



[Píndaro Díaz-Jaimes ICMYL-UNAM
Sofía Ortega-García CICIMAR-IPN]

Maria Esteban
www.mariaesteban.com

**CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE LAS
POBLACIONES DEL MAHI-MAHI *CORYPHAENA
HIPPURUS*, EN EL PACÍFICO ORIENTAL:
SENTANDO LAS BASES PARA EL DISEÑO DE
ESTRATEGIAS DE ADMINISTRACIÓN**

PARTICIPANTES

UNAM-MÉXICO

Pindaro Díaz Jaimes
Adan Fernando Mar Silva
Maried Ochoa Zavala

CICIMAR-MÉXICO

Sofia Ortega Garcia
Ulianov Jakes Cota

IMARPE-PERÚ

Giovanna Sotil
Ana Alegre
Paul Guarnizo
José Puchulán
Felipe Paiva
Amado Che

IPIAP-ECUADOR

Esteban Elias

INCOPECA-COSTA RICA

Jose Miguel Carvajal

Revisado por: Francisco García

Este documento fue diseñado y diagramado gracias al apoyo del proyecto Cadenas Mundiales Sostenibles de Productos de Mar, una iniciativa interregional implementada por los Ministerios y Oficinas de Pesca y Planificación de Costa Rica, Ecuador, Filipinas e Indonesia, con apoyo técnico del Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo (PNUD); facilitado por Sustainable Fisheries Partnership (SFP); y financiado por el Fondo para el Medio Ambiente Mundial (FMAM). La Fundación de la Familia Walton amablemente facilitó el co-financiamiento para cubrir el trabajo en Perú del presente estudio.



COREMAHI
COSTA RICA • ECUADOR • PERÚ



Con el apoyo de

Cadenas Mundiales
Sostenibles
de productos del mar



gef
GLOBAL ENVIRONMENT FACILITY
INVESTING IN OUR PLANET

WALTON FAMILY
FOUNDATION



CONTENIDO



I. INTRODUCCION

El dorado (*Coryphaena hippurus*, Linnaeus, 1758) es un depredador epipelágico altamente migratorio, que tiene una distribución cosmopolita en los océanos del mundo, en aguas tropicales y subtropicales en temperaturas superiores a los 19 °C (Palko *et al.*, 1982; Farrell *et al.*, 2014). Se le conoce como dorado en la mayoría de los países latinoamericanos, pero también se le llama doradilla, lampuga, palometa y perico; en inglés también se conoce como dolphinfish o mahi-mahi (Aires-Da Silva *et al.*, 2014). Esta especie se caracteriza por tener un crecimiento acelerado de hasta 4 mm diarios, con una madurez temprana, la cual alcanza dentro del primer año de vida y un ciclo de vida corto de aproximadamente dos años (Oxenford, 1999) lo que lo hace un recurso con gran potencial de ser explotado mediante pesquerías.

Presenta una alta capacidad migratoria, de la cual algunos autores estiman movimientos latitudinales de más de 1900 km con velocidades de hasta 40km/día que pueden estar asociados al movimiento de objetos a la deriva o una migración pre-desove principalmente de las hembras hacia aguas costeras. Sin embargo, al parecer la especie presenta cierta preferencia y/o fidelidad a sitios de agregación y/o alimentación ya que en estudios de marcado el mayor porcentaje de las recapturas se ha realizado en el punto donde fueron liberados, incluso después de 360 días de su marcaje (Beardsley, 1967; Palko *et al.*, 1982; Kingsford & Defries, 1999; Farrell, 2014; Merten *et*

al., 2014a, Merten *et al.*, 2014b). Particularmente para el Pacífico oriental, estudios de marcado también han revelado diferencias regionales en la utilización del hábitat térmico (Perle *et al.*, 2021).

En el Océano Pacífico Oriental (OPO), aunque 11 países tienen acceso a este recurso, no existe un plan de manejo regional integrado para el dorado, debido a la gran incertidumbre sobre el estado de la especie como recurso pesquero. A pesar de la importancia de la pesquería del dorado por varias partes interesadas en el OPO, existe una gran incertidumbre sobre el estado de la especie como recurso pesquero comercial, recreativo y artesanal, los movimientos de la especie a escala local, regional e internacional, así como las mejores prácticas de gestión en cada una de estas escalas. El conocimiento científico de si existe una o varias poblaciones o subpoblaciones (“stocks” o unidades de pesca) es de vital importancia para que los países involucrados puedan establecer un manejo sostenible del recurso.

La Administración de pesquerías determina **Unidades de Pesca** para determinar el rendimiento de una población y hacer proyecciones de abundancia más apegadas a la situación del recurso. Estas unidades se determinan con base en morfología, capturas y áreas de reproducción o por métodos genéticos para delimitarlas. La diversidad morfológica y los caracteres demográficos usualmente tienen una base genética pero también una fuerte influencia



ambiental por lo que este tipo de caracteres no siempre son útiles para determinar unidades de administración.

La homogeneidad genética entre poblaciones ampliamente distribuidas como es la del dorado, se ha atribuido a la libertad de flujo genético que ofrece un ambiente en apariencia carente de barreras físicas y/o geográficas. Lo anterior propicia la mezcla de huevos, larvas y adultos en diferentes escalas de tiempo y espacio incluso entre cuencas oceánicas. Además se encuentran otros agentes intrínsecos de la historia de vida de las especies, como altas tasas de migración (Grant & Bowen, 1998), poblaciones de gran tamaño que por lo general la presentan las especies pelágicas (Ely *et al.*, 2005) y que disminuyen el efecto de la deriva génica sobre las poblaciones.

Sin embargo, una capacidad de dispersión alta y la ausencia de barreras físicas al flujo génico no necesariamente se traducen en un apareamiento aleatorio (panmixia); ya que existen factores físicos como la distancia geográfica, las corrientes y los frentes oceánicos, entre otras, que limitan el libre flujo de genes, representando fuerzas que promueven el aislamiento de las poblaciones (Bayona-Vásquez, 2015). Así mismo, otras características ecológicas tales como la presencia de áreas de desove y la fidelidad a las mismas (filopatría), así como selección adaptativa, han resultado en niveles de divergencia significativos, tal como ha sido documentado en especies como los atunes distribuidos en regiones templadas (Chow & Ushiyama, 1995; Alvarado-Bremer *et al.*, 1998).

Si en el rango de distribución de una especie existen poblaciones genéticamente distintas cada una debe considerarse como independiente con fines de manejo, lo cual implica el establecimiento de acuerdos internacionales. Los estudios

genéticos utilizan diferentes herramientas moleculares para identificar poblaciones genéticamente discretas mediante la variación genética contenida en el ADN mitocondrial (ADNmt) o el ADN nuclear. En el caso del ADNmt usualmente se estudian a través de secuencias de genes individuales mientras que, en el caso del nuclear, se estudia en variaciones en secuencias cortas de ADN repetitivo llamadas microsatélites.

Es importante mencionar que el ADNmt se hereda únicamente por parte de la madre por lo que la información que brinda es parcial mientras que el ADN nuclear se hereda de ambos progenitores y por tanto es en tamaño mucho mayor (200 veces mayor) que el genoma mitocondrial lo que dificulta contar con una representatividad suficiente para detectar diferencias genéticas resultantes de la historia evolutiva de las poblaciones.

Así, en el caso del ADN nuclear por lo general el número de regiones de ADN (loci) que se estudian son limitadas, por poner un ejemplo mientras que en el ser humano el genoma contiene cerca de 20,000 a 25,000 genes, los estudios con microsatélites apenas representan 20 regiones genómicas (loci). Esto es muy limitado para encontrar diferencias en especies con un tamaño de genoma hasta dos veces mayor que el del ser humano (6 millones de bases aproximadamente para *C. hippurus*).

Por ejemplo, en un estudio publicado por Díaz-Jaimes *et al.* (2010) utilizando la secuencia de un gen mitocondrial no se lograron detectar diferencias entre las poblaciones de dorado del océano Pacífico y el Atlántico, no obstante, de que ambas han estado separadas desde hace al menos 4 millones de años por el Istmo de Panamá. En un estudio posterior utilizando 20 microsatélites en el Pacífico oriental se lograron detectar diferencias entre individuos de las porciones más alejadas de la distribución del dorado hacia el norte (Baja



California México) y el sur del Pacífico oriental (Ecuador-Perú). Sin embargo, las muestras utilizadas provinieron de capturas comerciales por lo que la ubicación de los individuos es incierta. Similarmente los individuos utilizados representan una mezcla de edades y sexos lo que dificulta aún más detectar diferencias genéticas debidas a dispersión limitada de los individuos.

La experiencia obtenida para el dorado, nos lleva a la necesidad de un muestreo estructurado en diferentes edades (juveniles y adultos) y sexos, para lograr determinar diferencias poblacionales e interpretarlas adecuadamente en caso de que se confirman. Además de lo anterior, utilizar aproximaciones más eficaces basadas en la aplicación de la secuenciación de nueva generación (Next Generation Sequencing [NGS]), con las que sea posible secuenciar gran cantidad de segmentos de ADN de forma masiva y en paralelo, en menor cantidad de tiempo y a un menor costo por base (Green & Guyer, 2011; Lander, 2011). A través de estos protocolos se obtiene información de entre un 30-40% del genoma de la especie incrementando la habilidad de detectar diferencias genéticas poblacionales a partir de sustituciones puntuales en sitios específicos de una cadena de ADN conocidas como SNPs (Single Nucleotide Polimorphisms, por sus siglas

en inglés) las cuales al ser muy abundantes a lo largo del genoma proveen ventajas respecto de los marcadores moleculares tradicionales tales como, a) tener una mejor representación del genoma lo cual lleva a un incremento en la posibilidad de detectar diferencias sutiles, b) es posible diferenciar la señal de divergencia neutral de la producida por selección adaptativa, c) menor costo por muestra que los marcadores individuales, y d) mejor resolución de la señal de divergencia a nivel de poblaciones.

El desarrollo de la secuenciación masiva ha permitido entender de mejor manera los procesos oceanográficos que afectan y generan estructuración genética (Hemmer-Hansen et al., 2014) a una escala ecológica. El uso de protocolos de secuenciación que fragmentan el ADN a través de enzimas de restricción (RADseq), han generado una cantidad de datos inmensa que ha logrado detectar regiones en el genoma que están sometidos a procesos de selección y que pueden ser detectados mediante SNPs conocidos como outliers (Milano *et al.*, 2014; Carreras *et al.*, 2019). Por lo que determinar y caracterizar esas regiones que pudieran estar sujetas a un proceso de selección resulta primordial en especies que están sometidas a una presión pesquera, como es el caso del mahi-mahi.



II. OBJETIVO

Caracterizar genómicamente poblaciones de mahi-mahi en el Océano Pacífico Oriental, con la finalidad de detectar diferencias que apoyen la hipótesis de la existencia de poblaciones diferenciadas y su relación con procesos evolutivos y ecológicos.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Estimar parámetros de diversidad genética de individuos adultos y juveniles de mahi-mahi.
- Determinar los diferentes grupos genéticos en adultos y juveniles de mahi-mahi.
- Estimar los niveles de diferenciación genética entre los grupos definidos.
- Obtener SNPs asociados a procesos de selección adaptativa.
- Evaluar patrones evolutivos obtenidos utilizando SNPs neutrales y aquellos bajo selección adaptativa.



III. MATERIALES Y MÉTODOS

MUESTREO

Con la finalidad de tener un muestreo estandarizado para todas las localidades se elaboró un protocolo donde se detalló la forma de colecta de las muestras y su almacenamiento (Anexo I). Para la colecta, además de la participación de todas las instituciones involucradas, se contó con la colaboración de la Empresa Frumar, en Costa Rica, y de observadores a bordo del programa de la Comisión Interamericana del Atún Tropical.

En la figura 1 se muestra la posición geográfica de las localidades de colecta así como el número de juveniles y adultos de los cuales fue posible

obtener una muestra de músculo. A reserva de las muestras colectadas en Perú (las cuales fueron semi-procesadas en IMARPE), las muestras fueron enviadas al laboratorio de genética de organismos acuáticos del Instituto de Ciencias del Mar y Limnología de la UNAM para su pre-procesamiento. Una vez recibido el ADN digerido de las muestras de Perú junto con los tejidos recibidos en la UNAM, fueron preparadas la librerías genómicas correspondientes y enviadas a la Universidad de Georgia para su secuenciación. El número de muestras colectadas y enviadas a secuenciar se presenta en la tabla 1.

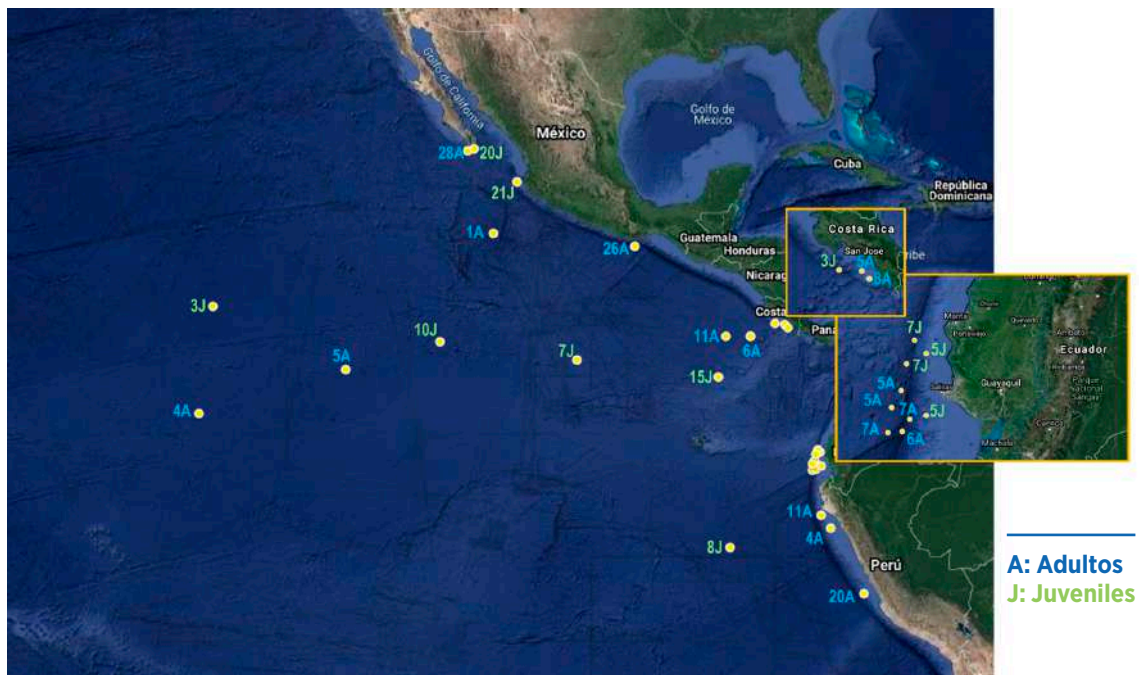


Figura 1. Sitios de colecta de muestras de juveniles y adultos de dorado en el Océano Pacífico Oriental. El número indica el tamaño de muestra de cada localidad.



Tabla 1. Número de individuos adultos y juveniles y su rango de tallas respectivo colectados por localidad.

| Localidades (ID) | Adultos | Rango de tallas | Juveniles | Rango de tallas | Machos | Hembras |
|------------------------------|---------|-----------------|-----------|-----------------|--------|---------|
| Cabo San Lucas, México (CSL) | 28 | 89-95 | 20 | 42-66 | 18 | 30 |
| Bahía Banderas, México (BB) | - | - | 21 | 43-65.5 | 7 | 14 |
| Puerto Ángel, México (PAO) | 26 | 91-117 | - | - | 8 | 18 |
| Puntarenas, Costa Rica (PUN) | 30 | 93-170 | 18 | 52.3-72.8 | 15 | 33 |
| Santa Rosa, Ecuador (SR) | 30 | 80.9-108.6 | 24 | 41.8-56.8 | 21 | 33 |
| Paíta, Perú (PA) | 15 | 81-92 | 8 | 61-64 | 5 | 18 |
| Pucusana, Perú (PUC) | 20 | 75-85 | - | - | 5 | 15 |
| Oceánica (OC) | 10 | 80-128 | 20 | 39-49 | 10 | 20 |

PROCESAMIENTO EN EL LABORATORIO

Con el objetivo de facilitar el envío de muestras desde el laboratorio del IMARPE en Perú y al mismo tiempo obtener los mismos resultados en la elaboración de las librerías, los pasos iniciales de la digestión se realizaron en laboratorio del IMARPE y en el de ICMYL-UNAM utilizando las mismas enzimas. Los productos digeridos fueron

enviados al laboratorio de la UNAM donde fue finalizada la preparación de las librerías.

Se elaboraron librerías genómicas de los individuos colectados siguiendo el protocolo 3RAD de Bayona-Vásquez *et al.* (2019), el cual fragmenta el ADN mediante enzimas de restricción. En breve,



las muestras de ADN fueron normalizadas a una concentración de 20 ng / μ l antes de ser digeridas con la siguiente combinación de enzimas: Clal, MspI y Bam-HI. Una vez digerido el ADN se ligaron adaptadores enzimáticos específicos a los productos, una de las ventajas del protocolo 3RAD es que al utilizar tres enzimas es posible eliminar los dímeros y quimeras generados por los residuos de los adaptadores, y de esta forma generar librerías genómicas con una mayor calidad al eliminar secuencias repetidas desde el procesamiento inicial. La enzima MspI es la encargada de digerir estos residuos ya que los adaptadores utilizados corresponden a las enzimas Clal y Bam-HI. Una vez concluido el proceso de ligación, cada producto fue purificado empleando perlas magnéticas, y etanol al 80% que nos permite retener fragmentos de ADN de mayor calidad.

Las perlas magnéticas son removidas al terminar este proceso, los productos finales fueron resuspendidos en 20 μ l de buffer TE 1X. Para generar las librerías completas, los productos ligados se amplificaron utilizando cebadores iTru5 e iTru7 (Glenn *et al.*, 2019), y fueron visualizados en un gel de agarosa al 1.5X para detectar que las librerías generaron productos con un tamaño de fragmento entre los 300 pb a los 800 pb. Los productos de PCR se purificaron y combinaron en volúmenes equimolares, y las muestras de las distintas localidades fueron divididas al azar en tres “pools” de 96 individuos cada uno, esto nos permitió evitar sesgos por secuenciación.

Las genotecas agrupadas se seleccionaron por tamaño en un rango de 550 pb \pm 12%. Los fragmentos seleccionados por tamaño se purificaron y se amplificaron mediante una PCR final con los cebadores P5 y P7 (Glenn *et al.*, 2019). La secuenciación se llevó a cabo utilizando un equipo Illumina NextSeq para generar datos de

PE150 en el Georgia Genomics and Bioinformatics Core de la Universidad de Georgia en Atenas.

El análisis bioinformático se puede dividir en tres pasos, limpieza de datos, ensamblaje y cálculos poblacionales. Stacks 2.2 (Catchen *et al.*, 2013; Rochette *et al.*, 2019) fue el software utilizado para el procesamiento inicial, la limpieza de datos se realizó empleando el módulo process_radtags, utilizando la combinación de los adaptadores se identificó el sitio de corte de las enzimas de restricción, y se realizó un proceso “demultiplex” para identificar las secuencias que pertenecen a cada individuo, se eliminaron secuencias de baja calidad y se cortaron las secuencias en 139 pb. El ensamblaje de los locus se llevó a cabo con el método de-denovo, el cual se recomienda realizar cuando no se cuenta con un genoma de referencia.

La definición de los parámetros más adecuados para no estimar o subestimar la generación de alelos, locus y variantes, se hizo optimizando cada uno de los siguientes parámetros; m (indica la cantidad de lecturas mínimas para formar un alelo), M (número mínimo de inconsistencias entre alelos para formar un locus) y n (número mínimo entre alelos que genera los catálogos de locus).

