K., Nzeh, C.G., Oladipo, S.O., Nneji, I.C., Okeyoyin,A.O., Nwani,C.D., Ugwumba,O.A., Ugwumba,A.A., Faturoti,E.O., Wang,Y.Y., Chen,J., Wang,W.Z. y Adeola, A. C. (2018). ADN barcoding of economically important freshwater fish species from north-central Nigeria uncovers cryptic diversity. *Ecology and Evolution*, 8(14), 1-20.doi:10.1002/ece3.4210

- Jiménez, T., Cárdenas, J., & Soler-Tovar, D. (2017). Biocomercio en el contexto suramericano: Colombia y Perú como estudios de caso. *Revista de Medicina Veterinaria*, (35), 9-15.
- Karahan, A., Douek, J.; Paz, G., Sternb, N.; Erkan, A., Shaishb, L., Gorenc, M. y Rinkevichb, B. (2017). Employing ADN barcoding as taxonomy and conservation tools for fish species censuses at the southeastern Mediterranean, a hot-spot area for biological invasion. *Journal for Nature Conservation*. 36: 1–9.
- Kageyama, M., Monk, R., Bradley, R., Edson, G. y R. Baker. 2006. The changing significance and definition of the biological voucher. *In: S. Williams and C. Hawks (eds.) Museum Studies: Perspectives and Innovations*. Society for the Preservation of Natural History Collections, Washington, D.C., 259-266.
- Kartavtsev, Y. (2017). *Barcode index number, taxonomic rank and modes of speciation: examples from fish. Mitochondrial ADN Part A*, 29(4), 535–542. doi:10.1080/24701394.2017.1315570
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 16 (2):111-120.
- Koroivaa, R. y Kvistic, S. (2017). Estimating the barcoding gap in a global dataset of cox1 sequences for Odonata: close, but no cigar. *Mitochondrial DNA Part A*, 29(5): 765-771. doi: 10.1080/24701394.2017.1357709
- Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2008). DNA barcodes: genes, genomics, and bioinformatics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(8), 2761-2762.
- Krishnamurthy, K. y Francis, R. (2012). A critical review on the utility of ADN barcoding in biodiversity conservation. *Biodivers Conservation*. 21:1901–1919.
- Lakra, W., Singh, M., Goswami, M., Gopalakrishnan, A., Mohindra, V., Sarkar, U., Punia, P., Singh, K., Bhatt, J. y Ayyappan, S. (2015). ADN barcoding Indian freshwater fishes. *Mitochondrial ADN the Journal of ADN Mapping, Sequencing, and Analysis*: 1–8.
- Landi, M., Dimech, M., Arculeo, M., Biondo, G., Martins, R., Carneiro, M., ... & Costa, F. O. (2014). DNA barcoding for species assignment: the case of Mediterranean marine fishes. *PLoS one*, 9(9), e106135.
- Lanteri, A. (2007). Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología. *Rev. Soc. Entomol. Argentina*. 66 (3-4): 15-25.

- Lucano, G., Rivera, E., Ruiz, S., González, G. y Pérez, A. (2016). Reproducción de *Carangoides vinctus* (Perciformes: Carangidae) en el Pacífico Central Mexicano. *Lat. Am. J. Aquat. Res.*, 44(3): 610-622.
- Luque, C. (2008). Estudio de la diversidad hidrobiológica en Tumbes. Instituto del Mar del Perú.
- Maharachchikumbura, S. S., Chen, Y., Ariyawansa, H. A., Hyde, K. D., Haelewaters, D., Perera, R. H., ... & Stadler, M. (2021). Integrative approaches for species delimitation in Ascomycota. *Fungal Diversity*, 109(1), 155-179
- Mancera, M., Gavio, B. y Lasso, J. (2013). Principales Amenazas a la Biodiversidad Marina. *Actual Biol.* 35 (99): 111-133.
- Marín, A., Alfaro, R., Villegas-Llerena, C., Reyes-Flores, L. E., Alvarez-Jaque, I. B., Robles, C., ... & Zelada-Mázmela, E. (2021). Molecular tools against the illegal exploitation of the threatened Pacific seahorse *Hippocampus ingens* Girard, 1858. *Journal for Nature Conservation*, 62, 126030.
- Márquez, C. (2015). Aplicación de los Códigos de Barras de ADN en el descubrimiento de la Diversidad Animal Marina. *CICIMAR. Océánides.* 30(2): 35-52.
- Martinsohn, J., Raymond, P., Knott, T., Glover, K., Nielsen, E., Eriksen, L., Ogden, R., Casey, R. y Guillen, J. (2018). ADN- analysis to monitor fisheries and aquaculture: Too costly? *Fish and Fisheries*.p:1–11.
- Michonneau, F. (2016). Uso de GMYC para la eliminación de especies. Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.838260>
- Miller, M., Pfeiffer, W., and Schwartz, T. (2010). Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. *Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 1–8. doi: 10.1109/GCE.2010.5676129
- MINAN. (2009). Guía Metodológica para la Formulación del Plan de Manejo Integrado de las Zonas Marinocostas. Disponible en: <https://faolex.fao.org/docs/pdf/per188748anx.pdf>
- MINAN. (2012). Reglamento de la Ley N° 29811, Ley que establece la moratoria al ingreso y producción de organismos vivos modificados al territorio Nacional por un período de 10 años.
- MINAM. (25 setiembre, 2015). Instrumentos de Gestión de la Diversidad Biológica. Recuperado de: [http://www.minam.gob.pe/diversidadbiologica/nuestras-lineas-de-](http://www.minam.gob.pe/diversidadbiologica/nuestras-lineas-de)

intervencion/direccion-de-conservacion-sostenible-de-ecosistemas-y-especies/instrumentos-de-gestion-de-la-diversidad-biologica/

- Ministerio del Ambiente (MINAM). (2016). Guía de Valoración Económica del Patrimonio Natural. Disponible en: <https://www.minam.gob.pe/patrimonio-natural/wp-content/uploads/sites/6/2013/10/GVEPN-30-05-16-baja.pdf>
- Minaya, D., Chero, J., Cruces, C., Sáez, G.; Rodríguez, L.; Sandoval, M., Alvariño, L. & Iannacone, J. (2016). Comunidad De Parásitos De “Cachema” *Cynoscion analis* (JENYNS, 1842) (Perciformes: Sciaenidae) En el Pacífico Oriental. *Neotropical Helminthology*. Vol. 10, N°1.p105-119, p.106.
- Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J. Y., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H., Kondohn, M. y Iwasaki, W. (2015). *MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental ADN from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species*. *Royal Society Open Science*, 2(7), 150088. doi:10.1098/rsos.150088
- Morales, J. (2017). Identificación morfológica y molecular de especies de larvas de peces del Golfo de México. Tesis para optar el grado maestro. Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California.México.78p.
- Moreira, W. (2016). *Marcadores Moleculares Con Mayor Polimorfismos Usados En La Caracterización Genética De Peces*. (Monografía). Universidad Técnica de Machala, Ecuador. 50 p.
- Morrone, J. (2000). El lenguaje de la cladística. Universidad Nacional Autónoma de México. Museo de Zoología ‘Alfonso L. Herrera. p. 91.
- Muñoz, S., Ayala, L., Sosa, A. & Villalobos, J. (2013). Distribución y Abundancia de la comunidad de peces en la porción litoral de la Reserva de la Biósfera Los Petenes, Campeche, México. *Rev. Biol. Trop.* 61(1):213-227
- Nelson, J. S. 2006. *Fishes of the world*. John Wiley & Sons. 4th ed. 601 p.
- Nion, H., Marín, Y. A. M. A. N. D. Ú., Meneses, P., & Puig, P. (2013). Distribución batimétrica de la familia Sciaenidae (Perciformes) en el Atlántico Sudoccidental y consideraciones sobre las pesquerías de los peces de esta familia. *Frente Marítimo*, 23, 105-132.
- Nwani, C., Becker, S., Braid, h., Ude, E., Okogwu, O., y Hanner, R. (2011). ADN barcoding discriminates freshwater fishes from southeastern Nigeria and provides river system-

- level phylogeographic resolution within some species. Mitochondrial ADN; Early Online: 1–9.
- Ordinola, A. (2020). Identificación mediante la técnica de DNA *barcode* de los peces de manglar de la region Tumbes.2016-2018.
- Packer L, Gibbs J, Sheffield, C. y Hanner R. (2009). ADN Barcoding and the Mediocrity of Morphology. *Mol Ecol Resour.* 9:42-50.
- Páiz, L. y Huete, J. (2008). ADN Barcode, una alternativa para identificar especies del Complejo Midas Cichlidae en Nicaragua. N° 81: 101- 113.
- Pavan, A., Gireesh, P., Jaiswar, A., Chaudhari, A., Krishna, G. y Lakra, W. (2016). ADN Barcoding of Marine Fishes: Prospects and Challenges. In: Trivedi, S., Ansari, A., Ghosh, S., Rehman, H. (eds.) ADN Barcoding in Marine Perspectives. Springer, Cham.
- Paz, A., González, M., y Crawford, A. (2011). Códigos de Barras de la vida: Introducción Y Perspectiva. *Revista Biol. Colomb.*, Vol. 16 (3):161 – 176
- Pejovic, I., Ardura, A., Miralles, L., Arias, A., Borrell, J. y Garcia-Vazquez, E. (2016). DNA barcoding for assessment of exotic molluscs associated with maritime ports in northern Iberia, *Marine Biology Research*, 12:2, 168-176, doi:10.1080/17451000.2015.1112016
- Pinacho, C., García, M., Sereno, A. y Pérez, G. (2018). *A hyper-diverse genus of acanthocephalans revealed by tree-based and non-tree-based species delimitation methods: Ten cryptic species of Neoechinorhynchus in Middle American freshwater fishes. Molecular Phylogenetics and Evolution*, 127, 30–45.doi: 10.1016/j.ympev.2018.05.023
- Povh, J., Lopera-Barrero, N., Ribeiro, R., Lupchinski, E., Gomes, P. y Lopes, T. (2008). Genetic monitoring of fish repopulation programs using molecular markers. *Cien. Inv. Agr.* 35(1):5-15.
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., & Achaz, G. (2011). *ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. Molecular Ecology*, 21(8), 1864–1877.doi:10.1111/j.1365-294x.2011.05239.x
- Rajeshkannan, R. (2017). “Generation of ADN Barcode data base for Cardinal fishes of Tamil Nadu Coast”. Tesis Maestria. Tamil Nadu Fisheries University.p.84.
- Ramírez, J. L., Simbine, L., Marques, C. G., Zelada-Mázmela, E., Reyes-Flores, L. E., López, A. S., ... & Freitas, P. D. (2021). ADN Barcoding of Penaeidae (Decapoda;

Crustacea): Non-Distance-Based Species Delimitation of the Most Economically Important Shrimp Family. *Diversity*, 13(10), 460.