Finalmente, el módulo “populations” fue utilizado para el filtraje y llamado de SNPs, considerando un valor máximo de heterocigosis del 75% para evitar parálogos, se utilizó la regla del 80, que indica que un locus será retenido si se presentan en el 80% de los individuos en una población, se seleccionó solamente un SNP al azar por locus (con la opción --write-random-snp) para evitar el desequilibrio de ligamiento.

Para evaluar si la cantidad de datos faltantes, proporción de machos o hembras o si los individuos juveniles o adultos tenían algún efecto





en la estructuración de las poblaciones, se tomó la decisión de seguir cuatro estrategias. La cantidad de datos faltantes en los análisis genómicos parece no influir de manera sustancial en los resultados finales (Pedraza-Marron et al., 2019; Hosegood et al., 2020), sin embargo un filtrado inicial de locus con datos faltantes puede darnos la pauta de qué efecto podrían tener en la estructuración de las poblaciones. Expuesto lo anterior, la primera estrategia en el manejo de datos consistió en separar individuos en adultos y organismos juveniles y seleccionando sólo un SNP al azar, sin considerar la cantidad de datos faltantes. Para

la segunda y tercera estrategia, analizamos los datos en conjunto sin considerar la separación entre adultos y juveniles. Considerando el efecto de los datos faltantes, la primera base se elaboró considerando un filtro inicial eliminando el 50% de locus faltantes así como los alelos que presentaron valores inferiores al 0.05 de frecuencia. La segunda base generada consistió en seleccionar un solo SNP por locus al azar sin considerar el valor de los datos faltantes. Por último, con la cuarta estrategia evaluamos la estructura genética de las poblaciones al considerar hembras y machos sin importar la clase de edad.

CÁLCULOS POBLACIONALES

A partir de los parámetros anteriores se obtuvo una base de variantes (SNPs) que fue transformada a los formatos correspondientes con el paquete PGDspider v 2.0.7.3 (Lischer & Excoffier, 2012). La diversidad genética se estimó en términos de la heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_s) y riqueza alélica (A_r). Los valores de cada parámetro se obtuvieron con el paquete de R 'hierfstat' (Goudet, 2020).

Para inferir la estructura genética de mahi-mahi se empleó un análisis discriminante de componentes principales (DAPC). Este enfoque estadístico multivariado maximiza la variación entre grupos transformando primero los datos por medio de un análisis de componentes principales y subsecuentemente, los grupos genéticos se infieren a partir de un análisis discriminante (Jombart et al., 2010). Este método se realizó por medio del paquete de R 'adegenet' (Jombart, 2008). Para evaluar si el patrón de estructuración observado tiene sustento estadístico se corrió un análisis de varianza molecular (AMOVA) usando 10,000 permutaciones, permitiendo un 25% de

datos faltantes con Arlequín (Excoffier & Lischer, 2010). Además, se evaluó la diferenciación genética entre pares de poblaciones usando F_{ST} . El valor asociado de significancia estadística p se evaluó con base en 10,000 permutaciones usando Arlequin.

Para los análisis poblacionales, los diferentes estimadores tanto de diversidad como de divergencia genética se obtuvieron de manera independiente considerando las tres estrategias de análisis; para todo el conjunto de datos, separando los individuos adultos y juveniles, y separando a los individuos entre machos y hembras.

El determinar variables que puedan detectar señales de selección adaptativa es una de las mayores ventajas que la secuenciación masiva ha permitido estudiar. El uso de marcadores conocidos como "outliers SNP" que son aquellas variantes que presentan grandes diferencias en las frecuencias alélicas ha resultado en la determinación de subgrupos dentro de las poblaciones analizadas en diversos estudios,



como ha sido el caso del atún aleta amarilla (Pecoraro *et al.*, 2018). Existen actualmente una gran cantidad de estrategias que permiten encontrar estas variables, entre las más comunes se encuentran las que están fundamentadas en la hipótesis bayesiana, sin embargo, esta es una estrategia que demanda bastante tiempo computacional, y es necesario establecer posibles grupos o poblaciones que permitan inferir las frecuencias alélicas (Foll & Gaggiotti 2008). La aproximación empleada en el presente trabajo, utiliza la evaluación de variantes a través de análisis de componentes principales (PCA), y una de sus ventajas radica en que no es necesario contar con una agrupación previa y es efectiva en la detección de "outliers" en poblaciones que presentan altos niveles de flujo génico, como se

podría esperar en el mahi-mahi (Luu *et al.*, 2016; Privé *et al.*, 2020). El paquete de R *pcadapt* fue utilizado con los parámetros por default, en primera instancia un análisis de distancias de mahalanobis que permite emplear los PCA de manera robusta. El método de selección de outliers fue el de corrección de Bonferroni con un valor de alfa de 0.1.



IV. RESULTADOS

Un total de 270 librerías genómicas de la especie *Coryphaena hippurus* fueron elaboradas exitosamente de las cuales 111 corresponden a organismos juveniles de seis localidades (CSL, OC, BB, PUN, SR, y PA) y 161 organismos adultos de siete localidades (CSL, OC, PAO, PUN, SR, PA, y PUC). La secuenciación genómica se realizó en un equipo Illumina PE150 en dos corridas independientes (2 “lane”). Fueron generadas un total de 576 millones de lecturas para tres grupos de 96 muestras (material suplementario Anexo II). Los resultados de secuenciación fueron recibidos en dos periodos de tiempo, 300 millones de lecturas que corresponden a la primer corrida de lane 6, se entregaron en el mes de Julio del año en curso, mientras que 276 millones fueron recibidos en un segundo período en Agosto de 2021, y corresponden a la segunda corrida del lane 3. La cobertura de secuenciación por individuo tuvo un rango de entre 21X a 70X tanto para adultos como para juveniles de las localidades muestreadas, únicamente un individuo perteneciente a las muestras oceánicas y que corresponde a un organismo juvenil (Oce15) presentó una cobertura baja de 4X (Fig. 1, Anexo III).

Dos millones de lecturas en promedio por individuo fueron recuperadas después del procesamiento de datos. El ensamblado de novo fue optimizado utilizando valores de 2-10 para M , con la finalidad de recuperar la mayor cantidad de locus polimórficos. El valor de 2, fue el que presentó los mayores locus polimórficos, tanto al realizar el análisis con $m = 2$ y 3 de (tabla 1, Anexo IV). Una vez que determinó que $M = 2$ y $m = 3$ recuperaban de manera adecuada los locus polimórficos, además se optimizó el valor de n utilizando valores entre 0 y 10; los resultados se

muestran en las tablas anexas (tabla 2, Anexo IV). El valor de $n = 7$ presentó la mayor cantidad de locus y SNPs, por lo que fue el seleccionado para los análisis posteriores (tabla 2, Anexo IV).

El ensamblado se realizó con todos los individuos, un total de 285,271 SNPs fueron recuperados para los 270 organismos, esta cantidad de SNPs lo encontramos en 29,027 locus de los cuales 27,722 resultaron ser polimórficos. Seguimos cuatro estrategias de análisis de datos: 1) utilizando los 270 individuos secuenciados y filtrando un SNP por locus al azar; 2) con los mismos 270 individuos, utilizando un filtro de missing data de 50 %, y eliminando alelos con frecuencias menores a 0.05; 3) separando los individuos de *C. hippurus* por sexo filtrando un SNP por locus al azar; y 4) se separaron a los individuos de *C. hippurus* haciendo distinción entre adultos y juveniles. Para el presente informe, se presentan los resultados obtenidos con las estrategias 1 y 4.

La cantidad de SNPs y locus varió dependiendo de los filtros utilizados en las cuatro estrategias que seguimos. Al utilizar un SNP al azar y considerando a los organismos como adultos y juveniles obtuvimos un total de 27,294 variantes (SNPs), para ambos grupos. Al considerar todos los individuos sin importar la clase de edad pero eliminando los locus que presentaran el 50% de datos faltantes y alelos con frecuencias menores de 0.05, obtuvimos un total de 16,405 SNPs, la tercer estrategia considerando todos los individuos y seleccionando sólo un SNP al azar nos dio como resultado un total de 27,294. Finalmente la cuarta estrategia considerando a las hembras y machos de igual manera se recuperaron 27,294 SNPs para ambos conjuntos de datos.



CÁLCULOS POBLACIONALES

Con base en el total de individuos colectados y utilizando la estrategia 1 de análisis (utilizando los 270 individuos secuenciados y filtrando un SNP por locus al azar) se recuperaron 27,294 SNPs a partir de los cuales se realizaron los análisis de diversidad y estructura genética que a continuación se detallan. En el caso de la estrategia 4 (separando juveniles y adultos) se recuperaron 17,266 SNPs para individuos adultos y 26,133 SNPs para individuos juveniles.

La diversidad genética se refiere a la variación heredada dentro y entre poblaciones de una especie. Mientras mayor sea la diversidad genética mayor es la capacidad de una población de adaptarse a los cambios en el ambiente. Por lo tanto, una población con poca variabilidad, tendrá un riesgo mayor frente a estos cambios. El número y la cantidad de alelos en una población

es una medida de variación genética llamada heterocigosidad. Para *Coryphaena hippurus* los parámetros de diversidad genética indicaron variación moderada a lo largo de las localidades analizadas, incluyendo a todos los individuos (270), individuos juveniles y adultos (Fig. 2, 3, y 4). La heterocigosidad resultó similar para las tres bases de datos. Para todos los individuos la H_o varió de 0.047 a 0.076; H_s de 0.053 a 0.089; y la riqueza alélica de 1.053 a 1.088 (Fig. 2). Para los individuos adultos los estimados de H_o y H_s se ubicaron en un rango desde 0.043 a 0.055 y 0.050 a 0.065, respectivamente (Fig. 3). La riqueza alélica osciló entre 1.053 a 1.067. Para los individuos juveniles la H_o varió de 0.050 a 0.081; H_s desde 0.054 a 0.093; y la A_r de 1.054 a 1.093 (Fig. 4). No se identificaron diferencias potenciales entre localidades de ambas cohortes.

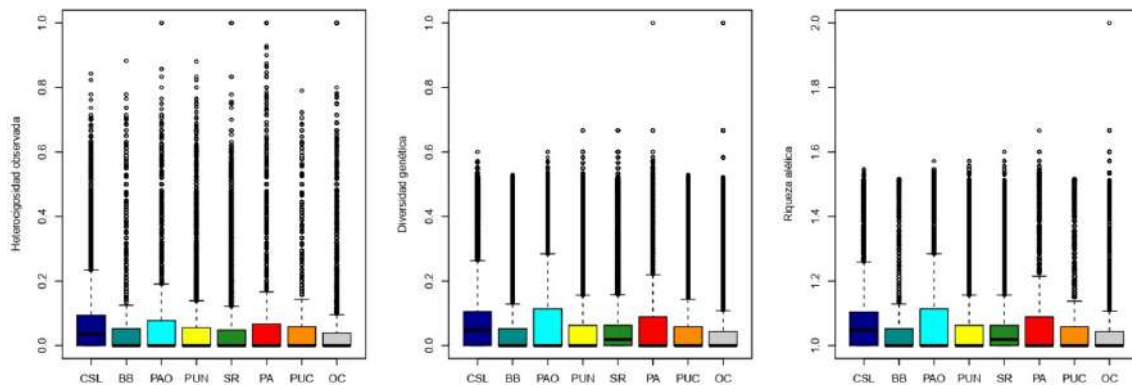


Figura 2. Estimados de diversidad genética de todos los individuos de mahi-mahi, *Coryphaena hippurus* en el Pacífico Oriental. De izquierda a derecha: heterocigosidad observada (H_o), la diversidad genética (H_s), y riqueza alélica (A_r). CSL, Cabo San Lucas (norte de México); BB, Bahía Banderas (centro de México); PAO, Puerto Ángel (sur de México); PUN, Puntarenas (Costa Rica); SR, Santa Rosa (Ecuador); PA, Paita (norte de Perú); PUC, Pucusana (Centro de Perú); OC, Oceánicas.

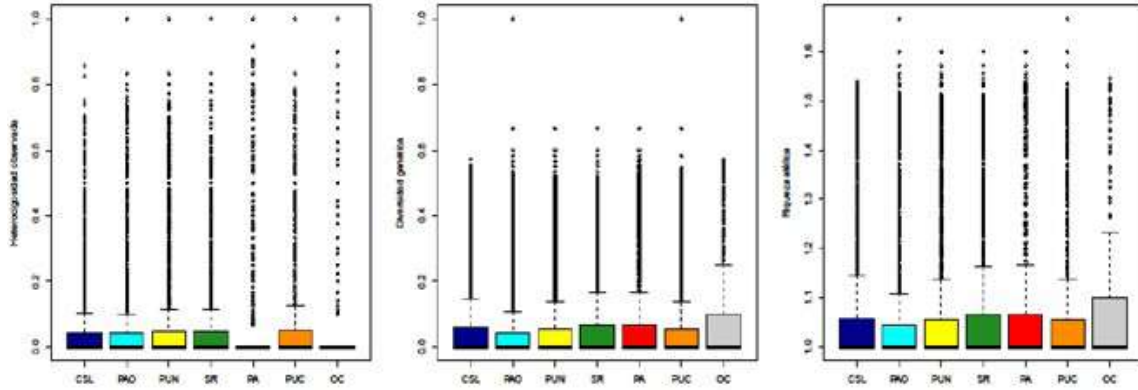


Figura 3. Estimados de diversidad genética de individuos adultos de mahi-mahi, *Coryphaena hippurus* en el Pacífico Oriental. De izquierda a derecha: heterocigosidad observada (H_o), la diversidad genética (H_s), y riqueza alélica (A_r). CSL, Cabo San Lucas (norte de México); PAO, Puerto Ángel (sur de México); PUN, Puntarenas (Costa Ricas); SR, Santa Rosa (Ecuador); PA, Paita (norte de Perú); PUC, Pucusana (Centro de Perú); OC, Oceánicas.

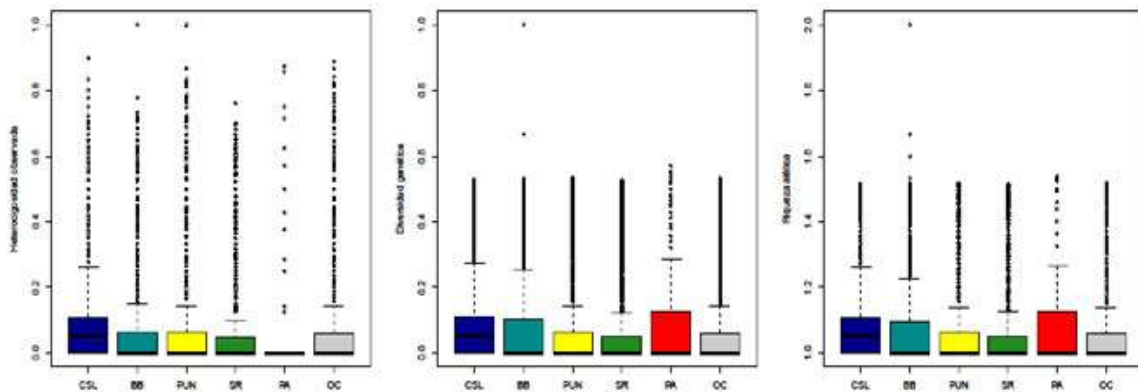


Figura 4. Estimados de diversidad genética de individuos juveniles de mahi-mahi, *Coryphaena hippurus* en el Pacífico Oriental. De izquierda a derecha: heterocigosidad observada (H_o), la diversidad genética (H_s), y riqueza alélica (A_r). CSL, Cabo San Lucas (norte de México); BB, Bahía Banderas (centro de México); PUN, Puntarenas (Costa Rica); SR, Santa Rosa (Ecuador); PA, Paita (norte de Perú); OC, Oceánicas.



Cuando las poblaciones naturales muestran diferencias en las frecuencias alélicas y genotípicas de una región a otra, es posible asumir que éstas muestran diferenciación genética. Una parte fundamental del estudio de la estructura genética (es decir, cómo se distribuye la diversidad genética en el espacio geográfico) es poder asignar a los individuos con base a sus frecuencias alélicas y genotípicas a un número específico de poblaciones

o grupos de poblaciones diferenciados. Por lo tanto, los individuos de una misma población son genéticamente más similares entre sí que con individuos de otras poblaciones. Definir la estructura genética y establecer los niveles de diferenciación genética entre poblaciones tiene profundas implicaciones en el manejo y administración de los recursos pesqueros.

ANÁLISIS DISCRIMINANTE DE COMPONENTES PRINCIPALES

Los resultados de estructura genética basados en el DAPC indican que en ambas estrategias de análisis (total de individuos y adultos-juveniles) se detectan poblaciones diferenciadas.

Utilizando el total de individuos en la figura 5 se observa la existencia de poblaciones genéticamente diferenciadas (Puerto Ángel, Puntarenas, Santa Rosa y Paita), en tanto que el resto de poblaciones se ubican cerca del centroide.

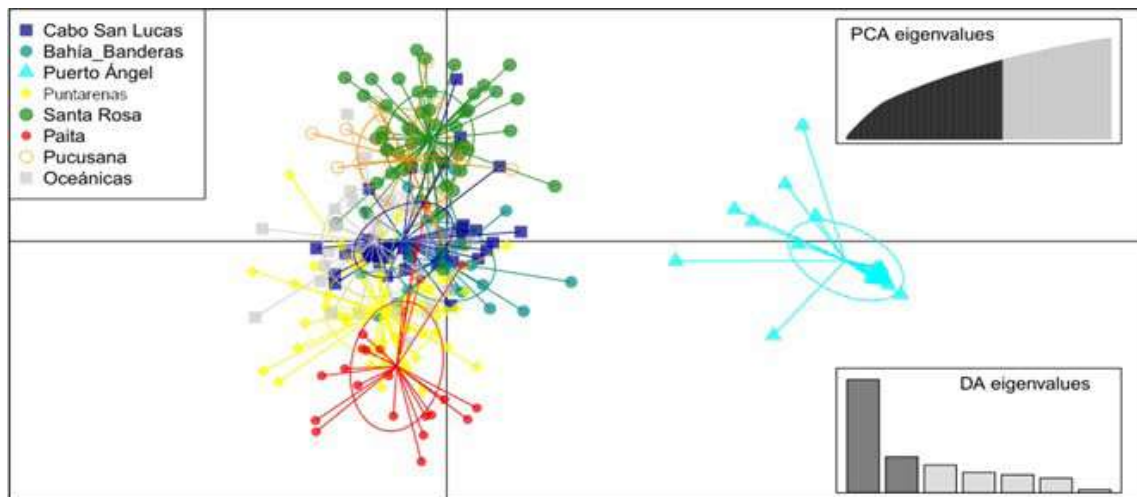


Figura 5. Patrón de estructuración del total de individuos de mahi-mahi (270) empleando DAPC.





Por su parte el análisis de probabilidad de asignación de cada individuo a un cluster o población (bar-plot), confirma la asignación de los individuos a sus respectivas poblaciones

(Figura 6). En los clusters sin embargo se observa evidencia algún grado de flujo genético entre las diferentes localidades estudiadas, especialmente entre Cabo San Lucas con Paita y Santa Rosa.

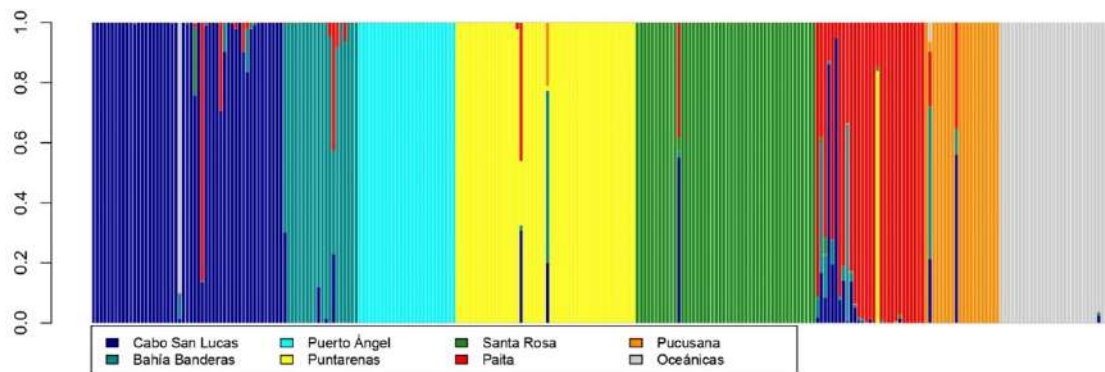


Figura 6. Patrón de estructuración del total de individuos de mahi-mahi (270) empleando un gráfico de la probabilidad de pertenecer a n grupos. Cada individuo se representa en una barra vertical, cada color de la barra representa la probabilidad (proporcional al largo de cada color) de pertenecer a n número de grupos genéticos.

Por su parte en los análisis de adultos las poblaciones que se separan son; Oceánicas, Puntarenas, Santa Rosa y Pucusana (Figuras 7 y 8), mientras que en juveniles se separan las poblaciones de Cabo San Lucas y Bahía Banderas (Figuras 9 y 10).

En el 'bar plot' (Fig. 8) donde se asigna la probabilidad de pertenencia de cada individuo

a cada localidad, cada individuo se encuentra asignado a su respectiva localidad con indicios de flujo genético entre Cabo San Lucas y Puerto Ángel, y estas dos últimas con Santa Rosa y Paita. Lo cual sugiere que podría haber un complejo patrón de aislamiento y conectividad entre las poblaciones de Cabo San Lucas, Puerto Ángel, Santa Rosa, y Paita (Fig. 8).

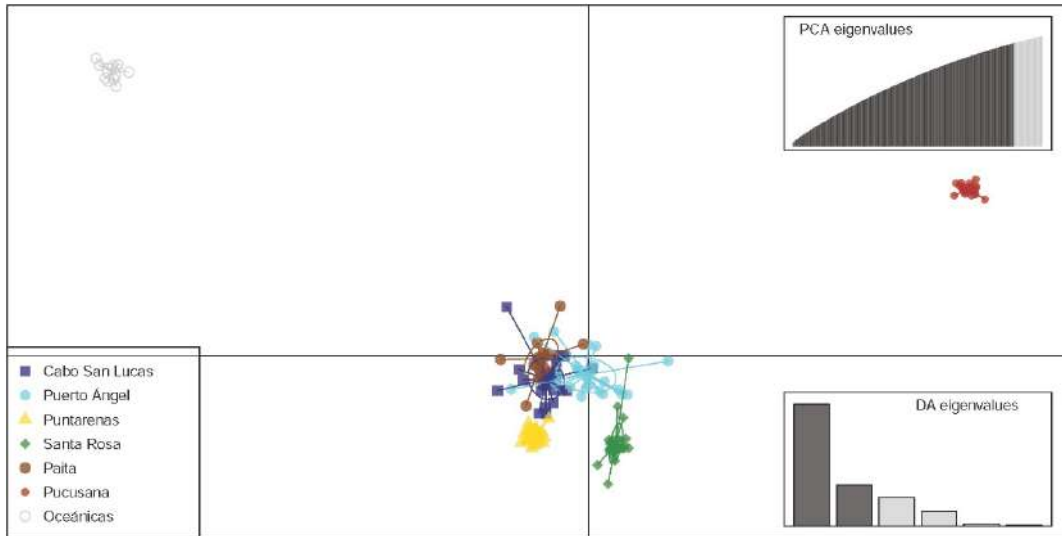


Figura 7. Patrón de estructuración de individuos adultos de mahi-mahi empleando DAPC.

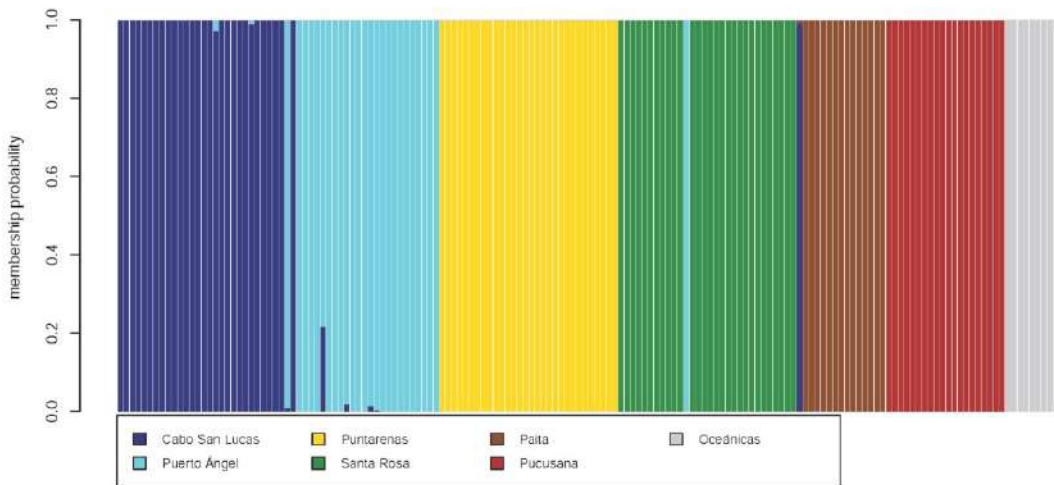


Figura 8. Patrón de estructuración de individuos adultos de mahi-mahi donde se observa la probabilidad de pertenecer a n grupos. Cada individuo se representa en una barra vertical, cada color de la barra representa la probabilidad (proporcional al largo de cada color) de pertenecer a n número de grupos genéticos.

Con respecto a los individuos juveniles, el DAPC sugirió claramente una separación en tres grupos: 1) Cabo San Lucas (norte de México); 2) Bahía Banderas (Centro de México); y 3) el resto

de las localidades (Puntarenas, Santa Rosa, Paita, y Oceánicas) se agruparon en otro independiente (Fig. 6), por lo cual, entre dichas localidades se observa un alto grado de conectividad (Fig.9).





La asignación de individuos en el bar plot (Figura 10) muestra la pertenencia de los individuos de Cabo San Lucas y Bahía Banderas a sus respectivas localidades y una gran mezcla de los individuos del resto de las localidades.

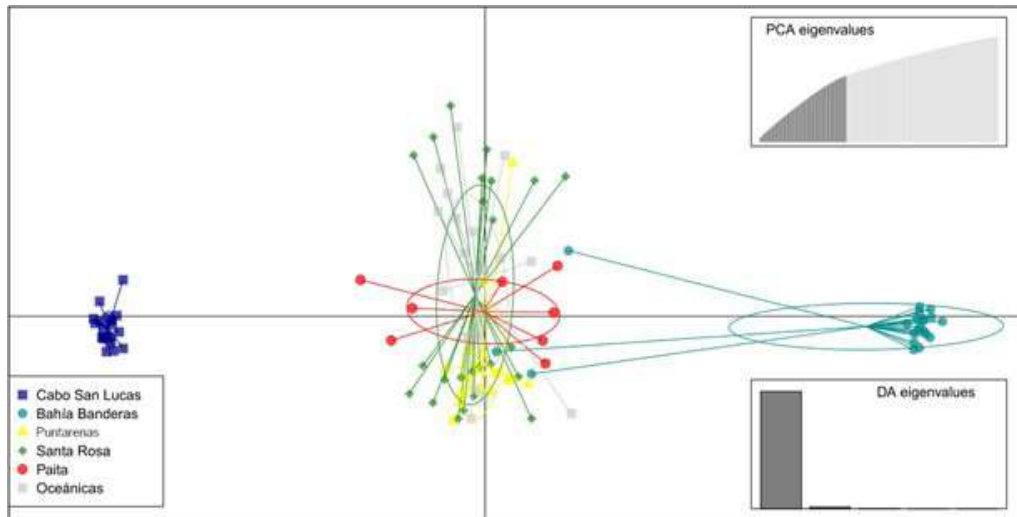


Figura 9. Patrón de estructuración de individuos juveniles de mahi-mahi empleando DAPC.

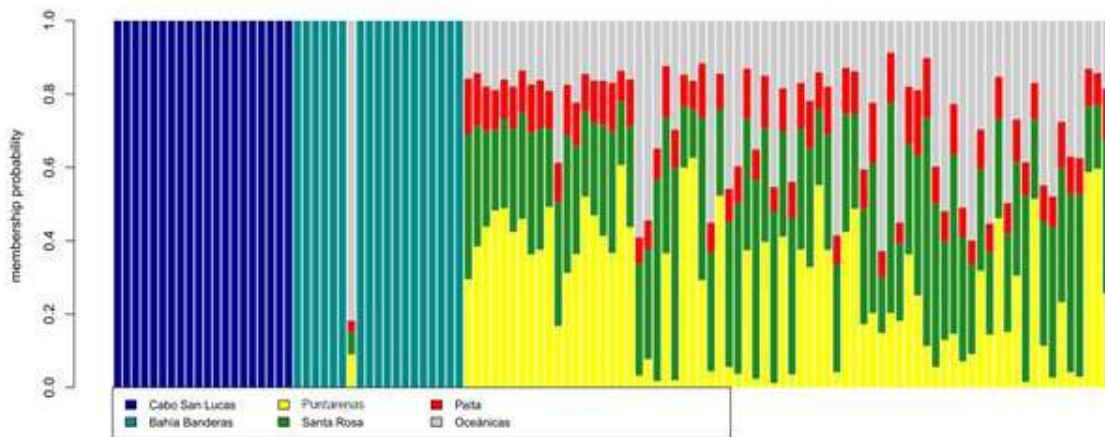


Figura 10. Gráfico de la probabilidad de pertenecer a n grupos (panel inferior). Cada individuo se representa en una barra vertical, cada color de la barra representa la probabilidad (proporcional al largo de cada color) de pertenecer a n número de grupos genéticos. Los DAPC separando a los individuos entre machos y hembras muestra un patrón similar separando Puerto Ángel y Puntarenas en ambos casos (Figura 2A y 3A Anexo V).



ANÁLISIS DE VARIANZA MOLECULAR (AMOVA)

Para probar si las diferencias genéticas pueden ser representadas a través de la formación de grupos hipotéticos se realizó un análisis de AMOVA. Esto bajo el supuesto de la existencia de grupos genéticos bien definidos en función de su cercanía o ubicación geográfica. De esta forma, en el caso del total de individuos se consideraron 4 grupos; Grupo 1 Oceánicas; Grupo 2 Cabo San Lucas; Grupo 3 Bahía Banderas-Puerto Ángel-

Puntarenas-Santa Rosa; Grupo 4 Paita-Pucusana.

El AMOVA dio como resultado un valor bajo para las diferencias entre los grupos formados aunque significativo ($F_{CT} = 0.00065$; $P=0.04$; Tabla 2). El agrupamiento probado resultó significativo aún aplicando un filtro diferente de los datos (estrategia 2; considerando datos faltantes en un 50% máximo y eliminando alelos con frecuencias menores a 0.05; Tabla 1A del anexo V).

Tabla 2. Análisis de varianza molecular incluyendo los 270 individuos secuenciados de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|--------------------|------------|
| Entre grupos | 0.06475 | $F_{CT} = 0.00065$ | 0.044 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | 0.22761 | $F_{SC} = 0.00228$ | 0.010 |
| Dentro de poblaciones | 99.70764 | $F_{ST} = 0.00292$ | 0 |

Hipótesis de agrupación: Grupo 1: Oceánicas; Grupo 2: Cabo San Lucas; Grupo 3: Bahía Banderas, Puerto Ángel, Puntarenas, y Santa Rosa; Grupo 4: Paita y Pucusana.

En el caso de los adultos, se consideraron 4 grupos; Grupo 1 Oceánicas; Grupo 2 Cabo San Lucas; Grupo 3 Puerto Ángel-Puntarenas y Santa Rosa; Grupo 4 Paita y Pucusana. El AMOVA resultó

en una estimación de diferencias entre grupos bajo y significativo ($F_{CT} = 0.00108$; $P=0.04$; Tabla 3).





Tabla 3. Análisis de varianza molecular (AMOVA) de individuos adultos de *Coryphaena hippurus* con base en tres hipótesis de agrupación.

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|----------------------|------------|
| Entre grupos | 0.10829 | $F_{CT} = 0.00108^*$ | 0.04363 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | 0.2993 | $F_{SC} = 0.00300^*$ | 0.002 |
| Dentro de poblaciones | 99.59241 | $F_{ST} = 0.00408^*$ | 0 |

* $p < 0.05$. Grupo 1: Cabo San Lucas; Grupo 2: Oceánicas; Grupo 3: Puerto Ángel, Puntarenas y Santa Rosa; Grupo 4: Paita y Pucusana.

El estadístico de diferenciación genética entre poblaciones dentro de los grupos, F_{SC} para el total de las muestras y los adultos, resultó significativo indicando subestructuración más fina al interior de los grupos.

Finalmente, en juveniles se consideraron 5 grupos; Grupo 1 Oceánicas; Grupo 2 Cabo

San Lucas; Grupos 3 Bahía Banderas; Grupo 4 Santa Rosa; Grupo 5 Paita-Pucusana. Dicho agrupamiento resultó en la ausencia de diferencias genéticas significativas entre grupos, aunque tampoco entre poblaciones dentro de los grupos (Tabla 4).

Tabla 4. Análisis de varianza molecular de individuos juveniles de *Coryphaena hippurus* con base en la hipótesis de agrupación encontrada con DAPC. F_{ST} global = 0; $p = 1$.

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|----------------------|------------|
| Entre grupos | 0.17607 | $F_{CT} = 0.00176$ | 0.21455 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | 0.33293 | $F_{SC} = 0.00334$ | 0.23198 |
| Dentro de poblaciones | 99.49099 | $F_{ST} = 0.00509^*$ | 0.00000 |

* $p < 0.05$. Hipótesis de agrupación: Grupo 1: Oceánicas; Grupo 2: Cabo San Lucas; Grupo 3: Bahía Banderas; Grupo 4: Puerto Ángel, Grupo 5: Puntarenas y Santa Rosa.



El AMOVA considerando machos consideró 4 grupos: Grupo 1 Océánicas; Grupo 2 Cabo San Lucas; Grupo 3 Bahía Banderas-Puerto Ángel-Puntarenas-Santa Rosa; Grupo 4 Paita-Pucusana, resultó en la ausencia de diferencias significativas ($F_{CT} = 0.0003$; $P=0.4$; Tabla 3A Anexo V).

Por su parte el AMOVA considerando hembras y los mismos 4 grupos que en machos, resultó en diferencias significativas entre los grupos ($F_{CT} = 0.0012$; $P=0.02$; Tabla 5A Anexo V).

Se realizaron también estimaciones del estadístico de diferenciación poblacional F_{ST} para las comparaciones entre pares de localidades, para las diferentes estrategias de análisis los cuales en el caso del total de individuos no resultaron en valores de diferenciación significativos (Tabla 5), en tanto que en adultos revelaron que las poblaciones de Cabo San Lucas en el norte de México, la muestra Océánica, así como Pucusana en el sur de Perú mostraron diferenciación genética significativa (Tabla 6). Los juveniles por su parte no mostraron diferencias significativas en ninguna comparación (Tabla 7) al igual que en las comparaciones entre machos y hembras

(Tablas 4A y 5A del Anexo V).

La ausencia de valores estadísticamente significativos de las F_{ST} podría indicar que las frecuencias de los alelos aún no muestran diferencias importantes que puedan ser detectadas mediante dicho análisis. Sin embargo podría estar influyendo también la pérdida de SNPs durante el manejo de datos en Arlequin pues de los 27,294 SNPs detectados y que fueron usados para el análisis de DAPC, se redujeron a 5,309 en el caso del total de muestras analizadas, mientras que en adultos fue de 4,702 y en juveniles 4,977. No obstante en el AMOVA los patrones de diferenciación resultaron consistentes para el total de individuos incluso aplicando dos estrategias de filtrado de datos. Los resultados de las estrategias 1 (utilizando todos los individuos y un SNP al azar por locus) y la 2 (utilizar todos los individuos descartando los locus que presentaron el 50% de datos faltantes y alelos con frecuencias menores al 0.05), resultaron ser muy similares entre sí; las diferencias genéticas representadas por la formación de los 4 grupos evaluados en un análisis de AMOVA sugiere de forma consistente que existe estructura genética de las poblaciones (Tabla 2 y Tabla 1A Anexo V).





Tabla 5. Valores pareados de F_{ST} entre localidades incluyendo los 270 individuos secuenciados de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar. Nombre de las localidades en Tabla 1.

| | CSL | OC | PA | PUC | SR | PUN | PAO | BB |
|-----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|----|
| CSL | 0 | | | | | | | |
| OC | -0.011 | 0 | | | | | | |
| PA | -0.113 | -0.113 | 0 | | | | | |
| PUC | -0.064 | -0.061 | -0.077 | 0 | | | | |
| SR | -0.009 | -0.013 | -0.114 | -0.066 | 0 | | | |
| PUN | -0.020 | -0.029 | -0.139 | -0.080 | -0.021 | 0 | | |
| PAO | -0.015 | -0.021 | -0.117 | -0.072 | -0.021 | -0.034 | 0 | |
| BB | -0.048 | -0.063 | -0.169 | -0.119 | -0.047 | -0.052 | -0.068 | 0 |

Ninguna comparación resultó $p < 0.05$

Tabla 6. Comparación entre pares de poblaciones usando valores pareados de F_{ST} de individuos adultos de *Coryphaena hippurus*. Nombre de las localidades en Tabla 1. F_{ST} global = 0.003; $p = 0.003$.

| | CSL | PAO | PUN | PA | PUC | OC | SR |
|-----|--------------|-------|--------------|--------------|--------------|--------------|----|
| CSL | 0 | | | | | | |
| PAO | 0.003 | 0 | | | | | |
| PUN | 0.003 | 0.001 | 0 | | | | |
| PA | 0.0003 | 0.001 | 0 | 0 | | | |
| PUC | 0.005 | 0.002 | 0.004 | 0.002 | 0 | | |
| OC | 0.008 | 0.003 | 0.005 | 0.006 | 0.013 | 0 | |
| SR | 0.002 | 0 | 0.002 | 0.002 | 0.002 | 0.011 | 0 |

En negritas comparaciones con $p < 0.05$.



Tabla 7. Comparación entre pares de poblaciones usando valores pareados de F_{ST} de individuos juveniles de *Coryphaena hippurus*. Nombre de las localidades en Tabla 1.

| | CSL | BB | SR | PUN | PA | OC |
|-----|-------|-------|-------|-------|-------|----|
| CSL | 0 | | | | | |
| BB | -0.38 | 0 | | | | |
| SR | -0.27 | -0.29 | 0 | | | |
| PUN | -0.38 | -0.08 | -0.25 | 0 | | |
| PA | -0.45 | -0.43 | -0.27 | -0.41 | 0 | |
| OC | -0.21 | -0.33 | -0.38 | -0.32 | -0.53 | 0 |

Ninguna comparación resultó con $p < 0.05$.

En resumen, en las estimaciones de diversidad genética se obtuvieron valores similares entre las tres bases analizadas: todos los individuos, adultos, y juveniles. Por su parte, los patrones de estructuración genética resultaron similares tanto para el total de individuos analizados como para adultos. En ambos análisis se forman 4 grupos genéticamente diferenciados; 1) Muestras Oceánicas, 2) Cabo San Lucas, 3) Puerto Angel-Puntarenas-Santa Rosa, y 4) Perú (Paita y Pucusana).