- Ramirez, J. L., Valdivia, P., Rosas-Puchuri, U., & Valdivia, N. L. (2023). SPdel: A pipeline to compare and visualize species delimitation methods for single-locus datasets. *Molecular Ecology Resources*.
- Ratnasingham, S., y Hebert, P. (2007). bold: The Barcode of Life Data System. *Mol Ecol Notes*, 7(3):355–364. Recuperado de: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1890991/>
- Reed, D. L., degravelle, M. J., & Carpenter, K. E. (2001). Molecular systematics of *Selene* (Perciformes: Carangidae) based on cytochrome b sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 21(3), 468-475.
- Reis, R., Albert, J., Di Dario, F., Mincarone, M., Petry, P., y Rocha, L. (2016). *Fish biodiversity and conservation in South America. Journal of Fish Biology*, 89(1), 12–47. doi:10.1111/jfb.13016
- Ribeiro, A. de O., Caires, R. A., Mariguela, T. C., Pereira, L. H. G., Hanner, R., y Oliveira, C. (2012). *ADN barcodes identify marine fishes of São Paulo State, Brazil. Molecular Ecology Resources*, 12(6), 1012–1020. doi:10.1111/1755-0998.12007
- Robainas-Barcia, A., y García-Machado, E. (2012). DNA barcoding: an alternative to document biological diversity/Codigo de barras de ADN. Una alternativa para documentar la diversidad biologica. *Revista Cubana de Ciencias Biológicas*, 1(1), 8-19.
- Rodríguez, J., Palacios, D., López, J., Hernández, S. y Ponce, G. (2008). Composición taxonómica y relaciones zoogeográficas de los peces demersales de la costa occidental de Baja California Sur, México. *Rev. Biol. Trop. (Int. J. Trop. Biol. ISSN-0034-7744)* Vol. 56 (4): 1765 -1783.
- Rojas, J. y Pequeño, G. 2001. Revisión taxonómica de especies de las subfamilias Epinephelinae y Serraninae (Pisces: Serranidae) de Chile. *Rev. Biol. Trop.*, 49(1): 157-171.
- Rosas, U., Menendez, F., Cornejo, R., Canales, R., y Velez-Zuazo, X. (2018). *Fish ADN barcoding around large marine infrastructure for improved biodiversity assessment and monitoring. Mitochondrial ADN Part A*, 1–6. doi:10.1080/24701394.2018.1431225

- Ruiz, L. J., Prieto, A., & Lemus, M. (2001). Morfología bucofaríngea y hábitos alimentarios de *Micropogonias furnieri* (Pisces: Sciaenidae) en la costa norte del Estado Sucre, Venezuela. *Revista de Biología tropical*, 49(3-4), 903-913.
- Ruiz-Ramírez, S., Lucano-Ramírez, G., González-Sansón, G., Rojo-Vázquez, J. A., & Arellano-Martínez, M. (2012). Biología reproductiva de *Anisotremus interruptus* (Perciformes: Haemulidae) en el Pacífico central mexicano. *Revista de Biología Tropical*, 60(2), 709-720.
- Rusch, V. E., & Fracassi, N. (2021). Indicadores de Biodiversidad: Informe preparado por el proyecto INTA PI 038. Evaluación, monitoreo y manejo de la biodiversidad en sistemas agropecuarios y forestales.
- Salinas, H. (2010). *Identificación De Haplotipos De Spodoptera Frugiperda En Algunas Poblaciones De Colombia Para El Estudio Del Comportamiento Migratorio De La Especie*. (Tesis de Maestría). Universidad de Colombia, Colombia.
- Sánchez, A. (2011). Conceptos básicos de gestión ambiental y desarrollo sustentable. Instituto Nacional de ecología (INE_SEMERNAT). 329p.
- Sanciango, M. D., Rocha, L. A., & Carpenter, K. E. (2011). A molecular phylogeny of the Grunts (Perciformes: Haemulidae) inferred using mitochondrial and nuclear genes. *Zootaxa*, 2966(1), 37-50.
- Santillán Reyes, C., Martínez Pérez, J. A., & Del Moral Flores, L. F. (2011). Description of Sagittae otolith of species of the family Carangidae (Perciformes: Actinopterygii) off the Central coast of Veracruz State, Mexico. *Biocyt biología, ciencia y tecnología*, 4, 265-284.
- SERNANP. (2018). Sector Ambiente Ratifica Importancia del Mar del Pacífico. Disponible en: <https://www.sernanp.gob.pe/noticias-leer-mas/-/publicaciones/c/sector-ambiente-ratifica-importancia-del-mar-pacifico-177298>
- Seyhan, D. y Turan, C. (2016). ADN barcoding of Scombrid species in the Turkish marine waters. *J. Black Sea/ Mediterranean Environment*. 22 (1): 35-45.
- Shen, Y., Guan, L., Wang, D., & Gan, X. (2016). DNA barcoding and evaluation of genetic diversity in Cyprinidae fish in the midstream of the Yangtze River. *Ecology and evolution*, 6(9), 2702-2713.
- Serrato, A., Cornejo, A. y Amilpa, O. (2013). La biodiversidad y evolución en ambientes acuáticos analizadas con herramientas moleculares. *Hidrobiológica*. Vol. 23. n°3. México.

- Steinke, D., Connell, A. y Hebert, P. (2016). Linking adults and immatures of South African marine fishes. *Genome*. 59: 959–967.
- Tang, Q., Deng, L., Luo, Q., Duan, Q., Wang, X., & Zhang, R. (2023). DNA Barcoding of Fish Species Diversity in Guizhou, China. *Diversity*, 15(2), 203.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725-2729.
- Tavera, V. J. J. (2012). Evolución, filogenia y biogeografía de la subfamilia haemulinae (Percoidei: Haemulidae) en el nuevo mundo. Tesis Doctoral. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C. Disponible en: http://dspace.cibnor.mx:8080/bitstream/handle/123456789/312/tavera_j.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Tarazona, J., Gutiérrez, D., Paredes, C. y Indacochea, A. (2003). Overview and challenges of Marine Biodiversity Research in Peru. *Gayana* 67(2): 206-231
- Torres, R., Feitosa, R., Carvalho, D., Freitas, M., Hostim, M. y Ferreirad, B. (2013). ADN barcoding approaches for fishing authentication of exploited grouper species including the endangered and legally protected goliath grouper *Epinephelus itajara*. *Scientia Marina*. 77(3): 409-418p.
- Toussaint, E. F., Morinière, J., Lam, A., Turlin, B., & FLS, M. B. (2016). Bayesian Poisson tree processes and multispecies coalescent models shed new light on the diversification of Nawab butterflies in the Solomon Islands (Nymphalidae, Charaxinae, Polyura). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 178(2), 241-256.
- Trivedi, S., Aloufi, A., Ansari, A. y Ghosh, S. (2016). Role of ADN barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update. *Saudi Journal of Biological Sciences* 23: 161–171.
- Valdez-Moreno, M., Vásquez-Yeomans, L., Elías-Gutiérrez, M., Ivanova, N. V., & Hebert, P. D. (2010). Using DNA barcodes to connect adults and early life stages of marine fishes from the Yucatan Peninsula, Mexico: potential in fisheries management. *Marine and Freshwater Research*, 61(6), 655-671.
- Vera, M., Jiménez, P. y Franco, L. (2012). Uso de herramientas bioinformáticas en la evaluación de secuencias “ADN Barcode” para la identificación a nivel de especie. *ISSN 1900-4699 • Vol. 8 (2): 196-209.*

- von May, R., Catenazzi, A., Angulo, A., Venegas, P. y Aguilar, C. (2012). Investigación y conservación de la biodiversidad en Perú: importancia del uso de técnicas modernas y procedimientos administrativos eficientes. *Rev. Peruana Biología*. Vol 19. n°3 Lima.
- Wang, T., Qi, D., Sun, S., Liu, Z., Du, Y., Guo, S. & Ma, J. (2019): ADN barcodes and their characteristic diagnostic sites analysis of Schizothoracinae fishes in Qinghai province, Mitochondrial ADN Part A. DOI: 10.1080/24701394.2019.1580273
- Wang, T., Zhang, Y., Guan, L., Du, Y., Lou, Z., & Jiao, W. (2015). Current freshwater fish resources and the application of DNA barcoding in species identification in Gansu Province. *Biodiversity Science*, 23(3), 306.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847-1857.
- Xiong, X., Yuan, F., Huang, M., Lu, L., Xiong, X., & Wen, J. (2019). ADN barcoding revealed mislabeling and potential health concerns with roasted fish products sold across China. *Journal of Food Protection*, 82(7), 1200-1209.
- Xu, L., Van Damme, K., Li, H., Ji, Y., Wang, X., y Du, F. (2019). A molecular approach to the identification of marine fish of the Dongsha Islands (South China Sea). *Fisheries Research*, 213, 105–112. doi: 10.1016/j.fishres.2019.01.011
- Zelada-Mázmela, E., Reyes-Flores, L. E., Sánchez-Velásquez, J. J., Ingar, C., & Santos-Rojas, L. E. (2022). Population structure and demographic history of the gastropod *Thaisella chocolata* (Duclos, 1832) from the Southeast Pacific inferred from mitochondrial ADN analyses. *Ecology and Evolution*, 12(9), e9276.
- Zhang, J. y Hanner, R. (2011). ADN barcoding is useful tool for the identification of marine fishes from Japan *Biochemical Systematic and Ecology*. Vol. 39: 31-42.
- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P. y Stamatakis, A. (2013). A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements. *Bioinformatics*, 29 (22): 2869-2876. doi: 10.1093/bioinformatics/btt499
- Zhang, Y., Geng, Qin, G., Zhang, H., Wang, X. y Lin, Q. (2017). ADN barcoding reflects the diversity and variety of brooding traits of fish species in the family Syngnathidae along China's coast. *Fisheries Research*. 185: 137–144.

ANEXO 1:
FICHAS TAXONÓMICAS

**FICHA TAXONÓMICAS DE LA FAMILIA
CARANGIDAE**

**Para el uso en la gestión y conservación del litoral
de Tumbes.**

Selene peruviana (Guichenot, 1866)

“Espejo”

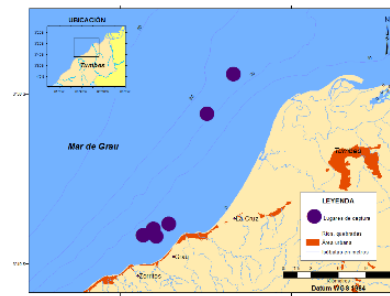


© W. Elliott. Imarpe

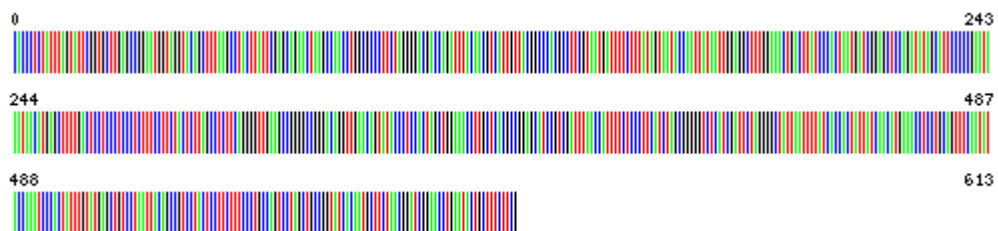
Descripción de la especie

Cuerpo corto, muy alto y comprimido de color plateado brillante, con iridiscencias en tonos verde olivo o azulados por ambos lados. El perfil anterior es casi vertical, ligeramente cóncavo. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher et al, 1995).

Zona de Colecta

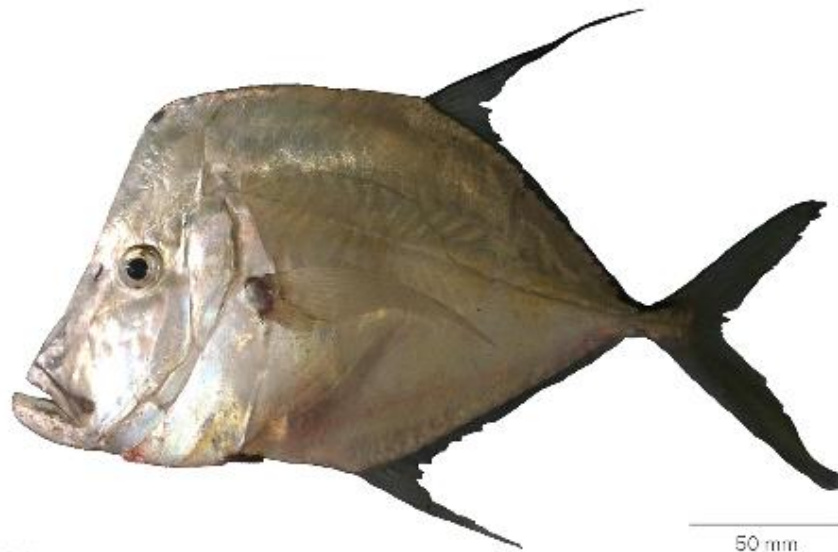


Código de barras:



Selene brevoortii (Gill, 1863)

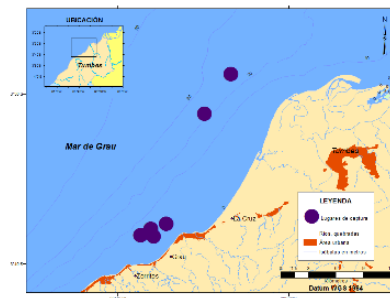
“Jorobado”



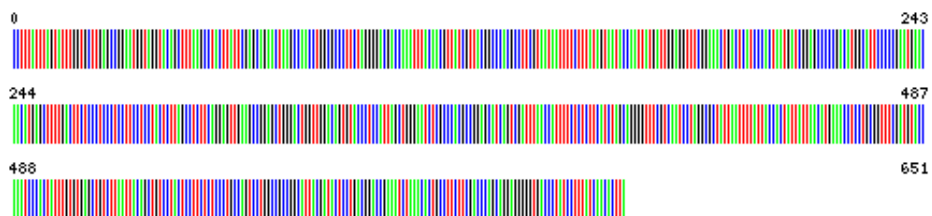
Zona de Colecta

Descripción de la especie

Cuerpo muy comprimido, con forma pentagonal (cinco lados), de color plateado y visos dorados. La cabeza es alta y angular con un frente cóncavo. Boca pequeña. Ojos grandes. Lóbulo anterior de la 2ª aleta dorsal y anal alargados (Zavalaga *et al.*, 2018).



Código de barras:



Caranx caballus (Günther, 1868)

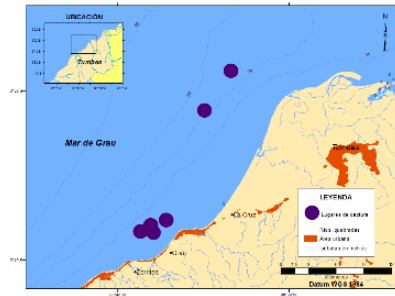
“Chumbo”



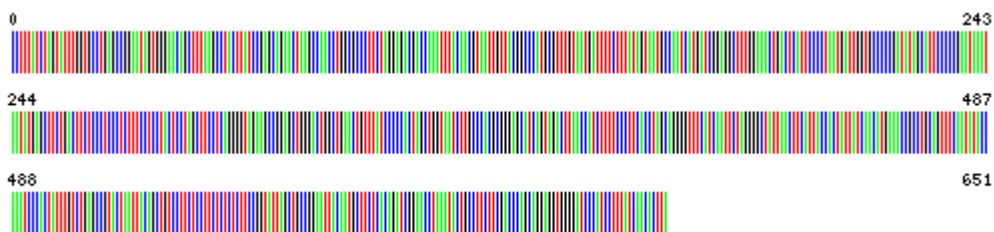
Descripción de la especie

En adultos cuerpo modernamente comprimido relativamente esbelto; el ojo con un párpado adiposo; en la mandíbula superior una fila externa de caninos y una banda interna de dientes finos, la mandíbula inferior con una fila de dientes; branquiespinas (excluyendo los rudimentos) 13-15 + 28-30; margen del cuerpo en la parte posterior de la cámara branquial sin papilas; aletas pectorales más largas que la cabeza; radios dorsales VIII + I, 22-25; radios anales II + I, 18-21; aletas dorsal y anal no seguidas por aletillas; línea lateral con un arco anterior pronunciado, pero corto; escamas de la línea lateral en la parte recta 0-7, seguidas por 45-56 escudetes fuertes; pecho completamente cubierto con escamas color oliva claro a verde azulado oscuro en el dorso, gris plateado a dorado abajo; aletas pálidas; una mancha negra en el opérculo, juveniles con 7 barras oscuras en el cuerpo (Robertson y Gerarl,2015).

Zona de Colecta



Código de barras:



Alectis ciliaris (Bloch,1787)

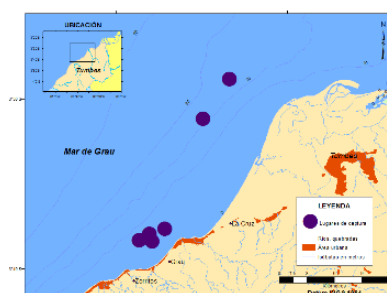
“Pámpano hebra”



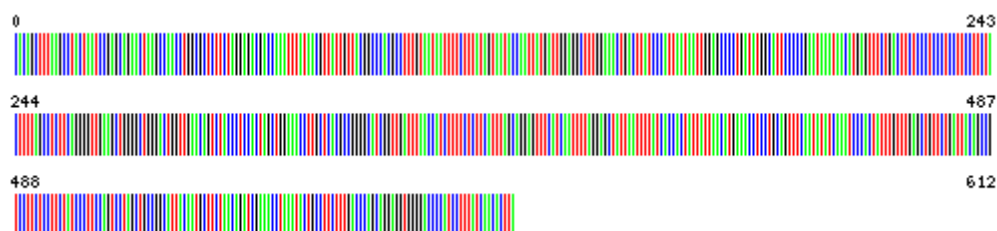
Descripción de la especie

Cuerpo profundo ,fuertemente comprimido, se alarga con la edad; perfil superior de la cabeza empinado; lóbulos frontales de las aletas dorsal y anal alargados, extremadamente alargados en los juveniles; sin aletillas después de la 2da aleta dorsal y anal; pectoral larga curva; pélvicas de tamaño moderado a lo largo de la vida; base de la cola delgada; aleta caudal fuertemente ahorquillada; escamas muy pequeñas; embebidas en la piel; línea lateral con un arco en posición anterior muy pronunciado y moderadamente largo; parte recta de la línea lateral con escamas espinosas duras. Plateado con un matiz azulado claro, metálico dorsalmente, una mancha pequeña, oscura y difusa en el borde superior del opérculo (Fisher et al., 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Decapterus macrosoma (Bleeker, 1851)

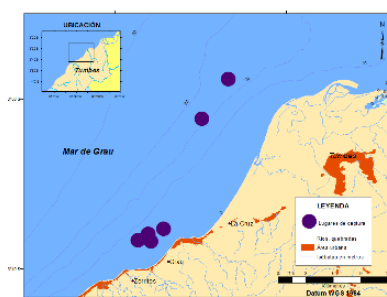
“Jurel fino”



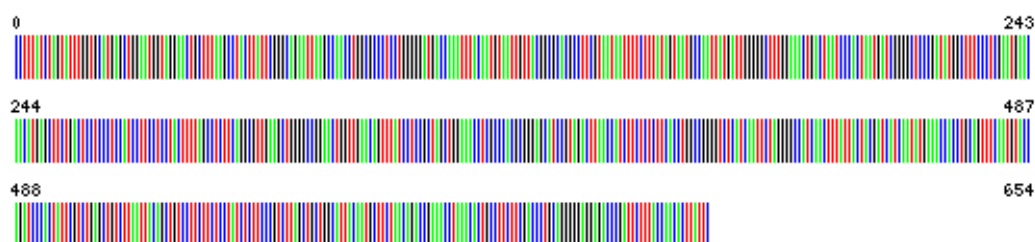
Descripción de la especie

Espinas dorsales (total): 9; Radios blandos dorsales (total): 338; Espinas anales 3; Radios blandos anales: 27 - 30. Cuerpo delgado, alargado y algo circular en sección transversal; extremo posterior de la mandíbula superior cóncavo dorsalmente y con una protuberancia redondeada ventralmente; borde de la cintura escapular con dos papilas pequeñas, la inferior más grande; aleta dorsal y anal, cada una seguida por una aleta separada. Color azul metálico dorsalmente, plateado ventralmente; aletas hialinas; opérculo con una pequeña mancha negra. 24-40 escudos. Muy delgado en comparación con especies similares (FishBase).

Zona de Colecta

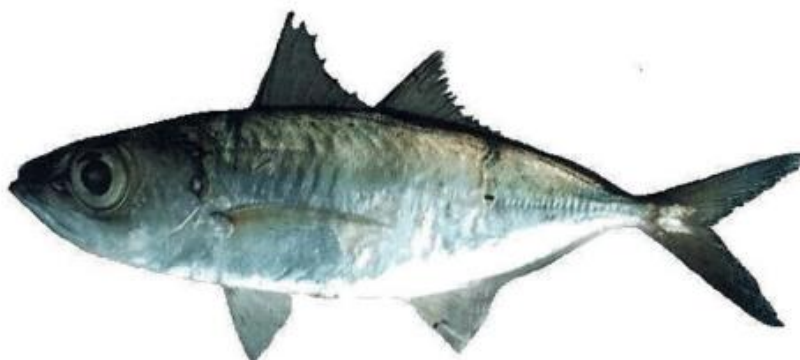


Código de barras:



Selar crumenophthalmus (Bloch, 1793)

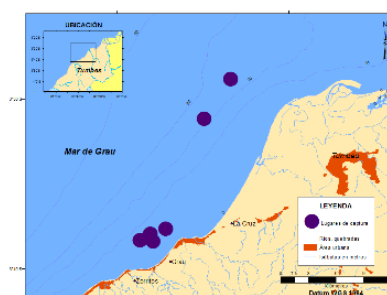
“Ojoton”



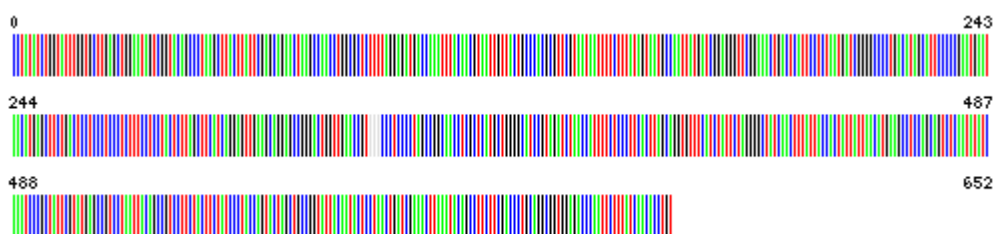
Descripción de la especie

Espinas dorsales (total): 9; Radios blandos dorsales (total): 338; Espinas anales 3; Radios blandos anales: 27 - 30. Cuerpo delgado, alargado y algo circular en sección transversal; extremo posterior de la mandíbula superior cóncavo dorsalmente y con una protuberancia redondeada ventralmente; borde de la cintura escapular con dos papilas pequeñas, la inferior más grande; aleta dorsal y anal, cada una seguida por una aleta separada. Color azul metálico dorsalmente, plateado ventralmente; aletas hialinas; opérculo con una pequeña mancha negra. 24-40 escudos. Muy delgado en comparación con especies similares (FishBase).

Zona de Colecta



Código de barras:



Trachinotus paitensis (Cuvier, 1832)

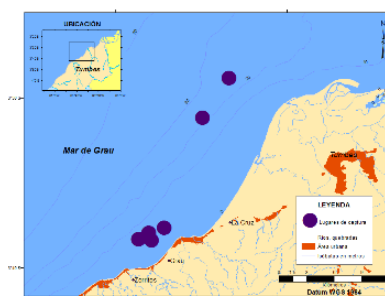
“Pámpano”



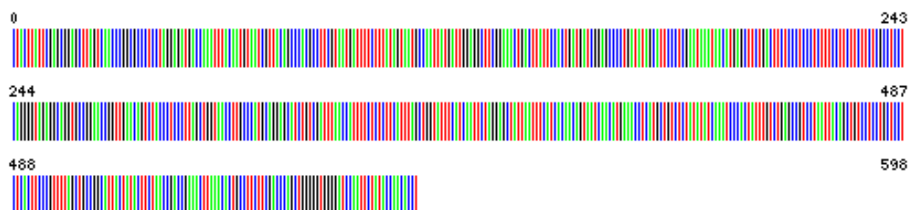
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y ligeramente comprimido de color azul plateado. Hocico sutilmente redondeado. Línea lateral recta y notoria. Lóbulos anteriores de la 2a aleta dorsal y aleta anal ligeramente prolongados. Base de las aletas dorsal y anal color amarillento. Aleta caudal ahorquillada (Zavalaga *et al.*, 2018).