Así, con base en las diferencias es posible distinguir un patrón entre las regiones del norte de México, la franja ecuatorial (Sur de México, Costa Rica y Ecuador), y sur del Pacífico Oriental (Perú), en particular las poblaciones de Cabo San Lucas (norte de México), las muestras Oceánicas, y Perú (Paita y Pucusana) formaron grupos independientes. El patrón de diferencias en hembras, apoya dicho agrupamiento de las

muestras sugiriendo que éstas presentan algún grado de residencia o fidelidad a los sitios de alimentación/reproducción que por lo general son áreas cercanas a la costa como ha sido corroborado por otros estudios. Por su parte los machos muestran un mayor grado de dispersión.

La estructura genética en los juveniles resultó menos notoria, aunque es coincidente en separar la región norte (Cabo San Lucas y Bahía Banderas) del resto de las localidades sugiriendo que las localidades de la franja ecuatorial se entremezclan con las del sur del Pacífico. No obstante de alguna forma corrobora en cierta medida el patrón de diferencias norte-sur del mahi-mahi, en el Pacífico oriental.

En general, los resultados pueden ser explicados por los factores oceanográficos que limitan la distribución de la especie. En tanto que hacia el norte y sur del ecuador, la distribución del mahi-



mahi ocurre en los límites de la franja de aguas tropicales (24°N-04°S), las localidades de Cabo San Lucas (22°N) y Pucusana (12°S), representan poblaciones en los límites de la distribución de la especie, las poblaciones intermedias, distribuidas en la franja de aguas tropicales, hábitat propicio de la especie, tienen más oportunidad de entremezcla. En suma, es posible reconocer a las poblaciones en los extremos del límite de distribución de la especie; Cabo San Lucas y Oceánicas en el Norte, y Paita-Pucusana en el Sur, como poblaciones diferenciadas las cuales podrían ser consideradas como unidades poblacionales que requieren del diseño de estrategias de manejo independientes.

Por otra parte, las poblaciones de la franja ecuatorial Puerto Ángel (México), Puntarenas (Costa Rica), y Santa Rosa (Ecuador), deben evaluarse para considerarse como una unidad de manejo aunque posiblemente se requiera

de un análisis más detallado de la región que incluya datos de marcaje para evaluar el grado de residencia de los individuos.

En este estudio se consideró el muestreo de juveniles en los diferentes sitios de muestreo, esto con el fin de tener representada la variación genética originada en las localidades de muestreo y con esto tener la posibilidad de registrar diferencias entre los sitios después de un evento reproductivo. No obstante esta cohorte presenta menos diferencias entre los sitios muestreados, lo cual podría indicar que durante un evento reproductivo los individuos adultos que participan provienen de diferentes orígenes. Únicamente las poblaciones de México (Cabo San Lucas y Bahía Banderas), fueron las que se separan claramente del resto. Estas localidades son las que se encuentran mayormente separadas espacialmente del resto, por lo que este resultado es congruente.

DETECCIÓN DE OUTLIERS

Un total de 271 y 1,676 genes asociados a selección adaptativa fueron detectados para organismos adultos y juveniles, respectivamente (Fig. 1A, anexo VI). Dichos genes fueron recuperados mediante un análisis de PCA (Tablas 1A y 2A, Anexo VI). Sin embargo, no se detectaron diferencias significativas en el AMOVA (Tabla

3A, Anexo VI), por lo que al parecer la selección adaptativa no muestra un efecto importante en las poblaciones. No obstante este análisis es preliminar y requiere de mayor profundidad mediante el uso de otras aproximaciones metodológicas basadas en métodos Bayesianos y de genética del paisaje que serán realizados en breve.



V. CONCLUSIONES

Con base en las diferencias encontradas se pudo identificar estructura genética para la especie en las regiones del norte de México, la franja ecuatorial (Sur de México, Costa Rica y Ecuador), y sur del Pacífico Oriental (Perú), en particular las poblaciones de Cabo San Lucas (norte de México), las muestras Oceánicas, y Perú (Paita y Pucusana), ya que formaron grupos genéticos independientes. No obstante, nuestros análisis también revelaron un complejo patrón de flujo genético especialmente en la franja ecuatorial que debe ser tomado en cuenta para el diseño de estrategias de administración de la pesquería en la zona.

Los clusters genéticos determinados en este trabajo deben ser tomados en cuenta al momento de elaborar estrategias de manejo sustentable de la especie *C. hippurus*, pues son consistentes para adultos en general y en especial para las hembras. Considerando que las pesquerías se enfocan en la captura de adultos y una mayor proporción de hembras, los sitios donde se detectaron poblaciones diferenciadas, las hembras deben ser sujetas a un manejo y conservación que considere esta particularidad.

VI. AGRADECIMIENTOS

Diferentes personas e instituciones apoyaron en la colecta de las muestras por ello nuestro agradecimiento. México: a la flota deportiva PISCES, particularmente al Biol. Carlos Narro, al Dr. Guillermo Compeán, al M. en C. Gabriel Aldana, y al personal del Programa de observadores de la Comisión Interamericana del Atún Tropical (sede Mazatlán). Costa Rica: a la Exportadora Frumar S.A. especialmente a la Dra. Diana M. Guerra Muñoz, al Departamento de Investigación del Instituto Costarricense de Pesca y Acuicultura, al Sector Palangrero Nacional, en particular a Mauricio González Director ejecutivo de esta organización, a las M.Sc. Liliana Rendon y Sandra Andraka de EcoPacífico. Ecuador: al Instituto Público de Investigación de Acuicultura y Pesca de Ecuador, en especial al Director Mgs. Juan Javier García Bodniza, Subdirectora Mgs. María del Pilar Solis Coello, Carmen Cabanilla y a Eduardo Macías de la Cooperativa Santa Rosa. Perú: David Fiestas de la Cooperativa Pesquera Artesanal Jehova, Jehová de Reyes de la Islilla, José Puchulan del Instituto del Mar del Perú, Stefany Rojas, consultora independiente Rosario Escobedo, consultora independiente. Nuestro agradecimiento por todo el apoyo brindado al Comité Regional de Productores y Procesadores de Mahi (COREMAHI).

VII.REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- **Aires-da-Silva, A., Lennert-Cody, C.E., Maunder, M.N., Román-Verdesoto, M., Minte-Vera, C., Vogel, N.W., Martínez-Ortiz, J., Carvajal, J.M., Guerrero, P.X., Sondheimer, F. 2014.** Preliminary results from IATTC collaborative research activities on dorado in the eastern Pacific Ocean and future research plan. Document SAC-05-11b. Inter-American Tropical Tuna Commission, Scientific Advisory Committee, Fifth Meeting: 1-27
- **Alejo-Plata, C., Díaz-Jaimes, P., Salgado-Ugarte, I.H. 2011.** Sex ratios, size at sexual maturity, and spawning seasonality of dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) captured in the Gulf of Tehuantepec, Mexico. *Fisheries Research*. 110: 207-216.
- **Alvarado-Bremer, J.R., Stequert, B., Robertson, N.W., Ely, B. 1998.** Genetic evidence for inter-oceanic subdivision of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations. *Mar. Biol.*, 132: 547-557.
- **Bayona-Vazquez, N. 2015.** Estructura genética del pez dorado (*Coryphaena hippurus*) dentro de su ámbito de distribución mundial. Tesis de doctorado. ICMYL-UNAM.116 p.
- **Bayona-Vásquez NJ, Glenn TC, Kieran TJ, Pierson TW, Hoffberg SL, Scott PA, Bentley KE, Finger JW, Louha S, Troendle N, Diaz-Jaimes P, Mauricio R, Faircloth BC. Adapterama III: Quadruple-indexed, double/triple-enzyme RADseq libraries (2RAD/3RAD). PeerJ. 2019 Oct 11;7:e7724. doi: 10.7717/peerj.7724. PMID: 31616583; PMCID: PMC6791345.**
- **Beardsley GL. 1967.** Age, growth and reproduction of the dolphin, *Coryphaena hippurus* in the Straits of Florida. *Copeia* 2: 441-451.
- **Carreras, C. A. García-Cisneros, O. S. Wangensteen, V, Ordóñez, C. Palacín, M. Pascual, X. Turon. 2019.** East is East and West is West: Population genomics and hierarchical analyses reveal genetic structure and adaptation footprints in the keystone species *Paracentrotus lividus* (Echinoidea). *Diversity and Distribution* 00:1-17.
- **Catchen, J., A. Amores, P. Hohenlohe, W. Cresko and J. Postlethwait. 2011.** Stacks: building and genotyping loci de novo from short-read sequences *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 1:171-182.



- **Chow, S. & H. Ushiyama. 1995.** Global population structure of albacores (*Thunnus alalunga*) inferred by RFLP analysis of the mitochondrial ATPase gene. *Mar. Biol.*, 123: 39-45.
- **Díaz-Jaimes, P., Uribe-Alcocer, M., Rocha-Olivares, A., García-de-León, F.J., Nortmoon, P., Durand, J.D. 2010.** Global phylogeography of the dolphinfish (*Coryphaena hippurus*): The influence of large effective population size and recent dispersal on the divergence of a marine pelagic cosmopolitan species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 57: 1209-1218.
- **Ely, B., Viñas, J., Alvarado-Bremer, J., Black, D., Lucas, L., Covello, K., Labrie, A.V., Thelen. E. 2005.** Consequences of the historical demography on the global population structure of two highly migratory cosmopolitan marine fishes: the yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and the skipjack tuna (*Katsuwonis pelamis*). *BMC Evol. Biol.*, 5-19.
- **Excoffier, L, and Lischer, H.E.L. (2010)** Arlequin Suite ver 3.5, a New Series of Programs to Perform Population Genetics Analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564-567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
- **Farrell, E. R., A. M. Boustany, P. N. Halpin, D. L. Hammond, 2014.** Dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) distribution in relation to biophysical ocean conditions in the northwest Atlantic. *Fish. Res.*, 151: 177-190.
- **Foll M, Gaggiotti O. 2008.** A genome-scan method to identify selected loci appropriate for both dominant and codominant markers: a Bayesian perspective. *Genetics*, 180, 977–993.
- **Glenn TC, Pierson TW, Bayona-Vásquez NJ, Kieran TJ, Hoffberg SL, Thomas Iv JC, Lefever DE, Finger JW, Gao B, Bian X, Louha S, Kolli RT, Bentley KE, Rushmore J, Wong K, Shaw TI, Rothrock MJ Jr, McKee AM, Guo TL, Mauricio R, Molina M, Cummings BS, Lash LH, Lu K, Gilbert GS, Hubbell SP, Faircloth BC.** Adapterama II: universal amplicon sequencing on Illumina platforms (TaggiMatrix). *PeerJ*. 2019 Oct 11;7:e7786. doi: 10.7717/peerj.7786. PMID: 31616589; PMCID: PMC6791344.
- **Goudet, J. 2020.** hierfstat: Estimation and Tests of Hierarchical F-Statistics. <https://CRAN.R-project.org/package=hierfstat>
- **Grant, W.S. & B.W. Bowen. 1998.** Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *The Journal of Heredity*. 89(5): 415-426



- **Green, E.D., Guyer, M.S. 2011.** Charting a course for genomic medicine from base pairs to bedside. *Nature*. 470(7333):204-13.
- **Hemmer-Hansen, Jakob & Therkildsen, Nina & Pujolar, Jose 2014.** Population Genomics of Marine Fishes: Next-Generation Prospects and Challenges. *The Biological bulletin*. 227. 117-132. 10.1086/BBLv227n2p117.
- **Hosegood, J. et al., 2020.** Phylogenomics and species delimitation for effective conservation of manta and devil rays. *Molecular ecology*. 29:4783-4796.
- **Jombart T. (2008)** adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24: 1403-1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129
- **Jombart T., Devillard S., Balloux F. 2010.** Discriminant analysis of principal components: A new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC genetics* 11:94. Available at: <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/11/94>
- **Kingsford, M.J. & A. Defries. 1999.** The ecology of and fishery for *Coryphaena* spp. in the waters around Australia and New Zealand. *Sci. Mar.*, 63(3-4): 267-275.
- **Lander, E.S. 2011.** Initial impact of the sequencing of the human genome. *Nature*. 470(7333):187-97.
- **Lischer, H. E. & L. Excoffier. 2012.** PGDspider: An automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. *Bioinformatic*. 28:298-99. doi: 10.1111/1755-0998.12592
- **Luu, K., E. Bazin and M. G. Blum. 2016.** pcadapt: an R package to perform genome scans for selection based on principal component analysis. *Molecular Ecology Resources*.
- **Merten, W., Appeldoorn, R., Hammond, D. 2014a.** Movements of dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) along the US east coast as determined through mark and recapture data. *Fish. Res.*, 151: 114-121.
- **Merten, W., Appeldoorn, R. Rivera, R., Hammond, D. 2014b.** Diel vertical movements of adult male dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) in the western central Atlantic as determined by use of pop-up satellite archival transmitters. *Mar. Biol.*, 161(8): 1823-1834.





- **Milano, I., Babbucci, M., Cariani, A., Atanassova, M., Bekkevold, D., Carvalho, G. R., Espiñeira, M., Fiorentino, F., Garofalo, G., Geffen, A. J., Hansen, J. H., Helyar, S. J., Nielsen, E. E., Ogden, R., Patarnello, T., Stagioni, M., Tinti, F., & Bargelloni, L. 2014.** Outlier SNP markers reveal fine-scale genetic structuring across European hake populations (*Merluccius merluccius*). *Molecular Ecology*, 23, 118– 135. <https://doi.org/10.1111/mec.12568>
- **Oxenford H. 1999.** Biology of the dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) in the western central Atlantic: a review. *Scientia Marina* 63(3-4): 277-301.
- **Oxenford H. 1999.** Biology of the dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) in the western central Atlantic: a review. *Scientia Marina* 63(3-4): 277-301.
- **Palko, B.J., Beardsley, G.L., Richards, W.J. 1982.** Synopsis of the biological data on dolphinfishes, *Coryphaena hippurus* L. and *Coryphaena equiselis* L. NOAA Tech. Rep. NMFS Circular 443, 28. *Scientific reports* 8:13890. doi:10.1038/s41598-018-32331-3.
- **Pecoraro, C., M. Babbucci, R. Franch, C. Rico, C. Papetti, E. Chassot, N. Bodin, A. Cariani, L. Bargelloni and F. Tinti. 2018** The population genomics of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) at global geographic scale challenges current stocks delination.
- **Pedraza-Marron, C. del R., et al. 2019.** Genomics overrules mitochondrial DNA, siding with morphology on a controversial case of species delimitation. *Proc. R. Soc. B* 286: 20182924. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2018.2924>.
- **Privé, F., K.Luu, B. J. Vihjálmsón and G. B. Blum. 2020.** Performing highly efficient genome scans for local adaptation with R package pcadapt version 4. *Mol. Biol. Evol.* 37(7):2153-2154.
- **Rochette, N., A. Rivera-Colón and J. Catchen. 2019.** Stacks 2: Analytica methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics. *Molecular Ecology*. 20 (21): 4737-4754.



ANEXO I

PROTOCOLO DE COLECTA Y ALMACENAMIENTO DE MUESTRAS PARA EL PROYECTO GENÉTICO DE IDENTIFICACIÓN DE ESTRUCTURA DE SOCK(S) DE PERICO/ DORADO (*CORYPHAENA HIPPURUS*) EN EL OCEANO PACIFICO ORIENTAL



CONTENIDO

1. INTRODUCCIÓN

El perico/dorado es una especie pelágica migratoria, altamente resistente a la pesca debido a su rápido crecimiento y maduración temprana (Alhanzer & Nanninga, 2014). El Océano Pacífico Oriental (OPO) es una de las regiones de perico/dorado más productivas en el mundo (Aires-da-Silva et al., 2016), la cual se extiende desde el norte de Chile hasta el sur de los Estados Unidos. Dentro de la región, la mayor parte de la producción proviene de la pesca artesanal o semi-industrial, por lo que esta especie representa una fuente crucial de medios de vida e ingresos para las comunidades pesqueras, al tiempo que plantea desafíos para su manejo sostenible (Alhanzer & Nanninga, 2014).

Varios esfuerzos se han realizado para mejorar la gestión de la pesca de dorado en el OPO. En cumplimiento su mandato, la Comisión Interamericana del Atún Tropical CIAT ha proporcionado investigaciones y orientaciones de colaboración para llevar a cabo una evaluación exploratoria de las poblaciones en el sur del OPO y una evaluación de posibles puntos de referencia y reglas de control y captura (CIAT, 2018). A nivel nacional, los países pertinentes han adoptado medidas de gestión local, han aplicado planes de acción específicos para la pesca y han elaborado disposiciones jurídicas. Sin embargo, uno de los desafíos que enfrenta la pesquería, es el desconocimiento de la estructura del stock del

Perico/Dorado en el Pacífico Oriental.

En este sentido el IPIAP y el IMARPE, en el IV Taller Binacional Sobre la Investigación Biológica -Pesquera del Perico/Dorado, trazaron una hoja de ruta para realizar un estudio genético. De igual manera el proyecto Global Marine Commodities (GMC), el cual es implementado por el Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo y Sustainable Fisheries Partnership (SFP), ha priorizado trabajar en un estudio genético en Ecuador y Costa Rica (países donde se implementa el proyecto GMC) para reducir la incertidumbre sobre la estructura de stock de esta especie. Debido a que Perú es un actor clave en la pesquería de perico/dorado, SFP invitó al IMARPE a sumarse a participar en este estudio el cual ha sido diseñado por la Dra. Sofía Ortega del CICIMAR y el Dr. Píndaro Díaz de la UNAM. El estudio consiste en coleccionar varias muestras de tejido de perico/dorado, en un tiempo determinado en Costa Rica, Ecuador, Perú y México, para realizar un análisis genético a través de la técnica RadSeq. Ante lo expuesto, los institutos de investigación de pesca de estos países acordaron trabajar en un protocolo de colecta y almacenamiento de muestras para el proyecto genético de identificación de estructura de stock(s) de perico/dorado (*Coryphaena hippurus*) en el océano pacífico oriental.



2. OBJETIVO

Estandarizar un protocolo de colecta de muestras de tejido de perico/dorado (*Coryphaena hippurus*) para llevar a cabo un estudio genético, con el fin de reducir las incertidumbres sobre la estructura del stoc(s) de esta especie en el océano Pacífico Oriental.

3. INSTITUCIONES PARTICIPANTES

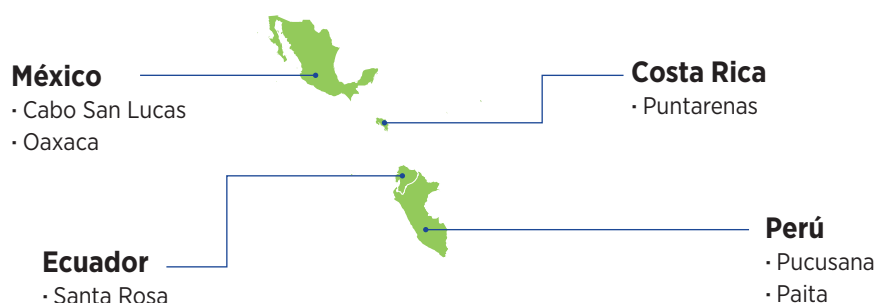
- Instituto Costarricense de Pesca y Acuicultura
- Instituto Público de Investigación de Acuicultura y Pesca de Ecuador.
- Instituto del Mar del Perú

4. NÚMERO DE MUESTRAS

- ✓ 30 ejemplares de dorado adulto (≥ 80 cm longitud furcal) (primera temporada, diciembre 2019) por localidad.
- ✓ 30 ejemplares de dorado juveniles ($<40-50$ cm) entre más pequeño mejor (segunda temporada, marzo mayo 2020) por localidad.

Tratar de colectar una proporción de 50% de machos y 50% de hembras de entre 4 y 7 embarcaciones por temporada.

5. LUGAR DE MUESTREO





6. PERSONAL PARA COLECTAR LAS MUESTRAS

Las muestras serán colectadas por:

IPN

- ✓ **Responsable:** Dra. Sofía Ortega-García
- ✓ **Técnico de campo:** Sofía Ortega-García, Ulianov Jakes-Cota

IMARPE

- ✓ **Responsables:** Dra. Ana Alegre y Dra. Giovanna Sotil
- ✓ **Técnico de campo:** Rodrigo Paiva (Paita) y Amado Che (Pucusana)

IPIAP

- ✓ **Responsable:** Blgo. Esteban Elías
- ✓ **Técnicos de campo:** Blgo. Esteban Elías y Carmen Cabanilla.

INCOPECA

- ✓ **Responsable:** Blgo. Jose Miguel Carvajal
- ✓ **Técnico de campo:** Blgo. Jose Miguel Carvajal

7. FECHAS DE COLECTA

- ✓ **Colecta de adultos** Noviembre 2019 –Enero 2020
- ✓ **Colecta Juveniles** durante 2020 debido a la situación de la pandemia (COVID 19)

8. PROCEDIMIENTO PARA LA TOMA DE MUESTRA

- ✓ Comprar las muestras en campo (solicitar factura o recibo) y llenar la bitácora de campo con la mayor información posible.
- ✓ Colocar una etiqueta (señal) con un código. Ejemplo de código de muestra: ChSR 0518-11; donde las letras y números se refieren a:
 - a. Dos letras relacionadas a las iniciales del nombre científico de la especie colectada (ejm. Ch = *C. hippurus*).
 - b. Una letra en mayúscula que indica el lugar de colecta (ejm. SR=Santa Rosa).
 - c. Fecha del muestreo: compuesta por el mes y año (ejm. 0518 = mayo del 2018).
 - d. El número de individuo muestreado (ejm. 11 = individuo décimo primero muestreado en el puerto).



- ✓ Colocar las muestras en hieleras y transportar al laboratorio.
- ✓ En el laboratorio limpie el área y los materiales de trabajo (bandeja, tijeras, bisturí y pinzas) con etanol al 96%, y seque con papel toalla. Verifique la ausencia de residuos de papel u otros entre las ranuras del material.
- ✓ Colóquese los guantes, lávese las manos con alcohol y séquese con papel toalla.
- ✓ Asegúrese de tener a la mano el formulario de colecta de datos y los tubos ependor o la caja de microtubos para la colecta de tejidos.
- ✓ Tomar la muestra desinfectando el cuchillo o con hoja de bisturí diferente cuando se cambie de organismo.

9. EXTRACCIÓN DE LAS MUESTRAS

- ✓ Coloque un ejemplar encima de una bandeja limpia.
- ✓ Tome la información biométrica y biológica del ejemplar, y llene el formulario correspondiente.
- ✓ Coloque un ejemplar en una zona limpia de una bandeja, y utilizando las pinzas y una hoja de bisturí realice un corte de la parte de la cabeza de aproximadamente 1 cm³ (tamaño de un caramelo) para Ecuador y Costa Rica, y 0.5 cm³ para Perú.



Área de extracción del músculo



- ✓ Para el caso de Ecuador y Costa Rica, con la ayuda de las pinzas, colocar la muestra en un frasco falco de 50 ml con alcohol 96%. Posteriormente colocar en el congelador o en cajas con hielo para el transporte.
- ✓ Para el análisis en Perú con la ayuda de las pinzas, coloque el tejido en un criovial que contiene 1 ml de alcohol 96% y cierre bien el criovial.
- ✓ Verifique que el tejido se encuentre sumergido completamente en el alcohol. Mantenga aproximadamente 3 veces más el volumen del alcohol respecto al del tejido.
- ✓ Limpie el material de disección utilizado con el papel toalla y alcohol al 96%.
- ✓ Verifique el rótulo o etiqueta (código correspondiente a la muestra) del criovial (Perú) o del frasco (Ecuador y Costa Rica) en la parte exterior y colóquelo en la caja correspondiente.
- ✓ Conserve los crioviales o frascos en refrigeración hasta su transporte al Laboratorio de Genética Molecular – IMARPE o de la UNAM (México)
- ✓ Limpie el material de colecta utilizado previo a la toma de la siguiente muestra.

10. CONSERVACIÓN DE LAS MUESTRAS EN LABORATORIO (PERÚ Y MÉXICO)

- ✓ En el laboratorio, utilizando papel toalla, limpie el área de trabajo, la bandeja y pinzas con hipoclorito al 10%, seguido de agua y etanol al 96%. Verifique la ausencia de residuos de papel u otros entre las ranuras del material.
- ✓ Con ayuda de las pinzas, coloque cada muestra en un criovial nuevo y estéril de 2 ml, conteniendo 1 ml de alcohol al 96%, y mantenga la proporción de 3: 1 (volumen del etanol respecto al volumen del tejido).
- ✓ Además, asigne a cada muestra un código de acuerdo a lo establecido en el punto anterior. Ejemplo de código de muestra: ChSR 0518-11; donde las letras y números se refieren a:
 - a. Dos letras relacionadas a las iniciales del nombre científico de la especie colectada (ejm. Ch = *C. hippurus*).
 - b. Una letra en mayúscula que indica el lugar de colecta (ejm. SR=Santa Rosa).
 - c. Fecha del muestreo: compuesta por el mes y año (ejm. 0518 = mayo del 2018).
 - d. El número de individuo muestreado (ejm. 11 = individuo décimo primero muestreado en el puerto)
- ✓ Coloque las muestras en cajas porta crioviales rotuladas, de la siguiente forma:
 - a. Primera línea: “Tejido”
 - b. Segunda línea: “POP Ch # ” - número de caja.



c. Tercera línea: mes y año (separados por un guión medio) en el cual se colectaron las muestras. De corresponder a la colecta de dos meses se separarán por un “/”.

- ✓ Almacene las cajas en el banco de tejidos del laboratorio, a aproximadamente 4 °C, y registre la información en la base de datos digital del laboratorio, considerando:
 - ✓ Nombre de caja
 - ✓ Puerto
 - ✓ Fecha de colecta
 - ✓ Zona de colecta
 - ✓ Ubicación de la caja (en la refrigeradora)
 - ✓ Intervalo de muestras
- ✓ Los datos proporcionados por el colector y la nueva codificación asignada a cada muestra también se incluyen en la base de datos del laboratorio.
- ✓ Anualmente verifique el estado de conservación de las muestras (ejm. volumen del etanol, tejido, rótulos), y cada tres años realice el recambio de etanol a todas las muestras.

11. MATERIALES

- ✓ Frasco tipo falcon 50 ml ependor con tapa
- ✓ Pinzas punta fina.
- ✓ Bisturí de acero inoxidable
- ✓ Hojas de bisturí.
- ✓ Tijeras.
- ✓ Guantes de nitrilo o látex.
- ✓ Alcohol al 96%.
- ✓ Hipoclorito al 10%
- ✓ Papel toalla.
- ✓ Caja con microtubos o crioviales de 1.5-2.0 ml
- ✓ Fuente o bandeja para realizar la disección.
- ✓ Formulario de colecta de datos del muestreo biológico.
- ✓ Muestras-individuos



ANEXO II

Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Cabo San Lucas (CSL) | | | | |
|----------------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| CSL1 | 5124868 | 8370 | 5826 | 5110672 |
| CSL2 | 6245230 | 22990 | 7745 | 6214495 |
| CSL3 | 5084784 | 9320 | 3562 | 5071902 |
| CSL4 | 4502942 | 7907 | 4736 | 4490299 |
| CSL5 | 6375330 | 23172 | 7153 | 6345005 |
| CSL6 | 5361006 | 19289 | 6508 | 5335209 |
| CSL7 | 5676244 | 28413 | 7009 | 5640822 |
| CSL8 | 5104074 | 14803 | 5985 | 5083286 |
| CSL9 | 4572686 | 8742 | 3711 | 4560233 |
| CSL10 | 6785378 | 10073 | 7905 | 6767400 |
| CSL11 | 7406740 | 12216 | 8729 | 7385795 |
| CSL12 | 3968526 | 12886 | 5180 | 3950460 |
| CSL13 | 4737058 | 7859 | 5469 | 4723730 |
| CSL14 | 7437290 | 14139 | 8289 | 7414862 |
| CSL15 | 3996874 | 11276 | 5215 | 3980383 |
| CSL16 | 5896094 | 6738 | 6731 | 5882625 |
| CSL17 | 6388846 | 7806 | 7481 | 6373559 |
| CSL18 | 3395026 | 10694 | 4184 | 3380148 |
| CSL19 | 3295116 | 16811 | 3924 | 3274381 |
| CSL20 | 7745612 | 16005 | 9483 | 7720124 |
| CSL21 | 8237478 | 19483 | 9888 | 8208107 |
| CSL22 | 4061292 | 6730 | 2840 | 4051722 |
| CSL23 | 6718490 | 15682 | 7432 | 6695376 |
| CSL24 | 6327164 | 9038 | 7350 | 6310776 |
| CSL25 | 3888658 | 6254 | 5124 | 3877280 |
| CSL26 | 4766104 | 12037 | 5704 | 4748363 |
| CSL27 | 4493118 | 17196 | 5410 | 4470512 |
| CSL28 | 7099936 | 18397 | 10550 | 7070989 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Cabo San Lucas (CSL) | | | | |
|----------------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Juveniles | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| CSLJ1 | 3031156 | 8799 | 3325 | 3019032 |
| CSLJ2 | 5389096 | 20427 | 6608 | 5362061 |
| CSLJ3 | 7277780 | 8983 | 9582 | 7259215 |
| CSLJ4 | 3771162 | 15227 | 4934 | 3751001 |
| CSLJ5 | 6141430 | 11857 | 7532 | 6122041 |
| CSLJ6 | 6162584 | 27759 | 7208 | 6127617 |
| CSLJ7 | 2374238 | 4839 | 1258 | 2368141 |
| CSLJ8 | 3774162 | 6403 | 4495 | 3763264 |
| CSLJ9 | 3945858 | 8392 | 4791 | 3932675 |
| CSLJ10 | 5350372 | 18015 | 6123 | 5326234 |
| CSLJ11 | 5372726 | 11005 | 7351 | 5354370 |
| CSLJ12 | 4648562 | 9557 | 3062 | 4635943 |
| CSLJ13 | 4680844 | 22686 | 6639 | 4651519 |
| CSLJ14 | 4865200 | 9249 | 5150 | 4850801 |
| CSLJ15 | 6696692 | 39677 | 8475 | 6648540 |
| CSLJ16 | 5903686 | 21456 | 6741 | 5875489 |
| CSLJ17 | 6850558 | 19448 | 8719 | 6822391 |
| CSLJ18 | 5968250 | 16401 | 6905 | 5944944 |
| CSLJ19 | 10700726 | 20237 | 13827 | 10666662 |
| CSLJ20 | 6932084 | 24808 | 8733 | 6898543 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Oceanicas (OC) | | | | |
|----------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| Oce18 | 6397198 | 15844 | 7220 | 6374134 |
| Oce19 | 6375990 | 14654 | 7554 | 6353782 |
| Oce20 | 7399746 | 25289 | 4999 | 7369458 |
| Oce21 | 7122474 | 29972 | 8339 | 7084163 |
| Oce22 | 6272802 | 27222 | 7023 | 6238557 |
| Oce23 | 5970768 | 11907 | 7132 | 5951729 |
| Oce24 | 8545274 | 29787 | 10527 | 8504960 |
| Oce26 | 8034218 | 32847 | 8452 | 7992919 |
| Oce27 | 9670214 | 29908 | 13235 | 9627071 |
| Oce28 | 6876330 | 10405 | 8600 | 6857325 |

| Oceanicas (OC) | | | | |
|----------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Juveniles | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| Oce1 | 9231694 | 16820 | 10268 | 9204606 |
| Oce2 | 23391300 | 31192 | 29474 | 23330634 |
| Oce3 | 8690092 | 12457 | 10959 | 8666676 |
| Oce4 | 7800210 | 23260 | 9792 | 7767158 |
| Oce5 | 6164494 | 25744 | 8392 | 6130358 |
| Oce6 | 6856490 | 25780 | 8872 | 6821838 |
| Oce7 | 8828976 | 24868 | 10825 | 8793283 |
| Oce8 | 3255240 | 5578 | 2999 | 3246663 |
| Oce9 | 6163198 | 28359 | 6419 | 6128420 |
| Oce10 | 7307120 | 22596 | 9099 | 7275425 |
| Oce11 | 5814096 | 12843 | 7158 | 5794095 |
| Oce12 | 6471290 | 17836 | 8411 | 6445043 |
| Oce13 | 6413358 | 22153 | 7101 | 6384104 |
| Oce14 | 5568100 | 10296 | 6497 | 5551307 |
| Oce15 | 137130 | 2622 | 386 | 134122 |
| Oce16 | 6274802 | 13903 | 7331 | 6253568 |
| Oce17 | 4701256 | 12516 | 5442 | 4683298 |
| Oce25 | 8033404 | 34740 | 9114 | 7989550 |
| Oce29 | 8146046 | 19504 | 10428 | 8116114 |
| Oce30 | 4809716 | 31371 | 5540 | 4772805 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Bahía Banderas (BB) | | | | |
|---------------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Juveniles | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| BaB1 | 7795172 | 23614 | 8576 | 7762982 |
| BaB2 | 10382940 | 478116 | 12615 | 9892209 |
| BaB3 | 9557844 | 428717 | 11546 | 9117581 |
| BaB4 | 9292746 | 369815 | 12454 | 8910477 |
| BaB5 | 7229388 | 158456 | 8269 | 7062663 |
| BaB6 | 7484282 | 147046 | 9255 | 7327981 |
| BaB7 | 8332564 | 266182 | 11001 | 8055381 |
| BaB8 | 7260690 | 133687 | 9316 | 7117687 |
| BaB9 | 7739952 | 226704 | 9837 | 7503411 |
| BaB10 | 6316774 | 172584 | 7363 | 6136827 |
| BaB11 | 11225242 | 280423 | 14114 | 10930705 |
| BaB12 | 2339694 | 5891 | 3108 | 2330695 |
| BaB13 | 4696018 | 9443 | 5415 | 4681160 |
| BaB14 | 6880912 | 333663 | 8357 | 6538892 |
| BaB15 | 7067914 | 195158 | 8592 | 6864164 |
| BaB16 | 6574264 | 181435 | 8232 | 6384597 |
| BaB17 | 7568886 | 101814 | 9237 | 7457835 |
| BaB18 | 7700848 | 369632 | 8449 | 7322767 |
| BaB19 | 6064232 | 288062 | 8530 | 5767640 |
| BaB20 | 5652750 | 131646 | 6319 | 5514785 |
| BaB21 | 5812762 | 134144 | 7234 | 5671384 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Puerto Angel Oaxaca (PAO) | | | | |
|---------------------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| PA1 | 2914886 | 11975 | 1774 | 2901137 |
| PA2 | 3829658 | 12335 | 4448 | 3812875 |
| PA3 | 5922822 | 12436 | 6827 | 5903559 |
| PA4 | 4566330 | 35826 | 5366 | 4525138 |
| PA5 | 2577900 | 9642 | 2775 | 2565483 |
| PA6 | 4470130 | 21187 | 5754 | 4443189 |
| PA7 | 3854072 | 12352 | 4310 | 3837410 |
| PA8 | 5523626 | 18748 | 6376 | 5498502 |
| PA9 | 8740880 | 9445 | 10851 | 8720584 |
| PA10 | 4606164 | 5310 | 5205 | 4595649 |
| PA11 | 4358896 | 19910 | 5199 | 4333787 |
| PA12 | 4671602 | 22466 | 5348 | 4643788 |
| PA13 | 3430336 | 11387 | 3974 | 3414975 |
| PA14 | 5089278 | 18024 | 6027 | 5065227 |
| PA15 | 4426022 | 26763 | 5468 | 4393791 |
| PA16 | 5843054 | 33863 | 6847 | 5802344 |
| PA17 | 4316630 | 11364 | 6044 | 4299222 |
| PA18 | 4273976 | 29422 | 5305 | 4239249 |
| PA19 | 4949240 | 18147 | 6625 | 4924468 |
| PA20 | 4052182 | 3945 | 2836 | 4045401 |
| PA21 | 4515734 | 11721 | 5211 | 4498802 |
| PA22 | 6262438 | 15528 | 7365 | 6239545 |
| PA23 | 4273162 | 14607 | 5337 | 4253218 |
| PA24 | 3994778 | 13604 | 4258 | 3976916 |
| PA25 | 6082856 | 12161 | 6990 | 6063705 |
| PA26 | 7870684 | 17723 | 9412 | 7843549 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Puntarenas (PUN) | | | | |
|------------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| CR1 | 6833088 | 23008 | 9886 | 6800194 |
| CR2 | 4166938 | 46781 | 4618 | 4115539 |
| CR3 | 5336066 | 15231 | 5660 | 5315175 |
| CR4 | 6040712 | 9804 | 6649 | 6024259 |
| CR5 | 5723604 | 9490 | 4767 | 5709347 |
| CR6 | 3838030 | 40527 | 4184 | 3793319 |
| CR7 | 5507040 | 13696 | 6296 | 5487048 |
| CR8 | 3730144 | 116259 | 4073 | 3609812 |
| CR9 | 2469878 | 17459 | 1403 | 2451016 |
| CR10 | 2892080 | 69454 | 1693 | 2820933 |
| CR11 | 8753684 | 41998 | 11847 | 8699839 |
| CR12 | 5469028 | 32134 | 5775 | 5431119 |
| CR13 | 2977118 | 17686 | 2552 | 2956880 |
| CR14 | 5015338 | 9381 | 5536 | 5000421 |
| CR15 | 8404920 | 33596 | 11216 | 8360108 |
| CR16 | 9315234 | 38637 | 10003 | 9266594 |
| CR17 | 4974134 | 21035 | 4645 | 4948454 |
| CR18 | 12073542 | 41357 | 13295 | 12018890 |
| CR19 | 7233780 | 16175 | 9369 | 7208236 |
| CR20 | 5483774 | 9446 | 7061 | 5467267 |
| CR26 | 4624700 | 102009 | 5168 | 4517523 |
| CR27 | 5913620 | 75005 | 8907 | 5829708 |
| CR28 | 6426826 | 13469 | 6845 | 6406512 |
| CR29 | 5062284 | 8147 | 6189 | 5047948 |
| CR30 | 7422068 | 19814 | 11302 | 7390952 |
| CR31 | 6552806 | 26653 | 7887 | 6518266 |
| CR32 | 3877970 | 25087 | 4435 | 3848448 |
| CR33 | 5558780 | 15432 | 6052 | 5537296 |
| CR39 | 5021698 | 19946 | 6226 | 4995526 |
| CR40 | 5017234 | 18189 | 5696 | 4993349 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Puntarenas (PUN) | | | | |
|------------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Juveniles | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| CRJ1 | 6821532 | 394778 | 7621 | 6419133 |
| CRJ2 | 7853788 | 69415 | 8794 | 7775579 |
| CRJ3 | 8830750 | 187432 | 10043 | 8633275 |
| CRJ4 | 6363614 | 39677 | 7575 | 6316362 |
| CRJ5 | 8965894 | 13885 | 10646 | 8941363 |
| CRJ6 | 4140388 | 4867 | 4611 | 4130910 |
| CRJ7 | 9427316 | 10445 | 10489 | 9406382 |
| CRJ8 | 7297832 | 84155 | 10327 | 7203350 |
| CRJ9 | 8280950 | 99210 | 10374 | 8171366 |
| CRJ10 | 8265442 | 116810 | 9897 | 8138735 |
| CRJ11 | 7081986 | 37161 | 8439 | 7036386 |
| CRJ12 | 11731602 | 163294 | 13950 | 11554358 |
| CRJ13 | 6043742 | 51703 | 8193 | 5983846 |
| CRJ14 | 6673734 | 71977 | 8510 | 6593247 |
| CRJ15 | 9216180 | 100233 | 11747 | 9104200 |
| CRJ16 | 6705026 | 58057 | 8457 | 6638512 |
| CRJ17 | 9176642 | 121445 | 11411 | 9043786 |
| CRJ18 | 4798372 | 6090 | 5517 | 4786765 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Ecuador (ECU) | | | | |
|---------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| Ecu1 | 4951904 | 5709 | 5298 | 4940897 |
| Ecu2 | 6345960 | 13077 | 7160 | 6325723 |
| Ecu3 | 5115906 | 10237 | 5556 | 5100113 |
| Ecu4 | 6525768 | 8127 | 7240 | 6510401 |
| Ecu5 | 6398312 | 12563 | 7190 | 6378559 |
| Ecu6 | 5170522 | 8239 | 5502 | 5156781 |
| Ecu7 | 5494536 | 6381 | 5833 | 5482322 |
| Ecu8 | 8469810 | 20433 | 9416 | 8439961 |
| Ecu9 | 5241596 | 9455 | 5713 | 5226428 |
| Ecu10 | 5080824 | 9474 | 5665 | 5065685 |
| Ecu11 | 8298188 | 15910 | 9678 | 8272600 |
| Ecu12 | 3122860 | 5202 | 3458 | 3114200 |
| Ecu13 | 3904086 | 4253 | 4335 | 3895498 |
| Ecu14 | 6610352 | 30883 | 8881 | 6570588 |
| Ecu15 | 5790222 | 14904 | 6836 | 5768482 |
| Ecu16 | 6463740 | 13498 | 7472 | 6442770 |
| Ecu17 | 5337650 | 12157 | 6217 | 5319276 |
| Ecu18 | 2313532 | 48991 | 4760 | 2259781 |
| Ecu19 | 5816064 | 26211 | 7254 | 5782599 |
| Ecu20 | 5856898 | 13129 | 7321 | 5836448 |
| Ecu21 | 5688240 | 9746 | 6706 | 5671788 |
| Ecu22 | 5185000 | 9753 | 6364 | 5168883 |
| Ecu23 | 7474254 | 13352 | 9199 | 7451703 |
| Ecu24 | 8142394 | 9292 | 9431 | 8123671 |
| Ecu25 | 5305946 | 5776 | 6154 | 5294016 |
| Ecu26 | 4621646 | 10458 | 5366 | 4605822 |
| Ecu27 | 4143178 | 12991 | 4882 | 4125305 |
| Ecu28 | 5028064 | 13686 | 6003 | 5008375 |
| Ecu29 | 5447510 | 11626 | 6327 | 5429557 |
| Ecu30 | 5236914 | 16108 | 6123 | 5214683 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Ecuador (ECU) | | | | |
|---------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Juveniles | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| Ecu31 | 4240102 | 12962 | 5035 | 4222105 |
| Ecu32 | 5208992 | 26754 | 6199 | 5176039 |
| Ecu33 | 7929778 | 15420 | 9050 | 7905308 |
| Ecu34 | 3778400 | 8961 | 4496 | 3764943 |
| Ecu35 | 4348320 | 8109 | 5256 | 4334955 |
| Ecu36 | 3874546 | 8144 | 4634 | 3861768 |
| Ecu37 | 7686232 | 9163 | 8908 | 7668161 |
| Ecu38 | 5763336 | 13118 | 6791 | 5743427 |
| Ecu39 | 4221656 | 8363 | 4824 | 4208469 |
| Ecu40 | 5079366 | 8782 | 5890 | 5064694 |
| Ecu41 | 5965312 | 15191 | 6881 | 5943240 |
| Ecu42 | 5649190 | 13822 | 6242 | 5629126 |
| Ecu43 | 4971798 | 10085 | 5764 | 4955949 |
| Ecu44 | 3679650 | 11643 | 4226 | 3663781 |
| Ecu45 | 5926128 | 11800 | 7129 | 5907199 |
| Ecu46 | 5208962 | 13867 | 6334 | 5188761 |
| Ecu47 | 5537784 | 26112 | 6409 | 5505263 |
| Ecu48 | 4204930 | 8830 | 4830 | 4191270 |
| Ecu49 | 3155854 | 3635 | 3450 | 3148769 |
| Ecu50 | 6283024 | 80804 | 7397 | 6194823 |
| Ecu51 | 6258798 | 51210 | 6821 | 6200767 |
| Ecu52 | 8105158 | 161106 | 9938 | 7934114 |
| Ecu53 | 7607430 | 59454 | 9058 | 7538918 |
| Ecu54 | 5581016 | 121169 | 6158 | 5453689 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Paita (PA) | | | | |
|------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| N4 | 5560102 | 32102 | 5072 | 5522928 |
| N5 | 5013990 | 159286 | 6757 | 4847947 |
| N6 | 8497450 | 173712 | 9987 | 8313751 |
| N7 | 2816978 | 83744 | 2782 | 2730452 |
| N8 | 2101830 | 11336 | 1163 | 2089331 |
| N9 | 5359172 | 155947 | 6407 | 5196818 |
| N10 | 5410174 | 344425 | 6401 | 5059348 |
| N11 | 5505116 | 189070 | 6580 | 5309466 |
| N12 | 3365640 | 46323 | 3843 | 3315474 |
| N13 | 3572838 | 16875 | 4302 | 3551661 |
| N14 | 3985826 | 23020 | 5211 | 3957595 |
| N15 | 6975110 | 107623 | 7984 | 6859503 |
| N16 | 7030476 | 100985 | 10466 | 6919025 |
| N17 | 7546890 | 185280 | 9795 | 7351815 |
| N18 | 5808354 | 127686 | 6265 | 5674403 |