Zona de Colecta



Código de barras:



FICHAS TAXONOMICAS DE LA FAMILIA

HAEMULIDAE

Para el uso en la gestión y conservación del litoral de

Tumbes.

Haemulopsis axillaris (Steindachner, 1869)

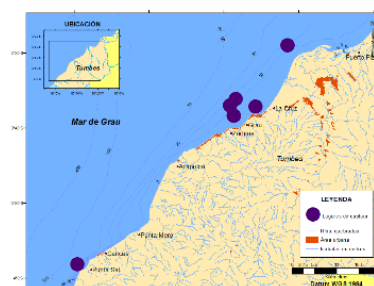
“Callana”



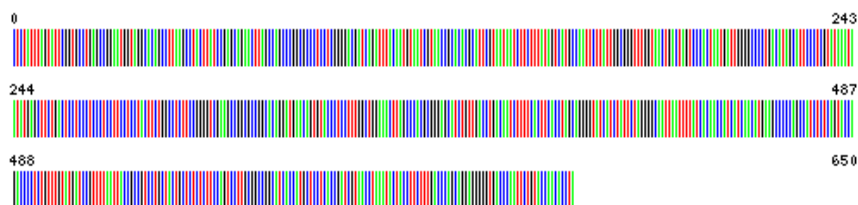
Descripción de la especie

Cuerpo moderadamente alto y comprimido, cabeza alta, perfil cefálico oblicuo, boca pequeña, extremo del maxilar a la altura o por delante del borde anterior del ojo, aleta dorsal con 12 espinas fuertes y 14-15 radios, segunda espina anal más corta que la tercera, y plegada no llega a la base del último radio. Cuerpo gris plateado, vientre más claro, axila de las pectorales oscuras (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Genyatremus dovii (Günther, 1864)

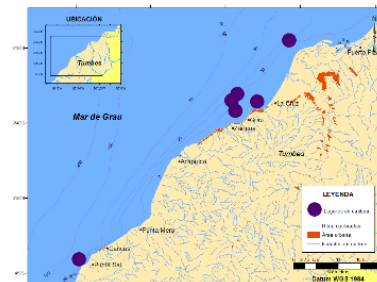
“Sargo Cabeza Manchada”



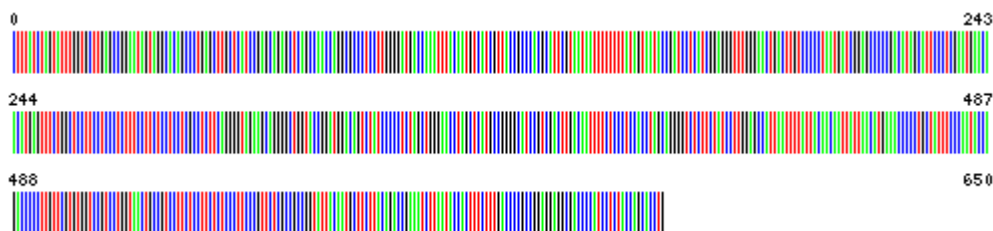
Descripción de la especie

Cuerpo comprimido y profundo (profundidad contenida de 2,0 a 2,3 veces la longitud estándar); boca pequeña y terminal con labios gruesos y carnosos. Aleta dorsal con 11 a 12 espinas y 13 a 16 radios blandos (XI, XII, 13-16); aletas pectorales más cortas que la cabeza y no llegan al origen de la aleta anal; línea lateral con 45 a 52 escamas; serie de escalas por encima de la línea lateral paralela a ella; dorso pardusco; vientre plateado; flancos con 5 barras verticales oscuras; aletas oscuras (FishBase, 2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Haemulopsis leuciscus (Günther, 1864)

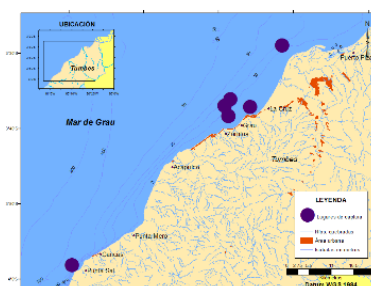
“Ronco chinilla”



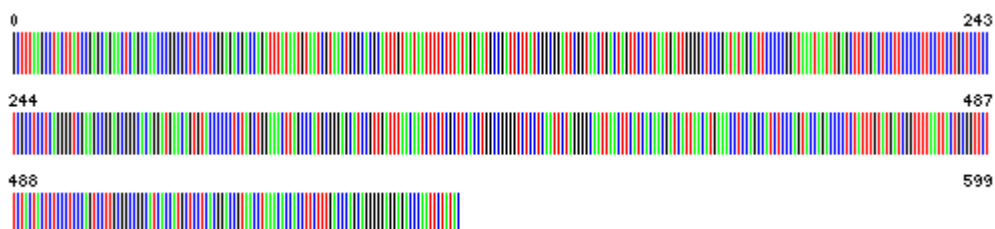
Descripción de la especie

Cuerpo robusto, algo comprimido y poco profundo; boca pequeña y terminal, su extremo posterior ubicado al mismo nivel que el borde anterior del ojo; perfil de la cabeza convexo; primer arco branquial con 18 a 23 branquiespinas; aleta dorsal profundamente dentada, con 12 espinas y 14 a 15 radios blandos (XII, 14-15); segunda espina anal más fuerte pero más corta que la tercera; tercera espina anal, cuando está doblada, alcanza o sobrepasa la base del último radio anal; dorso gris pardusco; vientre más ligero; axila de las aletas pectorales y borde superior del opérculo negro (FishBase,2023)

Zona de Colecta



Código de barras:



Pomadasys panamensis (Steindachner, 1876)

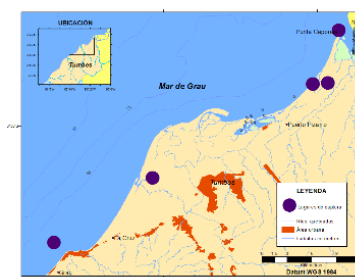
“Chaparro”, “Burrito”, “Periche”



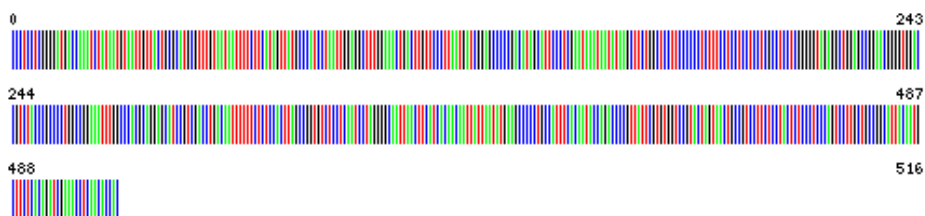
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y poco comprimido, boca oblicua, maxilar alcanza el borde anterior de la pupila, aletas pectorales muy largas, alcanzan el origen de la anal, aleta dorsal con 12 y anal con 8 radios, y de 4 a 5 hileras entre la línea lateral y el centro de la base de la dorsal blanda. Cabeza y dorso gris, vientre plateado, franjas verticales oscuras en cabeza y cuerpo, mancha negra en la parte superior del opérculo, aletas oscuras (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Conodon serrifer (Jordan & Gilbert, 1882)

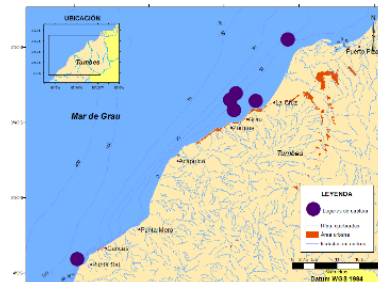
“Ofensivo”



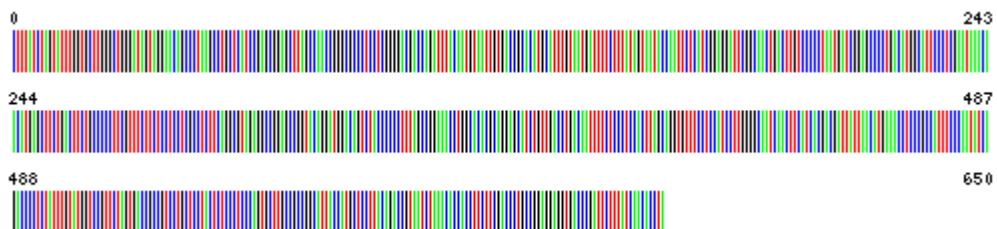
Descripción de la especie

Cuerpo alargado, comprimido y poco profundo (la profundidad es 3,1 veces mayor que la longitud estándar); boca pequeña y terminal con labios carnosos; preopérculo aserrado y que posee una espina grande y robusta en el ángulo; aleta dorsal profundamente dentada, con 12 espinas y 12 a 13 radios blandos (XII, 12-13); segunda espina anal más larga y más fuerte que la de un pájaro; dorso gris carbón con reflejos azules; vientre pálido; flancos con 7 u 8 barras estrechas, indistintas y oscuras; aletas amarillo verdoso oscuro(FishBase,2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Anisotremus taeniatus (Gill,1861)

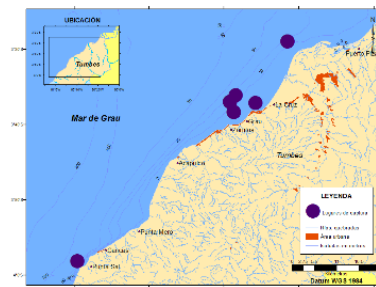
“Sargo rayado”



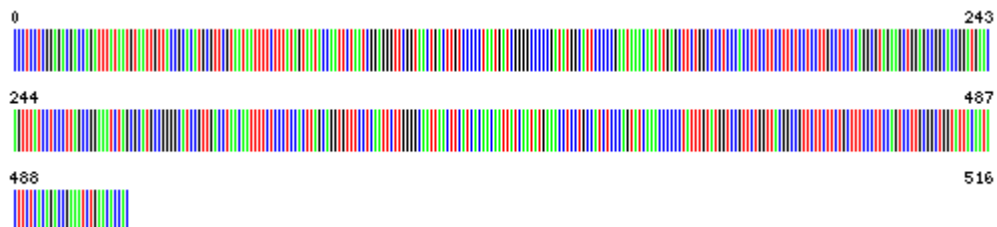
Descripción de la especie

Cuerpo comprimido y profundo (profundidad contenida de 1,9 a 2,3 veces la longitud estándar); boca pequeña y terminal con labios gruesos y carnosos; aleta dorsal con 12 espinas y 15 a 17 radios blandos (XII, 15-17); aletas pectorales iguales o más cortas que la cabeza, alcanzando el origen de la aleta anal; escalas de la línea lateral 49 a 57; serie de escalas por encima de la línea lateral oblicua; dorso amarillo dorado; flancos con 6 franjas longitudinales de color azul brillante bordeadas de azul oscuro; una barra oscura (marrón o negra) desde la nuca hasta el otro lado del ojo; una barra similar desde el origen de la aleta dorsal hasta la base de la aleta pectoral (FishBase, 2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Xenichthys xanti (Gill, 1863)

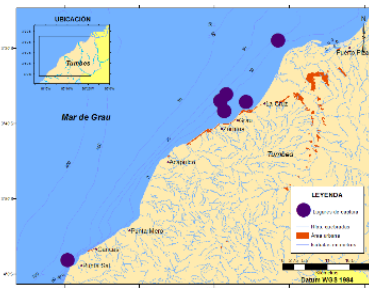
“Chulita”