| Paita (PA) | | | | |
|------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Juveniles | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| N20 | 1834638 | 13629 | 876 | 1820133 |
| N21 | 4776656 | 31764 | 3163 | 4741729 |
| N22 | 6037356 | 45758 | 6714 | 5984884 |
| N23 | 7527848 | 52181 | 9054 | 7466613 |
| N24 | 6433200 | 41252 | 7254 | 6384694 |
| N25 | 7263812 | 26975 | 8616 | 7228221 |
| N26 | 5377548 | 70322 | 6080 | 5301146 |
| N27 | 6217382 | 87232 | 6878 | 6123272 |



Tabla 1. Cantidad de lecturas totales procesadas y retenidas después de utilizar el modulo “process_radtags”.

| Pucusana (PUC) | | | | |
|----------------|------------------|------------|--------------|--------------------|
| Adultos | | | | |
| Muestras | Lecturas totales | No. RadTag | Baja calidad | Lecturas retenidas |
| C6 | 6074124 | 13463 | 7278 | 6053383 |
| C9 | 4708418 | 13070 | 5611 | 4689737 |
| C10 | 5779166 | 14861 | 6470 | 5757835 |
| C11 | 3457178 | 6287 | 3979 | 3446912 |
| C12 | 3507980 | 6849 | 4120 | 3497011 |
| C13 | 4698612 | 18973 | 5748 | 4673891 |
| C14 | 5226402 | 11710 | 6166 | 5208526 |
| C17 | 5063794 | 16418 | 6144 | 5041232 |
| C18 | 3166114 | 11377 | 3368 | 3151369 |
| C20 | 3777662 | 17607 | 5162 | 3754893 |
| C21 | 4801540 | 17653 | 5821 | 4778066 |
| C22 | 3337400 | 11294 | 3938 | 3322168 |
| C23 | 4185916 | 6858 | 2905 | 4176153 |
| C24 | 4311514 | 14579 | 4976 | 4291959 |
| C25 | 4821084 | 15066 | 5541 | 4800477 |
| C26 | 5160138 | 11776 | 6410 | 5141952 |
| C28 | 4488612 | 36392 | 5561 | 4446659 |
| C29 | 4805990 | 19693 | 5968 | 4780329 |
| C31 | 4621230 | 14241 | 4987 | 4602002 |
| C32 | 6225180 | 33741 | 9307 | 6182132 |



ANEXO III

Figura 1. Cobertura de cada individuo secuenciado, la línea roja indica el valor óptimo de 20X.

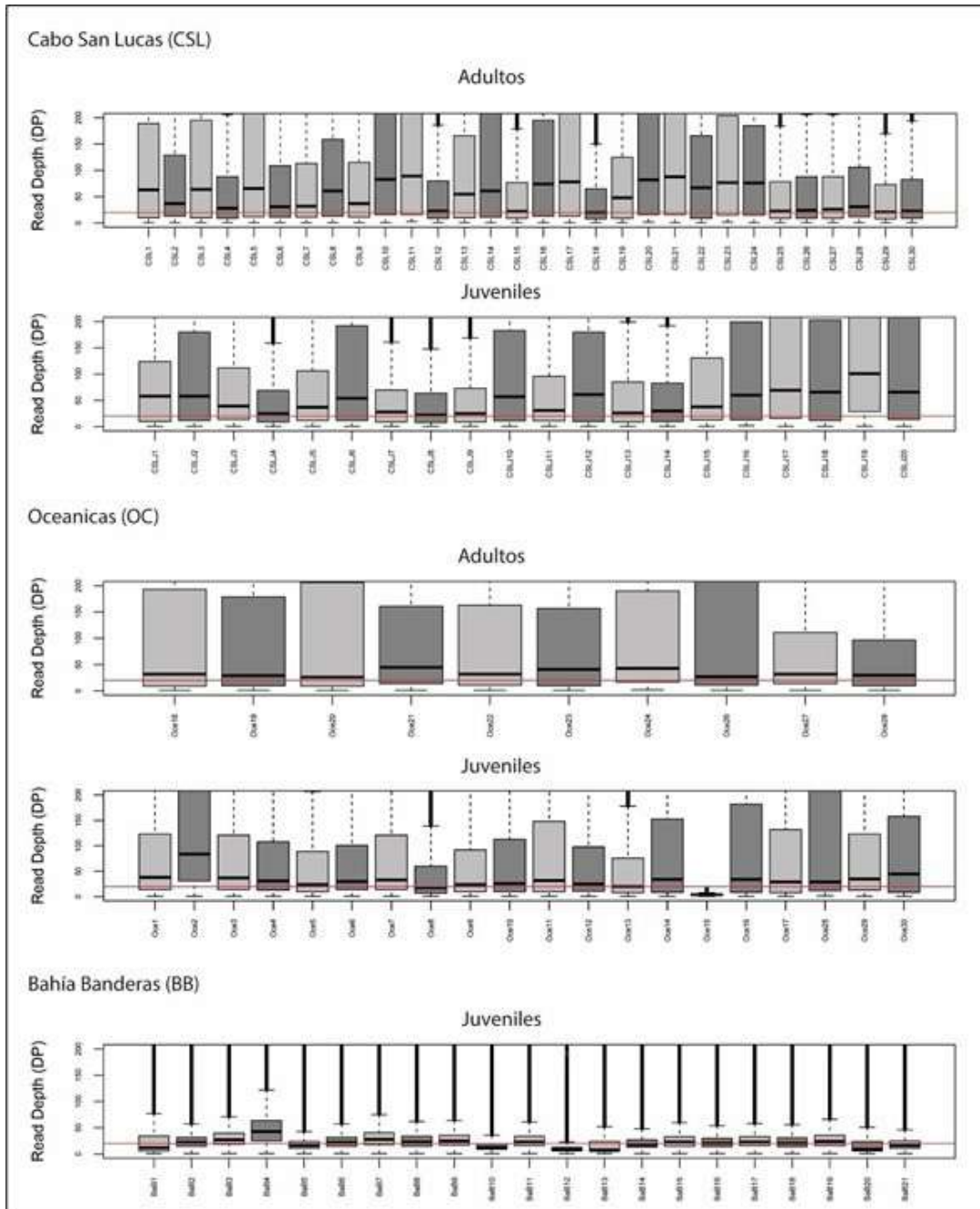




Figura 1. Cobertura de cada individuo secuenciado, la línea roja indica el valor óptimo de 20X.

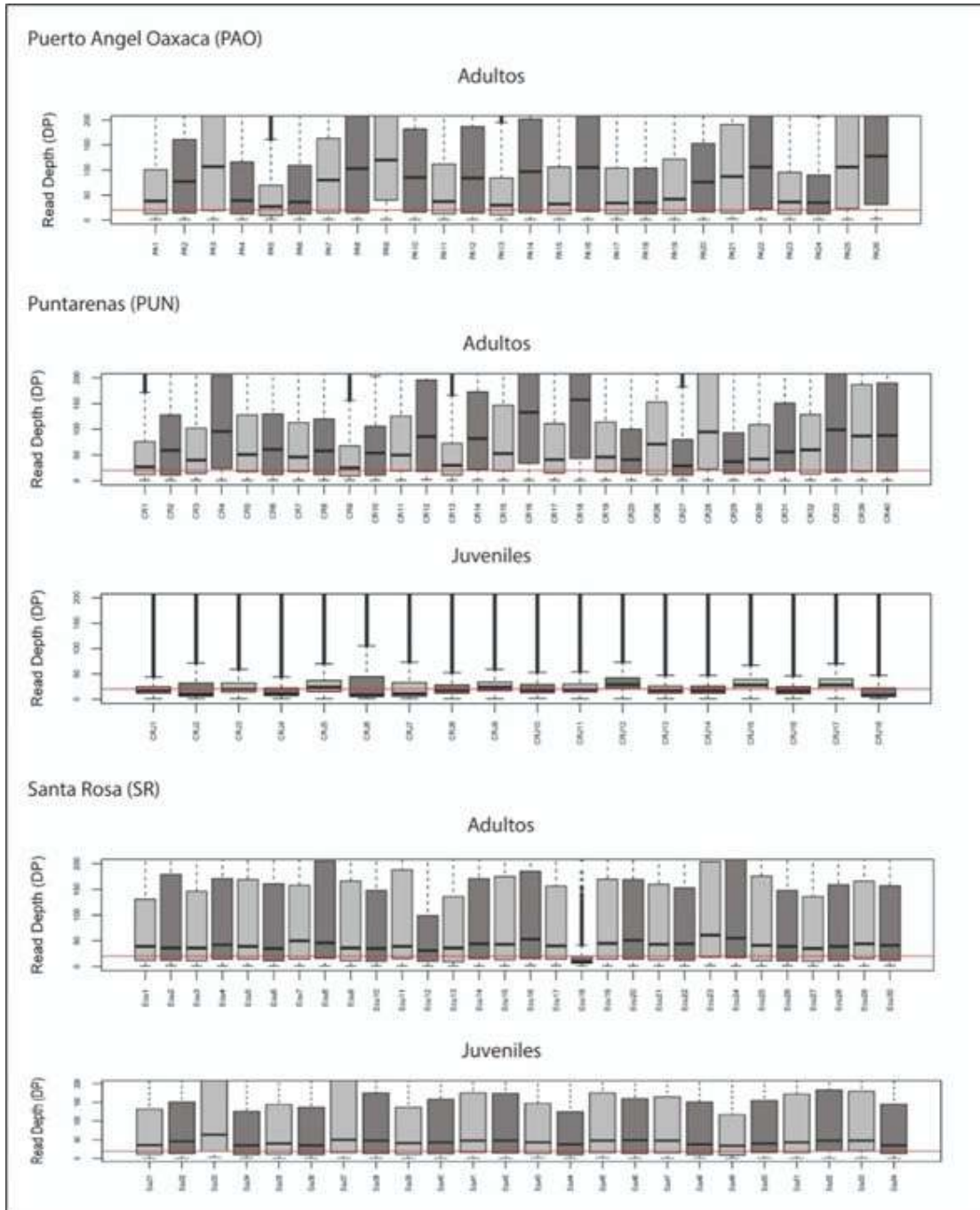
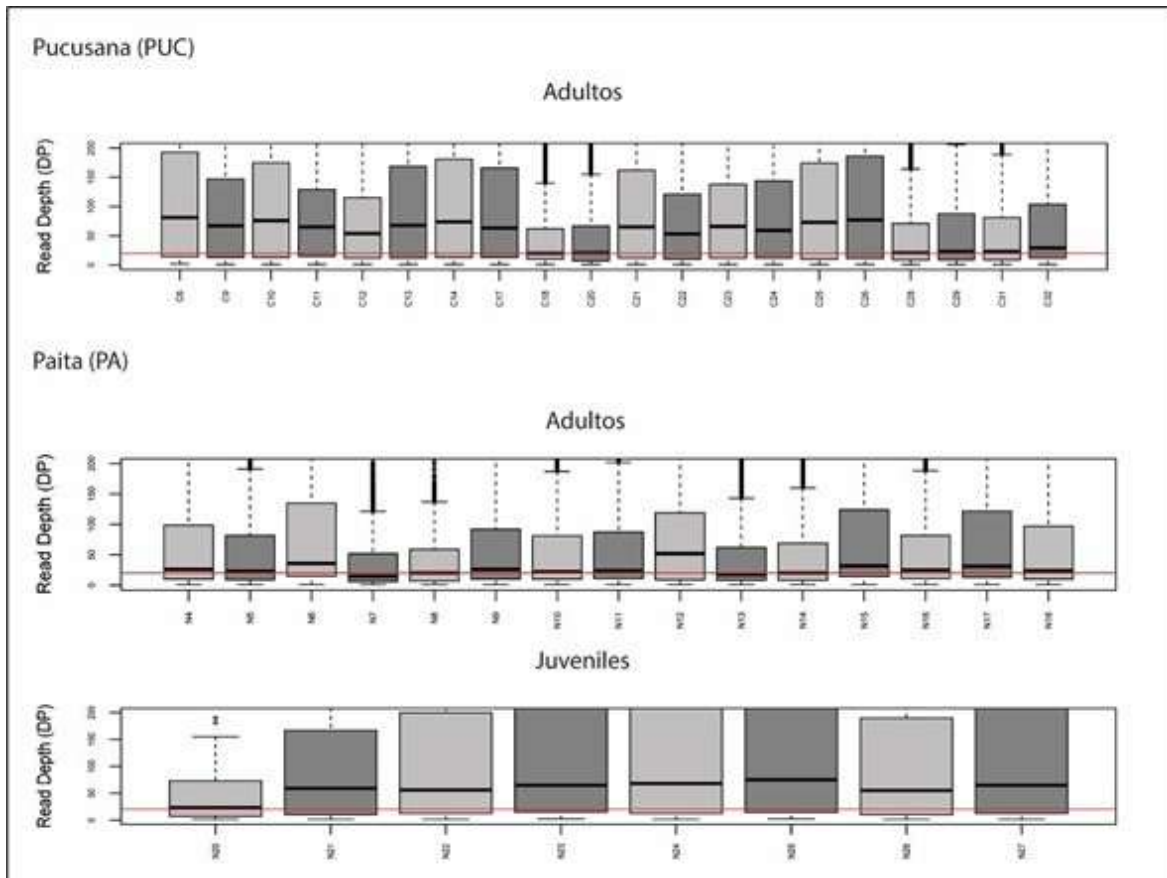




Figura 1. Cobertura de cada individuo secuenciado, la línea roja indica el valor óptimo de 20X.





ANEXO IV

Tabla 1. Locus polimórficos obtenidos después de evaluar m2 y m3 y variando de 1 a 10 el valor de M, en negritas se resaltan la mayor cantidad de locus polimórficos, r80, representa la regla de mantener los locus que se recuperen en el 80% de los individuos de una población.

| | M = 2 | M = 3 | M = 4 | M = 5 | M = 6 | M = 7 | M = 8 | M = 9 | M = 10 |
|--------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos | Locus polimórficos |
| m2_r80 | 20500 | 20354 | 20239 | 20093 | 19949 | 19799 | 19609 | 19359 | 19179 |
| | Locus polimórficos | Locus polimórficas | Locus polimórficos | Locus polimórficas | Locus polimórficos | Locus polimórficas | Locus polimórficas | Locus polimórficos | Locus polimórficos |
| m3_r80 | 21025 | 20875 | 20659 | 20340 | 20220 | 19757 | 19742 | 19041 | 18738 |

Tabla 2. Valores de locus totales y polimórficos obtenidos variando el valor de n, en negritas se resaltan los valores que fueron seleccionados.

| M2-m3 | | | | | | | | | | | |
|--------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|
| | n = 0 | n = 1 | n = 2 | n = 3 | n = 4 | n = 5 | n = 6 | n = 7 | n = 8 | n = 9 | n = 10 |
| Locus | 22305 | 26333 | 27613 | 28398 | 28794 | 28926 | 29009 | 29027 | 29050 | 29021 | 29033 |
| Locus polimórficos | 21025 | 25101 | 26370 | 27111 | 27485 | 27616 | 27686 | 27722 | 27745 | 27693 | 27724 |
| Número de SNPs | 181283 | 246581 | 268416 | 278626 | 282033 | 284200 | 285047 | 285271 | 285743 | 285795 | 285809 |

| M2-m2 | | | | | | | | | | | |
|--------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|
| | n = 0 | n = 1 | n = 2 | n = 3 | n = 4 | n = 5 | n = 6 | n = 7 | n = 8 | n = 9 | n = 10 |
| Locus | 21755 | 26042 | 27408 | 28015 | 28422 | 28470 | 28570 | 28571 | 28554 | 28604 | 28539 |
| Locus polimórficos | 20500 | 24933 | 26292 | 26849 | 27258 | 27313 | 27403 | 27410 | 27387 | 27442 | 27356 |
| Número de SNPs | 172142 | 245847 | 270957 | 279950 | 284257 | 286299 | 287777 | 288208 | 288131 | 288721 | 287958 |



ANEXO V

Análisis de varianza molecular (AMOVA) incluyendo 1) todos los individuos de *Coryphaena hippurus* (270 individuos) utilizando un filtro de missing data de 50% y eliminando alelos con frecuencias menores a 0.05. 2) separando los individuos de *C. hippurus* por sexo filtrando un SNP por locus al azar. Además, se presentan los valores pareados de F_{ST} y DAPC.

1) Utilizando un filtro de missing data de 50% y eliminando alelos con frecuencias menores a 0.05

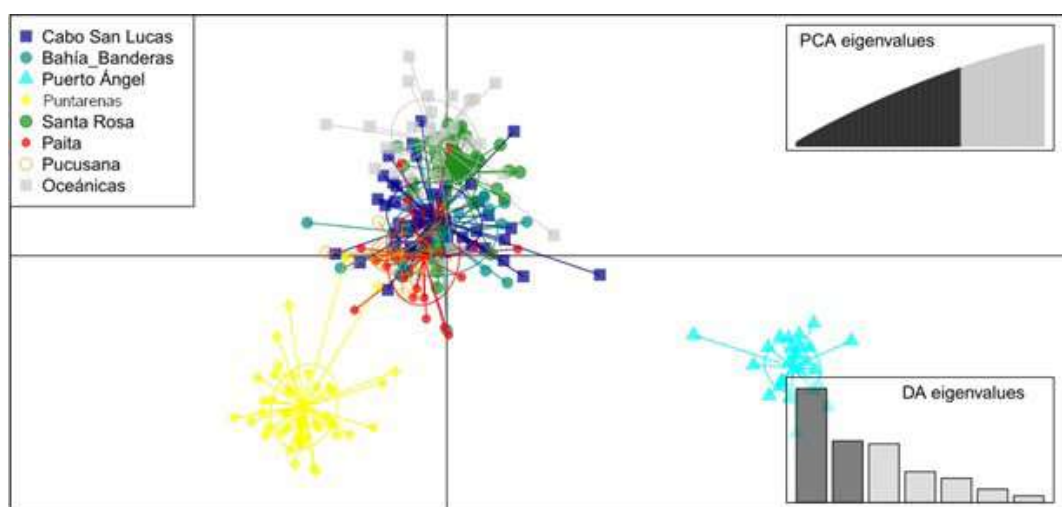


Figura 1A. Análisis de DAPC incluyendo los 270 individuos secuenciados de *Coryphaena hippurus* aplicando un filtro de 50% de missing data y descartando los alelos con frecuencias alélicas menores a 0.05%.

Tabla 1A. Análisis de varianza molecular (AMOVA) incluyendo los 270 individuos secuenciados de *Coryphaena hippurus* aplicando un filtro de 50% de missing data y descartando los alelos con frecuencias alélicas menores a 0.05%.

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|--------------------|------------|
| Entre grupos | 0.02676 | $F_{CT} = 0.00027$ | 0.01851 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | 0.26462 | $F_{SC} = 0.00265$ | 0.00000 |
| Dentro de poblaciones | 99.70862 | $F_{ST} = 0.00291$ | 0.00000 |

Hipótesis de agrupación: Grupo 1: Oceánicas; Grupo 2: Cabo San Lucas; Grupo 3: Paita y Pucusana; Grupo 4: Santa Rosa, Puntarenas, Puerto Ángel, y Bahía Banderas.



Tabla 2A. Valores pareados de FST entre localidades de 270 individuos secuenciados de *Coryphaena hippurus* aplicando un filtro de 50% de missing data y descartando los alelos con frecuencias alélicas menores a 0.05%

| | CSL | OC | PA | PUC | SR | PUN | PAO | BB |
|-----|--------|---------|---------|---------|--------|--------|--------|----|
| CSL | 0 | | | | | | | |
| OC | -0.017 | 0 | | | | | | |
| PA | -0.142 | -0.154 | 0 | | | | | |
| PUC | -0.089 | -0.095 | -0.121 | 0 | | | | |
| SR | -0.011 | -0.020 | -0.147 | -0.086 | 0 | | | |
| PUN | -0.022 | -0.0312 | -0.164 | -0.1020 | -0.020 | 0 | | |
| PAO | -0.025 | -0.0351 | -0.1571 | -0.106 | -0.026 | -0.039 | 0 | |
| BB | -0.041 | -0.053 | -0.200 | -0.123 | -0.035 | -0.047 | -0.060 | 0 |

Ninguna comparación resultó $p < 0.05$

2) Separando los individuos de *C. hippurus* por sexo filtrando un SNP por locus al azar

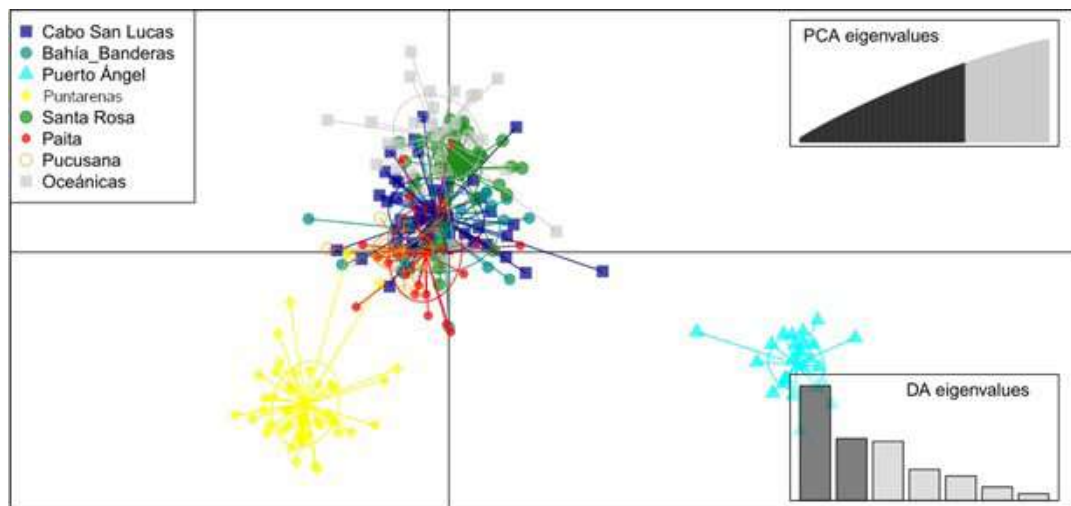


Figura 2A. Análisis de DAPC incluyendo individuos macho de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar.



Tabla 3A. Análisis de varianza molecular (AMOVA) incluyendo individuos macho de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar.

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|-------------------|------------|
| Entre grupos | 0.03535 | FCT = 0.00035 | 0.40 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | 0.29617 | FSC = 0.00296 | 0.51 |
| Dentro de poblaciones | 99.66849 | FST = 0.00332 | 0.50 |

Hipótesis de agrupación: Grupo 1: Oceánicas; Grupo 2: Cabo San Lucas; Grupo 3: Bahía Banderas; Puerto Ángel; Puntarenas; y Santa Rosa; Grupo 4: Paita y Pucusana.

Tabla 4A. Valores pareados de FST entre localidades, incluyendo individuos macho de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar.

| | CSL | OC | PA | PUC | SR | PUN | PAO | BB |
|-----|---------|---------|--------|---------|--------|---------|--------|----|
| CSL | 0 | | | | | | | |
| OC | -0.0127 | 0 | | | | | | |
| PA | -0.149 | -0.169 | 0 | | | | | |
| PUC | -0.101 | -0.1135 | -0.092 | 0 | | | | |
| SR | -0.009 | -0.0174 | -0.151 | -0.110 | 0 | | | |
| PUN | -0.027 | -0.035 | -0.164 | -0.1263 | -0.036 | 0 | | |
| PAO | -0.019 | -0.034 | -0.178 | -0.1124 | -0.021 | -0.045 | 0 | |
| BB | -0.065 | -0.083 | -0.193 | -0.140 | -0.065 | -0.1025 | -0.079 | 0 |

Ninguna comparación resultó $p < 0.05$

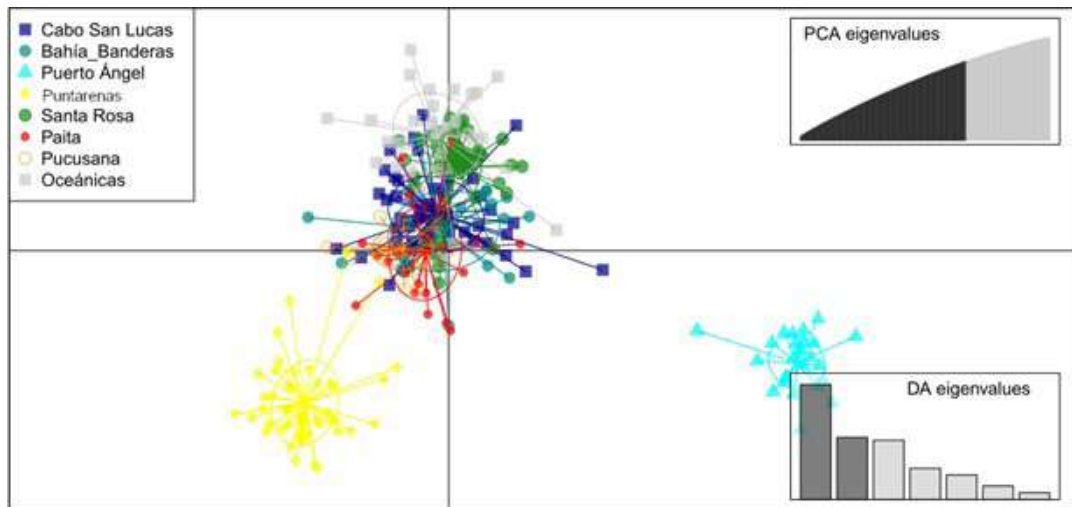


Figura 3A. Análisis de DAPC incluyendo a individuos hembras de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar.

Tabla 5A. Análisis de varianza molecular (AMOVA) incluyendo individuos hembras de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar.

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|--------------------|------------|
| Entre grupos | 0.12030 | $F_{CT} = 0.0012$ | 0.02 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | 0.28959 | $F_{SC} = 0.00290$ | 0.03 |
| Dentro de poblaciones | 99.59011 | $F_{ST} = 0.00410$ | 0.00 |

Hipótesis de agrupación: Grupo 1: Oceánicas; Grupo 2: Cabo San Lucas; Grupo 3: Bahía Banderas; Puerto Ángel; Puntarenas; y Santa Rosa; Grupo 4: Paita y Pucusana.



Tabla 6A. Valores pareados de FST entre localidades incluyendo individuos hembras de *Coryphaena hippurus* filtrando un SNP por locus al azar.

| | CSL | OC | PA | PUC | SR | PUN | PAO | BB |
|-----|---------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|----|
| CSL | 0 | | | | | | | |
| OC | -0.0123 | 0 | | | | | | |
| PA | -0.1012 | -0.092 | 0 | | | | | |
| PUC | -0.051 | -0.042 | -0.075 | 0 | | | | |
| SR | -0.0122 | -0.009 | -0.092 | -0.050 | 0 | | | |
| PUN | -0.021 | -0.025 | -0.121 | -0.064 | -0.021 | 0 | | |
| PAO | -0.016 | -0.022 | -0.100 | -0.053 | -0.020 | -0.033 | 0 | |
| BB | -0.050 | -0.059 | -0.145 | -0.100 | -0.046 | -0.045 | -0.065 | 0 |

Ninguna comparación resultó $p < 0.05$



ANEXO VI

Figura 1A. Gráficas de distancias de mahalanobis, a) outliers detectados para los individuos adultos, b) outliers detectados para los individuos juveniles.

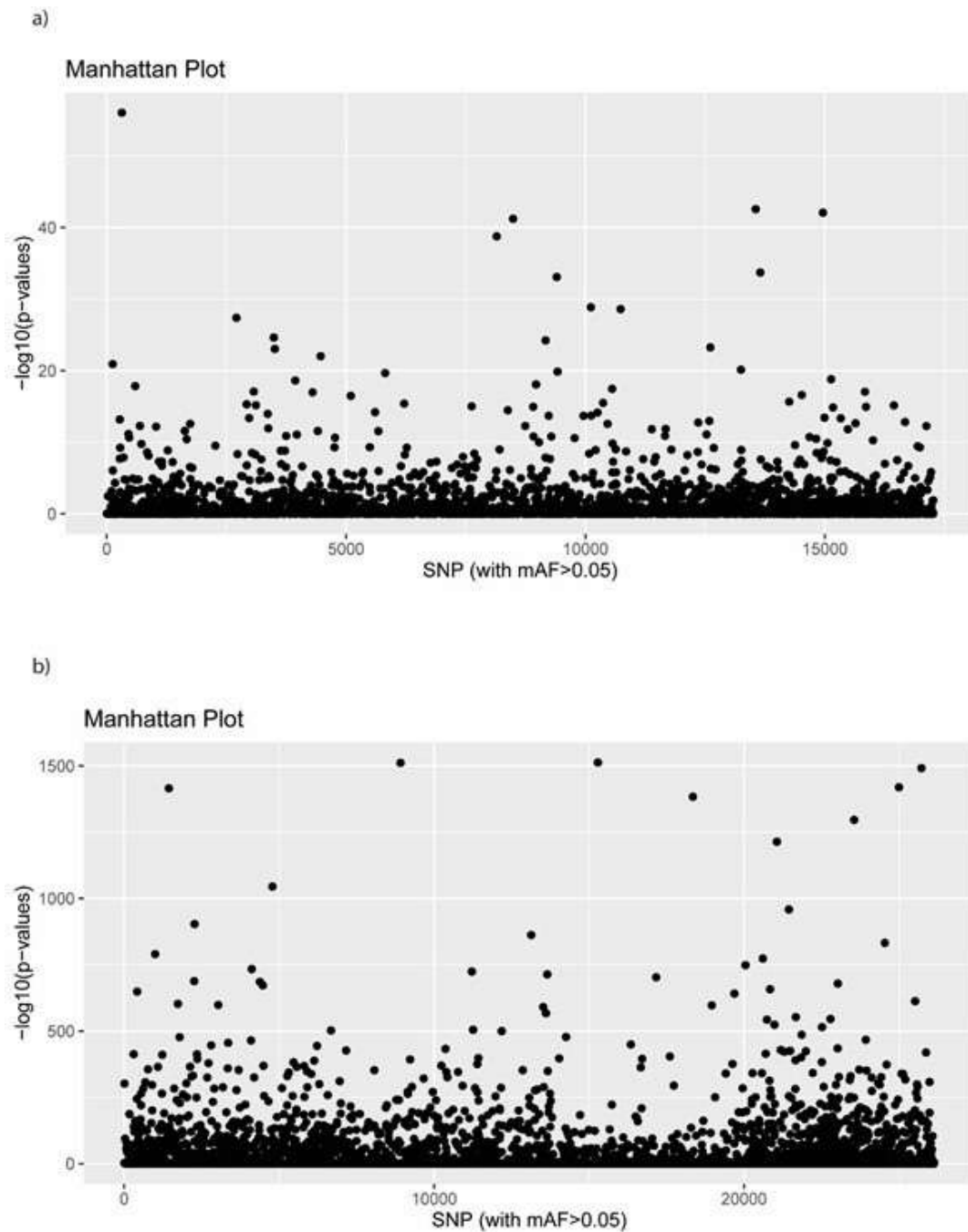




Tabla 1A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos adultos

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 1 | 126 | 35 | 1744 | 69 | 3887 | 103 | 6762 | 137 | 9030 | 171 | 10929 | 205 | 13650 | 239 | 15119 |
| 2 | 128 | 36 | 1748 | 70 | 3940 | 104 | 6804 | 138 | 9084 | 172 | 11156 | 206 | 13661 | 240 | 15126 |
| 3 | 273 | 37 | 1786 | 71 | 3971 | 105 | 6880 | 139 | 9116 | 173 | 11206 | 207 | 13782 | 241 | 15131 |
| 4 | 274 | 38 | 2270 | 72 | 4083 | 106 | 6887 | 140 | 9165 | 174 | 11384 | 208 | 13819 | 242 | 15170 |
| 5 | 282 | 39 | 2364 | 73 | 4300 | 107 | 7209 | 141 | 9167 | 175 | 11438 | 209 | 13848 | 243 | 15174 |
| 6 | 317 | 40 | 2711 | 74 | 4372 | 108 | 7319 | 142 | 9187 | 176 | 11465 | 210 | 13889 | 244 | 15244 |
| 7 | 353 | 41 | 2734 | 75 | 4410 | 109 | 7388 | 143 | 9232 | 177 | 11466 | 211 | 13922 | 245 | 15317 |
| 8 | 373 | 42 | 2810 | 76 | 4412 | 110 | 7441 | 144 | 9260 | 178 | 11573 | 212 | 14009 | 246 | 15332 |
| 9 | 409 | 43 | 2840 | 77 | 4470 | 111 | 7474 | 145 | 9286 | 179 | 11662 | 213 | 14012 | 247 | 15423 |
| 10 | 455 | 44 | 2924 | 78 | 4696 | 112 | 7523 | 146 | 9399 | 180 | 11675 | 214 | 14023 | 248 | 15480 |
| 11 | 469 | 45 | 2926 | 79 | 4739 | 113 | 7548 | 147 | 9417 | 181 | 11793 | 215 | 14046 | 249 | 15520 |
| 12 | 544 | 46 | 2976 | 80 | 4757 | 114 | 7623 | 148 | 9737 | 182 | 11915 | 216 | 14215 | 250 | 15640 |
| 13 | 590 | 47 | 2985 | 81 | 4769 | 115 | 7636 | 149 | 9772 | 183 | 12074 | 217 | 14255 | 251 | 15657 |
| 14 | 597 | 48 | 3033 | 82 | 5022 | 116 | 7649 | 150 | 9794 | 184 | 12128 | 218 | 14256 | 252 | 15755 |
| 15 | 665 | 49 | 3071 | 83 | 5099 | 117 | 7679 | 151 | 9960 | 185 | 12345 | 219 | 14260 | 253 | 15837 |
| 16 | 694 | 50 | 3105 | 84 | 5156 | 118 | 7688 | 152 | 9983 | 186 | 12354 | 220 | 14377 | 254 | 15859 |
| 17 | 725 | 51 | 3116 | 85 | 5336 | 119 | 7704 | 153 | 10077 | 187 | 12425 | 221 | 14432 | 255 | 16005 |
| 18 | 844 | 52 | 3188 | 86 | 5357 | 120 | 7737 | 154 | 10113 | 188 | 12426 | 222 | 14480 | 256 | 16019 |
| 19 | 874 | 53 | 3221 | 87 | 5495 | 121 | 8129 | 155 | 10120 | 189 | 12530 | 223 | 14518 | 257 | 16068 |
| 20 | 960 | 54 | 3229 | 88 | 5606 | 122 | 8137 | 156 | 10140 | 190 | 12586 | 224 | 14567 | 258 | 16253 |
| 21 | 1033 | 55 | 3342 | 89 | 5674 | 123 | 8146 | 157 | 10155 | 191 | 12607 | 225 | 14649 | 259 | 16442 |
| 22 | 1093 | 56 | 3364 | 90 | 5680 | 124 | 8206 | 158 | 10212 | 192 | 12620 | 226 | 14680 | 260 | 16512 |
| 23 | 1151 | 57 | 3376 | 91 | 5816 | 125 | 8378 | 159 | 10252 | 193 | 12680 | 227 | 14684 | 261 | 16575 |
| 24 | 1152 | 58 | 3386 | 92 | 6112 | 126 | 8423 | 160 | 10368 | 194 | 12719 | 228 | 14819 | 262 | 16650 |
| 25 | 1277 | 59 | 3412 | 93 | 6145 | 127 | 8487 | 161 | 10461 | 195 | 13125 | 229 | 14828 | 263 | 16674 |
| 26 | 1378 | 60 | 3490 | 94 | 6213 | 128 | 8650 | 162 | 10557 | 196 | 13184 | 230 | 14857 | 264 | 16741 |
| 27 | 1397 | 61 | 3512 | 95 | 6227 | 129 | 8742 | 163 | 10561 | 197 | 13187 | 231 | 14930 | 265 | 16883 |
| 28 | 1439 | 62 | 3636 | 96 | 6268 | 130 | 8863 | 164 | 10565 | 198 | 13189 | 232 | 14940 | 266 | 16938 |
| 29 | 1478 | 63 | 3645 | 97 | 6337 | 131 | 8867 | 165 | 10577 | 199 | 13248 | 233 | 14945 | 267 | 16983 |
| 30 | 1505 | 64 | 3672 | 98 | 6434 | 132 | 8907 | 166 | 10632 | 200 | 13253 | 234 | 14959 | 268 | 17121 |
| 31 | 1535 | 65 | 3721 | 99 | 6468 | 133 | 8914 | 167 | 10639 | 201 | 13256 | 235 | 14974 | 269 | 17159 |
| 32 | 1632 | 66 | 3745 | 100 | 6532 | 134 | 8915 | 168 | 10734 | 202 | 13267 | 236 | 14992 | 270 | 17195 |
| 33 | 1671 | 67 | 3749 | 101 | 6612 | 135 | 8967 | 169 | 10847 | 203 | 13283 | 237 | 15055 | 271 | 17216 |
| 34 | 1740 | 68 | 3857 | 102 | 6734 | 136 | 9027 | 170 | 10900 | 204 | 13555 | 238 | 15115 | | |