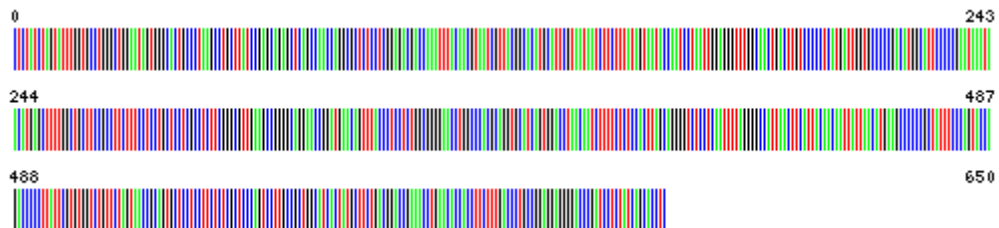
Descripción de la especie

Cuerpo oblongo, fusiforme y algo comprimido (su profundidad contenía de 2,7 a 3,0 veces la longitud estándar); boca pequeña, terminal y oblicua, su extremo posterior sobrepasa el borde anterior del ojo; mandíbula inferior sobresaliente; ojos muy grandes; primer arco branquial con 22 a 26 branquiespinas; aleta dorsal profundamente dentada, con 12 espinas y 17 a 19 radios blandos (XII, 17-19); segunda espina anal más corta que la tercera; dorso verde pardusco; flancos plateados con reflejos dorados y 5 o 6 franjas longitudinales de color amarillo dorado; borde superior del opérculo con una mancha oscura; pedúnculo caudal con una mancha oscura (FishBase,2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Orthopristis chalceus (Günther, 1864)

“Callana”

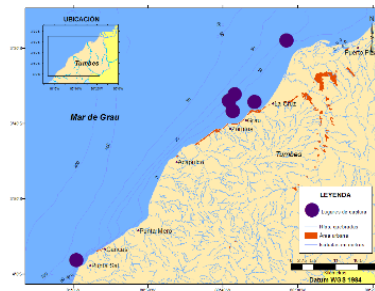


© R. Pastor. Imapre

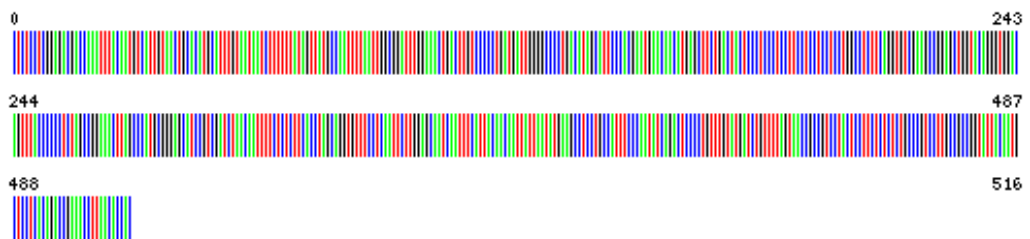
Descripción de la especie

Cuerpo alto y comprimido, de color gris-plateado; con bandas oblicuas naranjas en el dorso, y horizontales por debajo de la notoria línea lateral. Boca pequeña. Aleta anal con tres espigas cortas. (Zavalaga *et al.*, 2018).

Zona de Colecta



Código de barras:



FICHA TAXONÓMICA DE FAMILIA

SCIAENIDAE

**Para el uso en la gestión y conservación del litoral de
Tumbes.**

Paralonchurus peruanus (Steindachner, 1875)

“Suco”



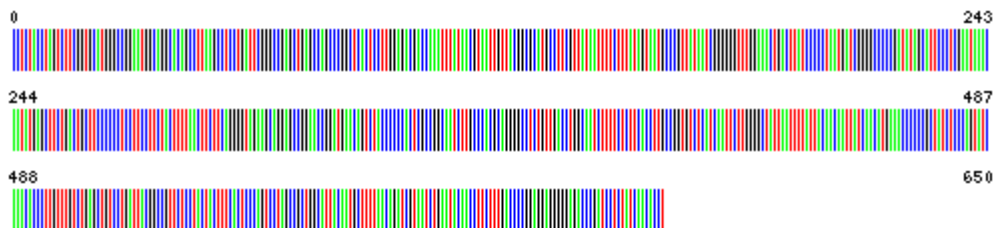
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y redondeado. Hocico romo y boca inferior. Mentón con 5 poros y 12 pares de pequeños barbillones. De 11 a 14 branquiespinas en la porción inferior del primer arco branquial. Ojo pequeño de 5,5 a 6,5 veces en la cabeza. Segunda dorsal con 22 a 24 radios. Color de fondo plateado, dorso grisáceo, más oscuro en la cabeza, vientre blanco a rojizo. Flancos con 7 a 8 franjas verticales poco evidentes. Aletas grisáceas a oscuras, la anal y las pélvicas oscuras a bronceadas. Superficie interna del opérculo gris (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Nebris occidentalis (Vaillant, 1897)

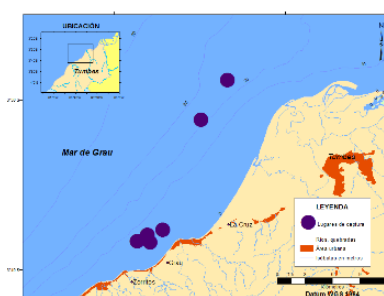
“Corvina guavina”



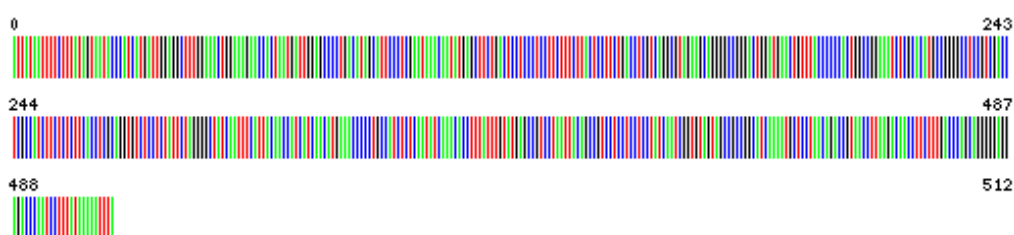
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y redondeado en sección transversal; hocico prominente; boca muy grande y oblicua; mandíbula inferior prominente; dientes pequeños y colocados sobre crestas estrechas; ojos muy pequeños, su diámetro contenía de 8 a 10 veces la longitud de la cabeza; rama inferior del primer arco branquial con 14 a 15 branquiespinas; escamas cicloides pequeñas; dorso marrón amarillento con reflejos grisáceos; flancos plateados con pequeñas manchas oscuras (FishBase,2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Paralonchurus rathbuni (Jordan & Bollman, 1890)

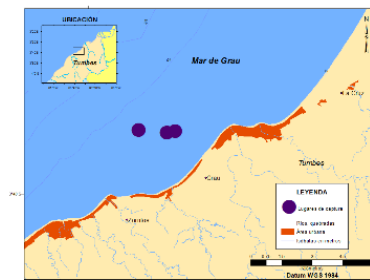
“Suco”



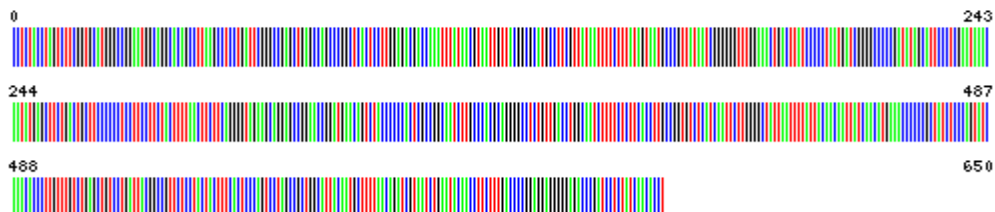
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y bastante redondeado, hocico romo, boca inferior, perfil cefálico levemente cóncavo, aleta dorsal con 28-29 radios, anal con 8-9 radios, pectoral con 15-17, aleta caudal doblemente truncada a puntiaguda, escamas ctenoideas en cuerpo y cabeza, cicloideas en pecho y aletas. Dorso gris plateado a pardo oscuro, vientre blanquecino, una mancha oscura por encima del extremo superior de la abertura branquial, flancos con 6 a 7 bandas verticales. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Larimus effulgens (Gilbert, 1898)

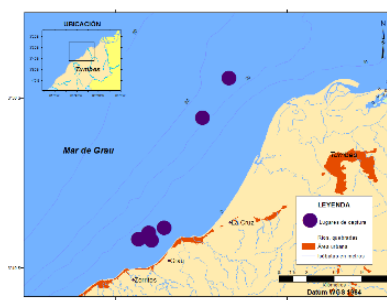
“Bereche, ñato”



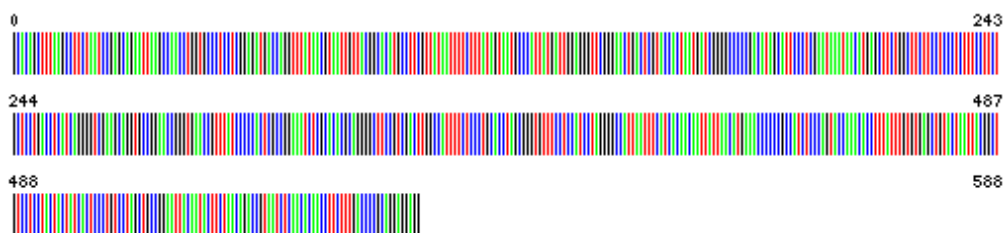
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y bastante redondeado, hocico romo, boca inferior, perfil cefálico levemente cóncavo, aleta dorsal con 28-29 radios, anal con 8-9 radios, pectoral con 15-17, aleta caudal doblemente truncada a puntiaguda, escamas ctenoideas en cuerpo y cabeza, cicloideas en pecho y aletas. Dorso gris plateado a pardo oscuro, vientre blanquecino, una mancha oscura por encima del extremo superior de la abertura branquial, flancos con 6 a 7 bandas verticales. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Stellifer fuerthii (Steindachner, 1876)

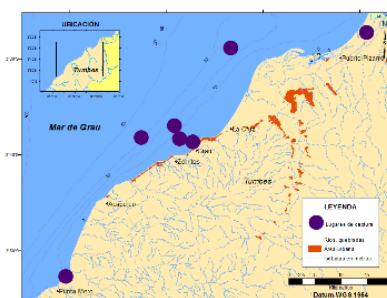
“Mojarrilla”



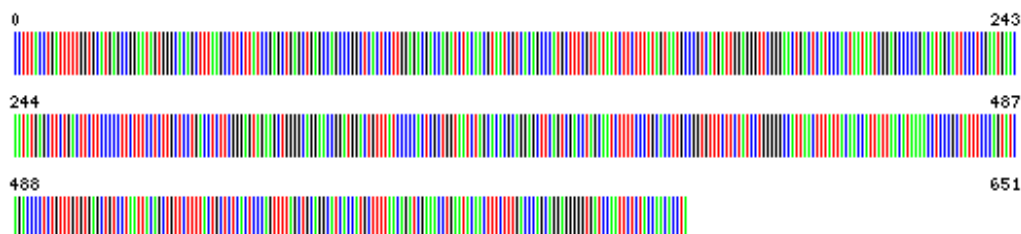
Descripción de la especie

Cuerpo moderadamente alargado, comprimido. Cabeza ancha, hocico prominente, mentón con 4 poros, Borde pre opercular con 2 fuertes espinas en el ángulo, de 19 a 24 branquiespinas en la rama inferior del primer arco branquial, anal con 8 a 9 radios, aleta dorsal con 11 a 12 espinas y 24 a 26 radios. Cuerpo plateado amarillento, sin marcas distintivas; dorso punteado; aletas oscuras a pálidas, la pélvicas amarillentas. Techo de la boca negro, superficie interna del opérculo negro. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Cynoscion nannus (Castro-Aguirre & Arvizu-Martinez, 1976)

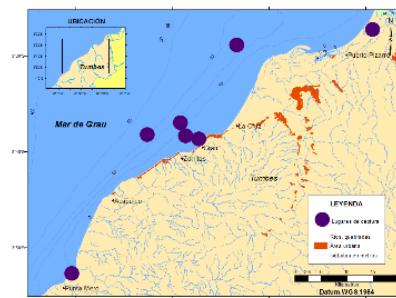
“Cachema”



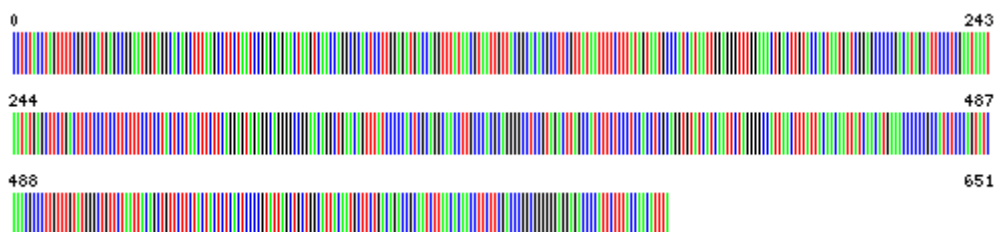
Descripción de la especie

Alargado, fusiforme, comprimido, ovalado en sección transversal; cabeza baja, larga y puntiaguda; ojos grandes; bica ligeramente oblicua, alcanza la parte media de la pupila; sin barbillas o poros en el mentón; branquiespinas inferiores 8-10; en adultos el preopérculo es liso (con 2 espinas en los juveniles); dorsal con una base larga, con un espacio corto entre las dos partes, IX-X + I, 18-21; pequeña aletas pectorales 16-17, relativamente largas; margen posterior de la aleta caudal como angular a redondeada; escamas de la línea lateral más grandes que las escamas adyacentes y con escamas pequeñas accesorias. Oscuro en la parte superior, plateado en la inferior; costado con líneas onduladas oscuras a lo largo de la hilera de escamas; paladar y cavidad branquial negros, esta última visible a través de los lados de la cubierta branquial; base inferior de la pectoral es negra (Robertson y Gerarl,2015).

Zona de Colecta



Código de barras:



Micropogonias altipinnis (Günther, 1864)

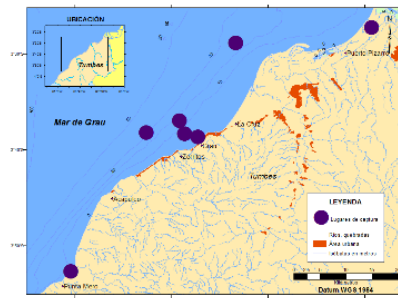
“Corvina dorada”



Descripción de la especie

Cuerpo alargado, moderadamente comprimido; hocico prominente; ojo relativamente pequeño; boca pequeña, inferior a la mandíbula superior; labios delgados; dientes simples, sin caninos, fila externa de dientes de la mandíbula superior ligeramente agrandados; 4-5 pares de barbillas inconspicuas a lo largo de los costados internos de las mandíbulas inferiores; margen del preopérculo fuertemente aserrado, 2 espinas en el ángulo; branquiespinas 24-25; radios dorsales X + I, 19-23 primera aleta alta, radios anales II, 7-8, segunda espina anal robusta; margen de la aleta caudal trunca doble; escamas grandes, ásperas en el cuerpo y nuca, lisas en el pecho y mejilla; aletas dorsal y anal suave sin escamas. Plateado con un halo dorado; filas de escamas arriba de la línea lateral con rayas longitudinales cafesuscas; también varias barras oblicuas hacia arriba y hacia atrás, cruzando la parte arqueada de la línea lateral; aletas amarillentas, aletas dorsal y caudal un poco color cenizo (Robertson y Gerarl,2015).

Zona de Colecta



Código de barras:



Ophioscion scierus (Jordan & Gilbert, 1884)

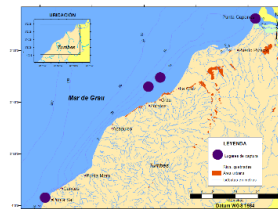
“Gallinazo”



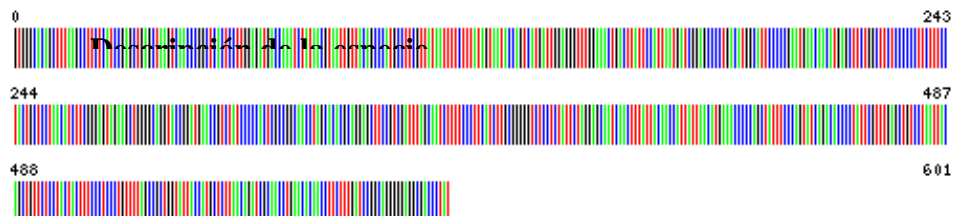
Descripción de la especie

Cuerpo alargado, perfil dorsal fuertemente arqueado, cabeza corta y cónica, hocico prominente, borde pre opercular con 8 a 10 denticulos fuertes y más grandes en el ángulo, aleta dorsal con la segunda espina engrosada, segunda espina anal muy fuerte. Cuerpo plateado, dorso azul metálico, flancos con franjas oscuras oblicuas, aleta anal negruzca. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Larimus acclivis (Jordan & Bristol, 1898)

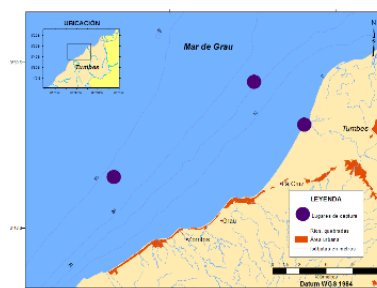
“Bereche”



Descripción de la especie

Cuerpo moderadamente corto, dorso fuertemente arqueado, boca grande y oblicua, mandíbula inferior prominente, extremo del mentón con 4 pequeños poros, anal con segunda espina más larga que el primer radio, aletas dorsal y anal con escamas en su mitad basal. Gris plateado más oscuro dorsalmente, flancos con estrías negras oblicuas por encima de la línea lateral y horizontales por debajo. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Menticirrhus paitensis (Hildebrand, 1946)

“Chula”, “Misho”



Descripción de la especie

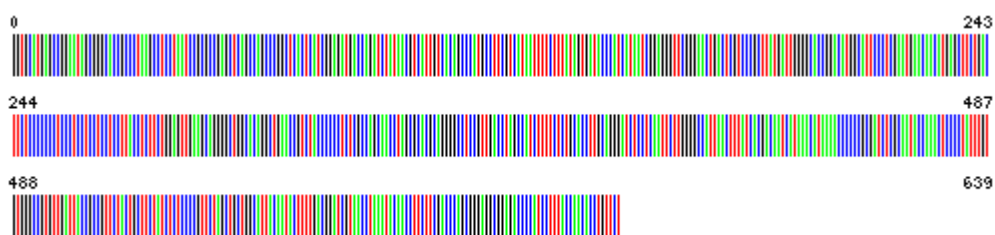
Cuerpo alargado, bastante redondeado. Boca pequeña, inferior; mentón con un barbillón corto y rígido. La espina más larga de la primera dorsal no alcanza la base del segundo radio de la segunda dorsal. Aleta anal con una espina y 7 radios. Escamas ctenoideas en la cabeza y cuerpo, y cicloideas y mucho más pequeñas en el pecho.

Dorso gris azulado, vientre blanco plateado, frecuentemente con una o dos manchas oscuras bajo la dorsal blanda; superficie interna de las pectorales y pélvicas oscura, aletas dorsal y anal bastante oscuras. Superficie interna del opérculo oscura (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Larimus pacificus (Jordan & Bollman, 1890)

“Berreche”

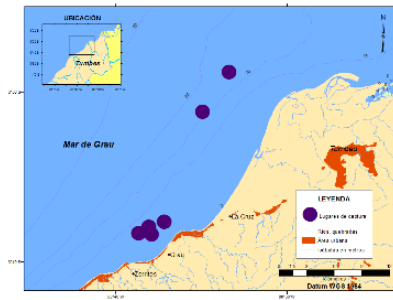


© W. Stat. Inrao

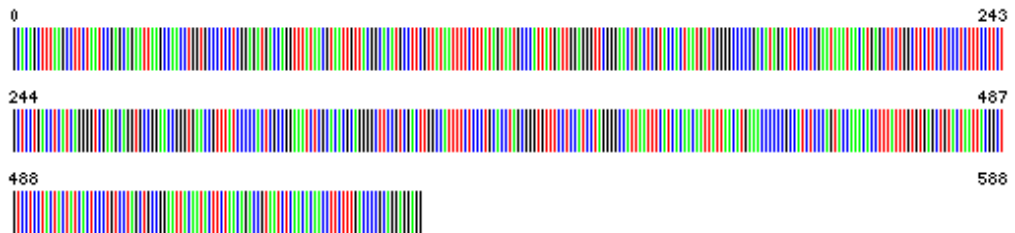
Descripción de la especie

Cuerpo comprimido. Boca grande y levemente oblicua. Aleta caudal casi truncada o recta (doblemente emarginada). Tiene manchas oscuras que forman estrías en la parte dorsal superior. Dorso parduzco y vientre plateado. (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Cynoscion analis (Jenyns, 1842)

“Cachema”

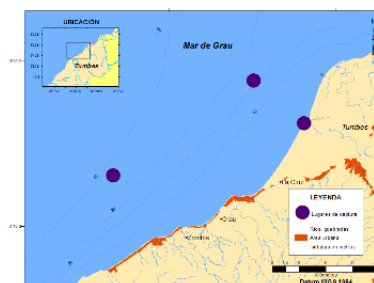


© W. El Oul, Inarpe

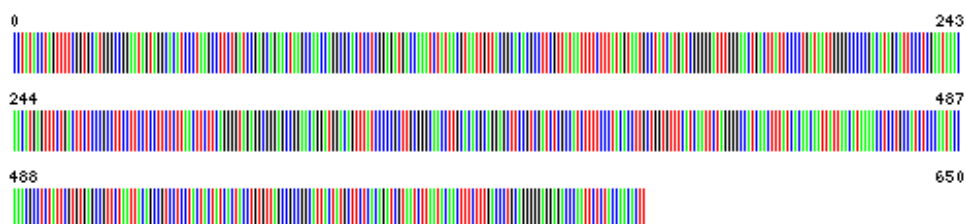
Descripción de la especie

Cuerpo alargado, fusiforme y liso (escamas cicloideas) de color azul metálico (dorso) y plateado amarillento (vientre). Boca grande y oblicua, mandíbula inferior prominente. Dientes caniniformes en el extremo de la mandíbula superior (Zavalaga *et al.*, 2018).

Zona de Colecta



Código de barras:



FICHA TAXONÓMICAS DE LA FAMILIA

SERRANIDAE

**Para el uso en la gestión y conservación del litoral de
Tumbes.**

Paralabrax humeralis (Valenciennes, 1828)

“Cabrilla”

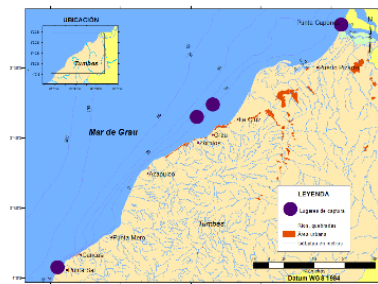


© F. Zavallone, Imarpe

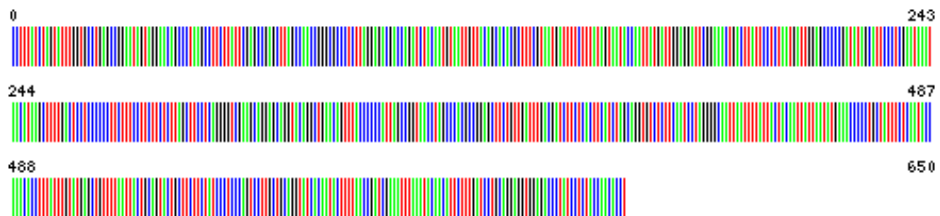
Descripción de la especie

La cabeza y parte superior del cuerpo de color gris y café con manchas anaranjadas y grises. Espacio interorbital suave. Las mejillas y opérculo con puntos anaranjados y el resto del cuerpo con manchas del mismo tono. Con siete bandas verticales oscuras (en juveniles pueden ser seis). Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Epinephelus analogus (Gill, 1863)

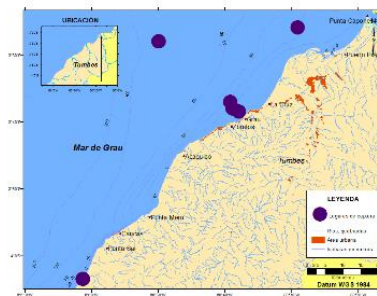
“Mero manchado”



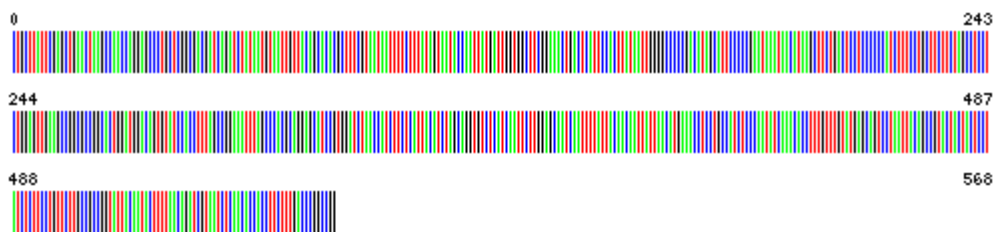
Descripción de la especie

Cuerpo robusto, algo comprimido y poco profundo; boca pequeña y terminal, su extremo posterior ubicado al mismo nivel que el borde anterior del ojo; perfil de la cabeza convexo; primer arco branquial con 18 a 23 branquiespinas; aleta dorsal profundamente dentada, con 12 espinas y 14 a 15 radios blandos (XII, 14-15); segunda espina anal más fuerte pero más corta que la tercera; tercera espina anal, cuando está doblada, alcanza o sobrepasa la base del último radio anal; dorso gris pardusco; vientre más ligero; axila de las aletas pectorales y borde superior del opérculo negro (FishBase,2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Alphestes immaculatus (Breder, 1936)

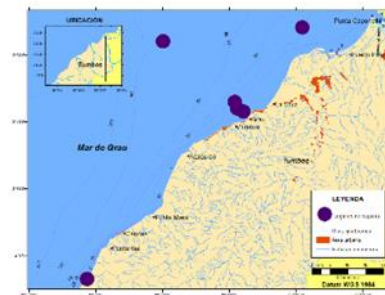
“Merito rojo”



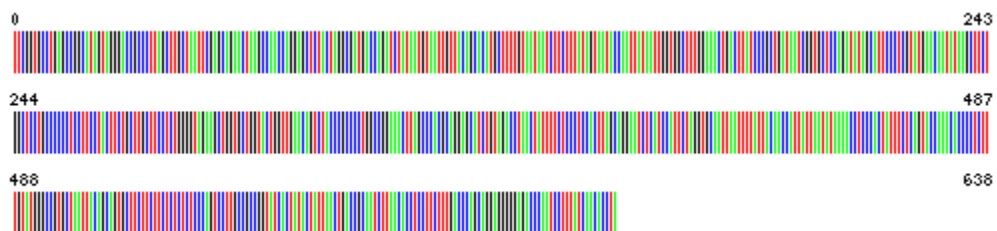
Descripción de la especie

Cuerpo fuertemente comprimido; ojos grandes; hocico corto; frente con perfil recto; preopérculo cerrado, con una espina grande apuntando hacia adelante en ángulo; 3-5 hileras de dientes pequeños en cada mandíbula, la mayoría de los dientes móviles; branquiespinas en el primer arco 21-24; dorsal con XI espinas, 18 radios, con o sin una hendidura somera entre las partes espinosa y blanda; radios anales III, 9; radios pectorales 17; aleta caudal redondeada; escamas lisas en los costados. Color café herrumbre con manchas café más oscuras formando barras irregulares en los costados; numerosas manchas pequeñas color crema y café oscuro en la cabeza y cuerpo; aletas pectorales con filas de manchitas oscuras (Chirichigno Y Vélez, 1998).

Zona de Colecta



Código de barras:



Rypticus nigripinnis (Gill, 1861)

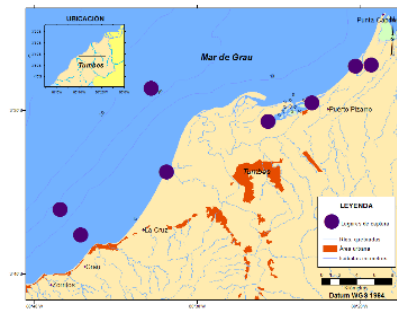
“Jaboncillo”, “mero jabón negro”



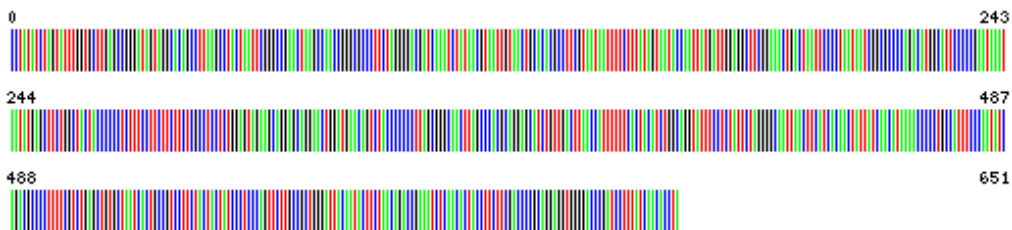
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y poco comprimido. Aleta dorsal espinosa y blanda continuas, la primera con 2 espinas, y anal sin espinas. El mentón es redondeado. Lóbulos de la dorsal blanda y anal algo prolongados y redondeados. Aletas pectorales y caudal redondeadas. Color pardo oscuro, con pequeñas manchas pálidas en disposición irregular en todo el cuerpo y base de las aletas (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Serranus huascarii (Steindachner, 1900)

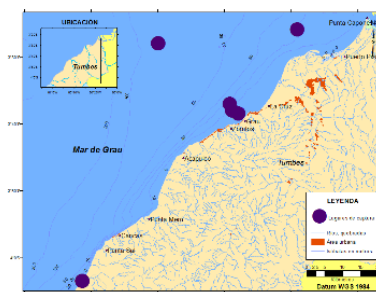
“Maraño de peña”



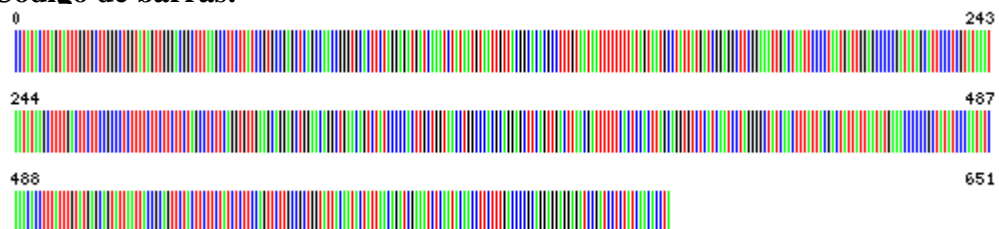
Descripción de la especie

Cuerpo alargado, su altura más de 3,5 veces en la longitud estándar. Ojo grande, 4 veces en la longitud de la cabeza. Preopérculo aserrado sin proyección angular. De 12 a 13 branquiespinas en la rama inferior del primer arco branquial. Aleta caudal truncada o levemente cóncava. Cuerpo pardo negruzco, vientre más pálido. Una mancha ovoide amarilla en cada lado del vientre. Aletas dorsales, anal y pélvicas pálidas; pectorales y caudal oscuras (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher et al., 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Paranthias colonus (Valenciennes 1846)

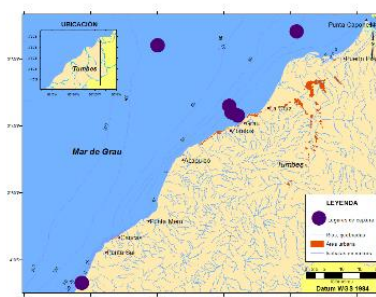
“Cabinza serranida”



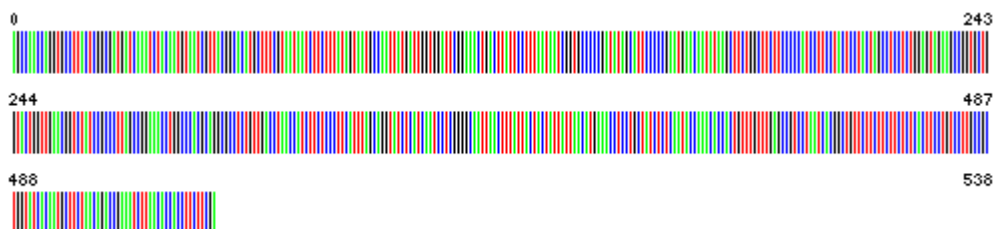
Descripción de la especie

Espinas dorsales (total): 9; Radios blandos dorsales (total): 18-21; Espinas anales 3; Radios blandos anales: 9 - 11. Se distinguen por las siguientes características: color de cuerpo rojizo o gris rojizo con 2-3 manchas azul brillante o violeta en la parte dorsal del cuerpo y otras 2 en la parte medio lateral del pedúnculo caudal; aleta pectoral con una mancha azul brillante; base de la aleta dorsal más oscura, margen de la aleta verde rojizo; área interorbitaria convexa; preopérculo subangular con muesca poco profunda, borde vertical y mitad posterior del borde inferior finamente aserrado; fosas nasales posteriores y anteriores subiguales (FishBase, 2023).

Zona de Colecta



Código de barras:



Paralabrax callaensis (Starks, 1906)

“Perela”

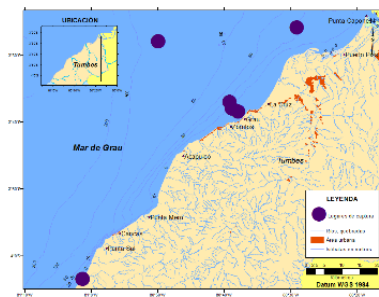


© V. Elliott, Imarpe

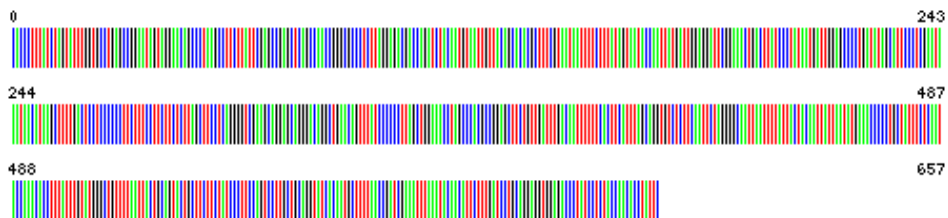
Descripción de la especie

El cuerpo y la cabeza de color gris y café. Frente y costado de la cabeza con densas manchas y líneas punteadas horizontales anaranjados. Espacio interorbital áspero. Manchas de color marrón rojizo y líneas horizontales onduladas a lo largo del dorso hasta la cola. Con siete bandas oscuras y verticales debajo de la línea lateral (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher et al, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Hemanthias signifer (Garman, 1899)

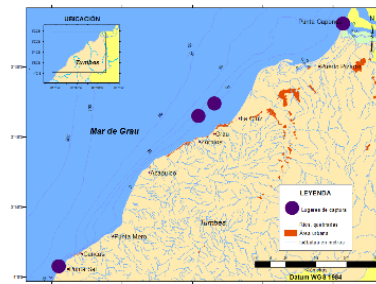
“Princesa”



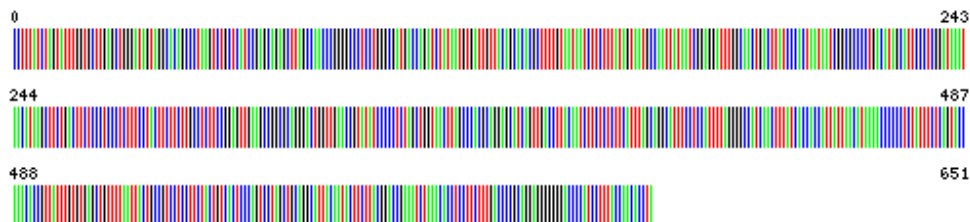
Descripción de la especie

Cuerpo alargado y algo comprimido de color rosado a rojo con visos amarillos. Boca oblicua, preopérculo aserrado. Aleta caudal ahorquillada y corta, radios externos más prolongados. 3ª espina dorsal alargada y filamentosa. Aletas pélvicas largas. Márgenes de las aletas dorsal, pélvica, anal y caudal de color amarillo (Chirichigno y Vélez, 1998; Fisher *et al.*, 1995).

Zona de Colecta



Código de barras:



Pronotogrammus multifasciatus (Gill, 1863)

“Doncellita”

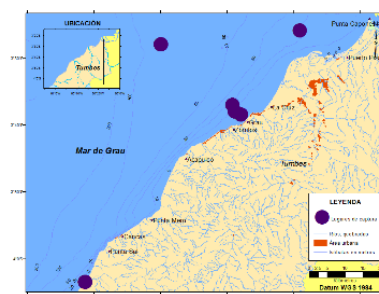


© R. Pastor. Imarpe

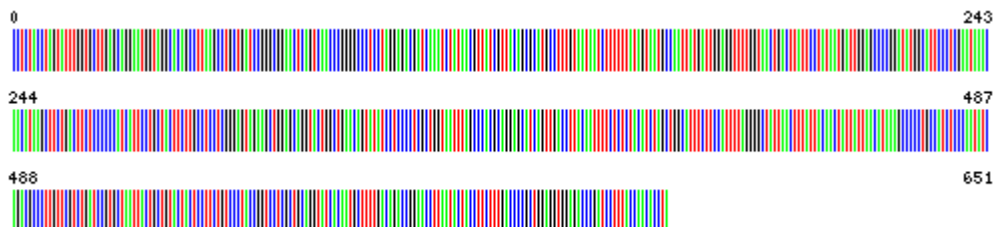
Descripción de la especie

Cuerpo comprimido, de color rosado o rojo, con manchas oscuras en casi todo el dorso. Cabeza corta. Aleta pélvica alcanza el origen de la aleta anal. El margen externo de la aleta caudal de color amarillo. (Zavalaga *et al.*, 2018).

Zona de Colecta



Código de barras:



Diplectrum conceptione (Valenciennes, 1828)

“Camotillo”



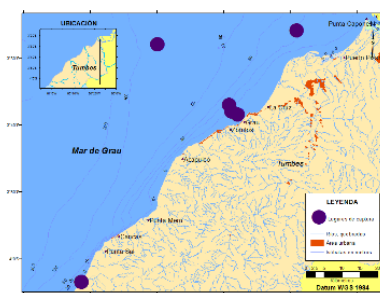
50 mm

© R. Pastor, iMarzo

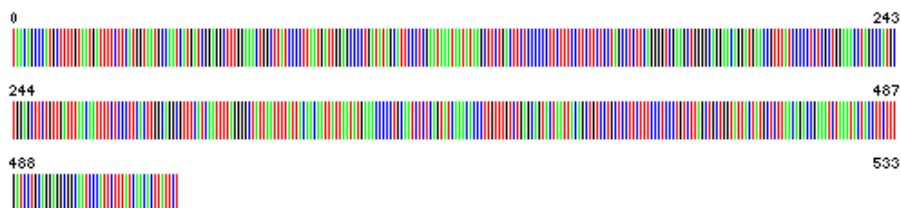
Descripción de la especie

Cuerpo alargado, algo comprimido, de color café oscuro con una notoria mancha amarilla sobre el vientre; algunas partes del cuerpo son de color rosado. Ojos y boca grandes. Preopérculo con tres a cuatro espinas más largas y divergentes. El opérculo con una gran mancha negra sobre la proyección espinosa del preopérculo. Aleta anal de color amarillo. Aleta caudal ligeramente ahorquillada o cóncava, con la punta superior más larga, de color marrón-olivo, al igual que las aletas pélvicas. (Zavalaga *et al.*, 2018).

Zona de Colecta



Código de barras:



PROCESO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE PECES MARINOS MEDIANTE TÉCNICA DEL ADN BARCODE



Colecta de organismos



Codificado, extracción de tejido,
fijación “vaucher” con formol.



Extracción ADN con el
método Solución salina.



Cuantificación
del ADN



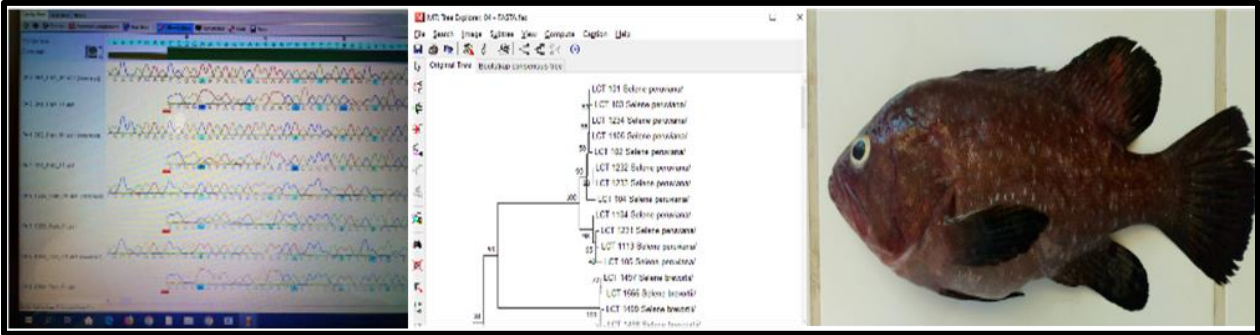
Electroforesis



Dilución del ADN para luego hacer PCR en el termociclador.



Comprobación del producto del PCR, en gel de agarosa (1%)



Alineamiento de Secuencias, construcción de cladogramas y otros análisis bioinformáticos usados en la identificación de especies de peces marinos.

Identificación molecular de peces marinos mediante la técnica del ADN Barcode para el uso en la gestión y conservación de la biodiversidad en la región Tumbes

por Carmen Rosa Chimbor Mejia

Fecha de entrega: 01-nov-2023 09:38a.m. (UTC-0500)

Identificador de la entrega: 2214198972

Nombre del archivo: Tesis_2023_Carmen_01nov.pdf (6.13M)

Total de palabras: 29641

Total de caracteres: 165843

9	www.slideshare.net Fuente de Internet	<1 %
10	Submitted to Universidad Politecnica Salesiana del Ecuador Trabajo del estudiante	<1 %
11	repositorio.imarpe.gob.pe Fuente de Internet	<1 %
12	revistas.iiap.gob.pe Fuente de Internet	<1 %
13	fdocuments.es Fuente de Internet	<1 %
14	aquahoy.com Fuente de Internet	<1 %
15	gefmontana.cl Fuente de Internet	<1 %
16	qdoc.tips Fuente de Internet	<1 %
17	repositorio.ug.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
18	Submitted to Universidad Anahuac México Sur Trabajo del estudiante	<1 %
19	repository.unad.edu.co Fuente de Internet	<1 %

20

Juan C Huertas-Rodriguez, Carolina Sanín-Acevedo, Agustín Cataño. "Los peces y sus servicios ecosistémicos en la cuenca del río Porce", Actualidades Biológicas, 2018

Publicación

<1 %

21

notablesdelaciencia.conicet.gov.ar

Fuente de Internet

<1 %

22

revistas.ups.edu.ec

Fuente de Internet

<1 %

23

www.gtz.org.mx

Fuente de Internet

<1 %

24

Submitted to Universidad Privada del Norte

Trabajo del estudiante

<1 %

25

1library.co

Fuente de Internet

<1 %

26

Marcela Hernández-Zapata, Luz E. Ochoa-Orrego, Luz Fernanda Jiménez-Segura. "Métodos de ADN Barcode revelan diversidad de especies de *Astroblepus* en la cuenca del río Porce, Colombia", Actualidades Biológicas, 2018

Publicación

<1 %

27

media.wix.com

Fuente de Internet

<1 %

28

renati.sunedu.gob.pe

Fuente de Internet

<1 %

29

www.scielo.org.co

Fuente de Internet

<1 %

30

cybertesis.unmsm.edu.pe

Fuente de Internet

<1 %

31

eprints.cmfri.org.in

Fuente de Internet

<1 %

32

"Regional Plan of Action to Prevent, Deter and Eliminate Illegal, Unreported and Unregulated (IUU) Fishing in WECAFC Member Countries (2019-2029). Le Plan d'action régional visant à prévenir, à contrecarrer et à éliminer la pêche illicite, non déclarée et non réglementée (INDNR) dans les pays Membres de la COPACO (2019-2029). El Plan de acción regional para prevenir, desalentar y eliminar la pesca ilegal, no declarada y no reglamentada (INDNR) en los países miembros de la COPACO (2019-2029)", Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 2020

Publicación

<1 %

33

chm.cbd.int

Fuente de Internet

<1 %

34

www.usmp.edu.pe

Fuente de Internet

<1 %

35

documentop.com

Fuente de Internet

<1 %

36

pdffox.com

Fuente de Internet

<1 %

37

repositorio.lamolina.edu.pe

Fuente de Internet

<1 %

38

www.tjnpr.org

Fuente de Internet

<1 %

39

Submitted to Pontificia Universidad Catolica del Peru

Trabajo del estudiante

<1 %

40

ri.uagro.mx

Fuente de Internet

<1 %

41

repositorioacademico.upc.edu.pe

Fuente de Internet

<1 %

42

up-rid.up.ac.pa

Fuente de Internet

<1 %

43

www.americanornithology.org

Fuente de Internet

<1 %

44

Submitted to Universidad Católica de Santa María

Trabajo del estudiante

<1 %

45

es.slideshare.net

Fuente de Internet

<1 %

46	purl.org Fuente de Internet	<1 %
47	bdigital.unal.edu.co Fuente de Internet	<1 %
48	repositorio.unap.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
49	repositorioinstitucional.uson.mx Fuente de Internet	<1 %
50	www.clubensayos.com Fuente de Internet	<1 %
51	dspace.ups.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
52	sedici.unlp.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
53	tintorero-wwwartesdepesca.blogspot.com.co Fuente de Internet	<1 %
54	www.ots.ac.cr Fuente de Internet	<1 %
55	www.researchgate.net Fuente de Internet	<1 %
56	Rina Ramírez, Víctor Borda, Pedro Romero, Jorge Ramirez et al. "Biodiversidad y endemismo de los caracoles terrestres"	<1 %

Megalobulimus y Systrophia en la Amazonia occidental", Revista Peruana de Biología, 2012

Publicación

57

repository.unab.edu.co

Fuente de Internet

<1 %

58

repositorio.upse.edu.ec

Fuente de Internet

<1 %

59

worldwidescience.org

Fuente de Internet

<1 %

60

Submitted to INACAP

Trabajo del estudiante

<1 %

61

Juan R. Flores Ortega, Elizabeth Avila Castro, Hugo J. Haro Preciado, Enrique Godinez Dominguez. "Habitos alimentarios e interacciones troficas de Anisotremus interruptus (Pisces: Haemulidae) y Lutjanus argentiventris (Pisces: Lutjanidae) en el Pacifico central mexicano", Latin American Journal of Aquatic Research, 2014

Publicación

<1 %

62

archive.org

Fuente de Internet

<1 %

63

docplayer.es

Fuente de Internet

<1 %

64

José E. Mancera-Pineda, Brigitte Gavio, Jairo Lasso-Zapata. "Principales amenazas a la

<1 %

biodiversidad marina", Actualidades Biológicas, 2017

Publicación

65

doczz.net

Fuente de Internet

<1 %

66

es.unionpedia.org

Fuente de Internet

<1 %

Excluir citas

Activo

Excluir coincidencias < 15 words

Excluir bibliografía

Activo