Tabla 2A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos juveniles

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 1 | 11 | 213 | 2862 | 425 | 6074 | 637 | 9749 | 849 | 13518 | 1061 | 19521 | 1273 | 21905 | 1485 | 23928 |
| 2 | 30 | 214 | 2876 | 426 | 6086 | 638 | 9758 | 850 | 13533 | 1062 | 19613 | 1274 | 21911 | 1486 | 23933 |
| 3 | 68 | 215 | 2894 | 427 | 6094 | 639 | 9761 | 851 | 13537 | 1063 | 19625 | 1275 | 21919 | 1487 | 23952 |
| 4 | 70 | 216 | 2902 | 428 | 6109 | 640 | 9766 | 852 | 13554 | 1064 | 19632 | 1276 | 21920 | 1488 | 23954 |
| 5 | 93 | 217 | 2906 | 429 | 6112 | 641 | 9781 | 853 | 13570 | 1065 | 19671 | 1277 | 21922 | 1489 | 23962 |
| 6 | 103 | 218 | 2924 | 430 | 6116 | 642 | 9800 | 854 | 13581 | 1066 | 19685 | 1278 | 21924 | 1490 | 23966 |
| 7 | 125 | 219 | 2926 | 431 | 6122 | 643 | 9853 | 855 | 13607 | 1067 | 19688 | 1279 | 21937 | 1491 | 23974 |
| 8 | 134 | 220 | 2932 | 432 | 6130 | 644 | 9867 | 856 | 13609 | 1068 | 19725 | 1280 | 21947 | 1492 | 23986 |
| 9 | 169 | 221 | 2946 | 433 | 6148 | 645 | 9879 | 857 | 13611 | 1069 | 19727 | 1281 | 21951 | 1493 | 23995 |
| 10 | 170 | 222 | 2986 | 434 | 6155 | 646 | 9891 | 858 | 13623 | 1070 | 19753 | 1282 | 21962 | 1494 | 24004 |
| 11 | 173 | 223 | 2998 | 435 | 6159 | 647 | 9933 | 859 | 13627 | 1071 | 19759 | 1283 | 21972 | 1495 | 24009 |
| 12 | 193 | 224 | 3000 | 436 | 6171 | 648 | 9948 | 860 | 13638 | 1072 | 19762 | 1284 | 21980 | 1496 | 24014 |
| 13 | 196 | 225 | 3029 | 437 | 6175 | 649 | 9958 | 861 | 13648 | 1073 | 19773 | 1285 | 21989 | 1497 | 24017 |
| 14 | 206 | 226 | 3035 | 438 | 6186 | 650 | 9963 | 862 | 13650 | 1074 | 19779 | 1286 | 21992 | 1498 | 24068 |
| 15 | 219 | 227 | 3072 | 439 | 6221 | 651 | 9993 | 863 | 13655 | 1075 | 19789 | 1287 | 22005 | 1499 | 24080 |
| 16 | 224 | 228 | 3086 | 440 | 6222 | 652 | 10032 | 864 | 13667 | 1076 | 19802 | 1288 | 22009 | 1500 | 24084 |
| 17 | 272 | 229 | 3116 | 441 | 6233 | 653 | 10053 | 865 | 13696 | 1077 | 19804 | 1289 | 22032 | 1501 | 24102 |
| 18 | 276 | 230 | 3173 | 442 | 6238 | 654 | 10054 | 866 | 13704 | 1078 | 19825 | 1290 | 22033 | 1502 | 24106 |
| 19 | 307 | 231 | 3186 | 443 | 6254 | 655 | 10061 | 867 | 13722 | 1079 | 19893 | 1291 | 22041 | 1503 | 24118 |
| 20 | 313 | 232 | 3195 | 444 | 6255 | 656 | 10069 | 868 | 13728 | 1080 | 19943 | 1292 | 22065 | 1504 | 24119 |
| 21 | 323 | 233 | 3234 | 445 | 6258 | 657 | 10087 | 869 | 13739 | 1081 | 19951 | 1293 | 22074 | 1505 | 24122 |
| 22 | 326 | 234 | 3239 | 446 | 6264 | 658 | 10088 | 870 | 13744 | 1082 | 19954 | 1294 | 22091 | 1506 | 24125 |
| 23 | 335 | 235 | 3246 | 447 | 6272 | 659 | 10092 | 871 | 13764 | 1083 | 19992 | 1295 | 22108 | 1507 | 24161 |
| 24 | 357 | 236 | 3257 | 448 | 6273 | 660 | 10104 | 872 | 13807 | 1084 | 19999 | 1296 | 22125 | 1508 | 24195 |
| 25 | 380 | 237 | 3284 | 449 | 6274 | 661 | 10115 | 873 | 13838 | 1085 | 20005 | 1297 | 22137 | 1509 | 24197 |
| 26 | 386 | 238 | 3293 | 450 | 6295 | 662 | 10131 | 874 | 13919 | 1086 | 20031 | 1298 | 22138 | 1510 | 24256 |
| 27 | 409 | 239 | 3296 | 451 | 6303 | 663 | 10175 | 875 | 13987 | 1087 | 20042 | 1299 | 22154 | 1511 | 24258 |
| 28 | 420 | 240 | 3299 | 452 | 6338 | 664 | 10194 | 876 | 14036 | 1088 | 20046 | 1300 | 22194 | 1512 | 24269 |
| 29 | 435 | 241 | 3303 | 453 | 6344 | 665 | 10234 | 877 | 14070 | 1089 | 20058 | 1301 | 22207 | 1513 | 24280 |
| 30 | 437 | 242 | 3307 | 454 | 6345 | 666 | 10260 | 878 | 14143 | 1090 | 20074 | 1302 | 22214 | 1514 | 24299 |
| 31 | 438 | 243 | 3325 | 455 | 6366 | 667 | 10285 | 879 | 14186 | 1091 | 20075 | 1303 | 22227 | 1515 | 24302 |
| 32 | 439 | 244 | 3328 | 456 | 6377 | 668 | 10306 | 880 | 14193 | 1092 | 20101 | 1304 | 22236 | 1516 | 24317 |
| 33 | 458 | 245 | 3342 | 457 | 6405 | 669 | 10308 | 881 | 14240 | 1093 | 20118 | 1305 | 22240 | 1517 | 24321 |
| 34 | 476 | 246 | 3343 | 458 | 6407 | 670 | 10319 | 882 | 14256 | 1094 | 20148 | 1306 | 22263 | 1518 | 24323 |
| 35 | 477 | 247 | 3355 | 459 | 6418 | 671 | 10325 | 883 | 14259 | 1095 | 20152 | 1307 | 22270 | 1519 | 24325 |
| 36 | 483 | 248 | 3373 | 460 | 6433 | 672 | 10336 | 884 | 14264 | 1096 | 20154 | 1308 | 22279 | 1520 | 24351 |
| 37 | 488 | 249 | 3405 | 461 | 6437 | 673 | 10368 | 885 | 14265 | 1097 | 20179 | 1309 | 22281 | 1521 | 24360 |
| 38 | 489 | 250 | 3431 | 462 | 6439 | 674 | 10383 | 886 | 14297 | 1098 | 20205 | 1310 | 22313 | 1522 | 24375 |
| 39 | 528 | 251 | 3447 | 463 | 6446 | 675 | 10388 | 887 | 14341 | 1099 | 20210 | 1311 | 22328 | 1523 | 24380 |
| 40 | 533 | 252 | 3453 | 464 | 6463 | 676 | 10396 | 888 | 14361 | 1100 | 20222 | 1312 | 22332 | 1524 | 24386 |



Tabla 2A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos juveniles

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 41 | 534 | 253 | 3462 | 465 | 6465 | 677 | 10402 | 889 | 14392 | 1101 | 20237 | 1313 | 22335 | 1525 | 24422 |
| 42 | 539 | 254 | 3465 | 466 | 6467 | 678 | 10409 | 890 | 14393 | 1102 | 20239 | 1314 | 22337 | 1526 | 24425 |
| 43 | 542 | 255 | 3480 | 467 | 6472 | 679 | 10428 | 891 | 14411 | 1103 | 20242 | 1315 | 22338 | 1527 | 24433 |
| 44 | 545 | 256 | 3490 | 468 | 6473 | 680 | 10464 | 892 | 14454 | 1104 | 20249 | 1316 | 22342 | 1528 | 24440 |
| 45 | 547 | 257 | 3523 | 469 | 6491 | 681 | 10569 | 893 | 14500 | 1105 | 20251 | 1317 | 22360 | 1529 | 24441 |
| 46 | 553 | 258 | 3535 | 470 | 6493 | 682 | 10607 | 894 | 14505 | 1106 | 20269 | 1318 | 22368 | 1530 | 24446 |
| 47 | 554 | 259 | 3541 | 471 | 6501 | 683 | 10612 | 895 | 14508 | 1107 | 20272 | 1319 | 22377 | 1531 | 24467 |
| 48 | 561 | 260 | 3572 | 472 | 6533 | 684 | 10633 | 896 | 14529 | 1108 | 20282 | 1320 | 22392 | 1532 | 24478 |
| 49 | 570 | 261 | 3577 | 473 | 6552 | 685 | 10640 | 897 | 14547 | 1109 | 20284 | 1321 | 22432 | 1533 | 24480 |
| 50 | 582 | 262 | 3603 | 474 | 6559 | 686 | 10646 | 898 | 14661 | 1110 | 20288 | 1322 | 22438 | 1534 | 24494 |
| 51 | 585 | 263 | 3622 | 475 | 6567 | 687 | 10687 | 899 | 14708 | 1111 | 20292 | 1323 | 22444 | 1535 | 24502 |
| 52 | 606 | 264 | 3626 | 476 | 6569 | 688 | 10731 | 900 | 14709 | 1112 | 20302 | 1324 | 22446 | 1536 | 24510 |
| 53 | 615 | 265 | 3627 | 477 | 6591 | 689 | 10758 | 901 | 14735 | 1113 | 20311 | 1325 | 22448 | 1537 | 24521 |
| 54 | 617 | 266 | 3628 | 478 | 6592 | 690 | 10772 | 902 | 14764 | 1114 | 20318 | 1326 | 22454 | 1538 | 24523 |
| 55 | 618 | 267 | 3636 | 479 | 6627 | 691 | 10781 | 903 | 14770 | 1115 | 20352 | 1327 | 22459 | 1539 | 24541 |
| 56 | 622 | 268 | 3648 | 480 | 6646 | 692 | 10798 | 904 | 14846 | 1116 | 20354 | 1328 | 22462 | 1540 | 24571 |
| 57 | 632 | 269 | 3661 | 481 | 6667 | 693 | 10853 | 905 | 14871 | 1117 | 20358 | 1329 | 22463 | 1541 | 24578 |
| 58 | 658 | 270 | 3665 | 482 | 6675 | 694 | 10894 | 906 | 14883 | 1118 | 20367 | 1330 | 22467 | 1542 | 24592 |
| 59 | 664 | 271 | 3689 | 483 | 6678 | 695 | 10903 | 907 | 14964 | 1119 | 20372 | 1331 | 22470 | 1543 | 24599 |
| 60 | 681 | 272 | 3695 | 484 | 6702 | 696 | 10909 | 908 | 14979 | 1120 | 20410 | 1332 | 22476 | 1544 | 24609 |
| 61 | 722 | 273 | 3707 | 485 | 6704 | 697 | 10913 | 909 | 14988 | 1121 | 20423 | 1333 | 22486 | 1545 | 24612 |
| 62 | 736 | 274 | 3731 | 486 | 6711 | 698 | 10919 | 910 | 15032 | 1122 | 20430 | 1334 | 22492 | 1546 | 24616 |
| 63 | 748 | 275 | 3760 | 487 | 6728 | 699 | 10958 | 911 | 15063 | 1123 | 20453 | 1335 | 22495 | 1547 | 24641 |
| 64 | 749 | 276 | 3766 | 488 | 6811 | 700 | 10988 | 912 | 15095 | 1124 | 20464 | 1336 | 22510 | 1548 | 24642 |
| 65 | 756 | 277 | 3769 | 489 | 6815 | 701 | 10994 | 913 | 15142 | 1125 | 20471 | 1337 | 22514 | 1549 | 24646 |
| 66 | 764 | 278 | 3788 | 490 | 6830 | 702 | 10997 | 914 | 15183 | 1126 | 20480 | 1338 | 22515 | 1550 | 24654 |
| 67 | 766 | 279 | 3798 | 491 | 6862 | 703 | 11001 | 915 | 15213 | 1127 | 20482 | 1339 | 22544 | 1551 | 24656 |
| 68 | 768 | 280 | 3809 | 492 | 6867 | 704 | 11059 | 916 | 15245 | 1128 | 20485 | 1340 | 22546 | 1552 | 24662 |
| 69 | 769 | 281 | 3824 | 493 | 6954 | 705 | 11062 | 917 | 15284 | 1129 | 20492 | 1341 | 22556 | 1553 | 24675 |
| 70 | 778 | 282 | 3827 | 494 | 6957 | 706 | 11097 | 918 | 15377 | 1130 | 20493 | 1342 | 22557 | 1554 | 24698 |
| 71 | 779 | 283 | 3838 | 495 | 6973 | 707 | 11118 | 919 | 15476 | 1131 | 20500 | 1343 | 22562 | 1555 | 24700 |
| 72 | 823 | 284 | 3854 | 496 | 6986 | 708 | 11132 | 920 | 15493 | 1132 | 20501 | 1344 | 22568 | 1556 | 24712 |
| 73 | 845 | 285 | 3862 | 497 | 6991 | 709 | 11140 | 921 | 15533 | 1133 | 20505 | 1345 | 22571 | 1557 | 24718 |
| 74 | 875 | 286 | 3885 | 498 | 6992 | 710 | 11174 | 922 | 15552 | 1134 | 20518 | 1346 | 22586 | 1558 | 24726 |
| 75 | 899 | 287 | 3891 | 499 | 7009 | 711 | 11217 | 923 | 15559 | 1135 | 20520 | 1347 | 22593 | 1559 | 24735 |
| 76 | 904 | 288 | 3895 | 500 | 7038 | 712 | 11220 | 924 | 15590 | 1136 | 20526 | 1348 | 22603 | 1560 | 24742 |
| 77 | 906 | 289 | 3908 | 501 | 7058 | 713 | 11257 | 925 | 15664 | 1137 | 20539 | 1349 | 22617 | 1561 | 24761 |
| 78 | 911 | 290 | 3914 | 502 | 7065 | 714 | 11262 | 926 | 15679 | 1138 | 20562 | 1350 | 22621 | 1562 | 24792 |
| 79 | 922 | 291 | 3918 | 503 | 7079 | 715 | 11275 | 927 | 15694 | 1139 | 20575 | 1351 | 22626 | 1563 | 24803 |
| 80 | 956 | 292 | 3929 | 504 | 7096 | 716 | 11322 | 928 | 15724 | 1140 | 20580 | 1352 | 22639 | 1564 | 24819 |



Tabla 2A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos juveniles

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 81 | 958 | 293 | 3937 | 505 | 7118 | 717 | 11323 | 929 | 15728 | 1141 | 20583 | 1353 | 22647 | 1565 | 24836 |
| 82 | 979 | 294 | 3940 | 506 | 7124 | 718 | 11327 | 930 | 15733 | 1142 | 20589 | 1354 | 22667 | 1566 | 24845 |
| 83 | 985 | 295 | 3965 | 507 | 7127 | 719 | 11356 | 931 | 15791 | 1143 | 20604 | 1355 | 22676 | 1567 | 24855 |
| 84 | 992 | 296 | 3971 | 508 | 7161 | 720 | 11363 | 932 | 15805 | 1144 | 20608 | 1356 | 22680 | 1568 | 24856 |
| 85 | 1000 | 297 | 4040 | 509 | 7202 | 721 | 11369 | 933 | 15824 | 1145 | 20610 | 1357 | 22685 | 1569 | 24870 |
| 86 | 1022 | 298 | 4053 | 510 | 7225 | 722 | 11395 | 934 | 15827 | 1146 | 20613 | 1358 | 22693 | 1570 | 24874 |
| 87 | 1077 | 299 | 4065 | 511 | 7250 | 723 | 11398 | 935 | 15865 | 1147 | 20614 | 1359 | 22699 | 1571 | 24877 |
| 88 | 1082 | 300 | 4093 | 512 | 7261 | 724 | 11401 | 936 | 15902 | 1148 | 20615 | 1360 | 22708 | 1572 | 24878 |
| 89 | 1088 | 301 | 4115 | 513 | 7263 | 725 | 11407 | 937 | 16022 | 1149 | 20626 | 1361 | 22715 | 1573 | 24879 |
| 90 | 1108 | 302 | 4121 | 514 | 7266 | 726 | 11419 | 938 | 16038 | 1150 | 20634 | 1362 | 22748 | 1574 | 24885 |
| 91 | 1112 | 303 | 4175 | 515 | 7294 | 727 | 11422 | 939 | 16042 | 1151 | 20653 | 1363 | 22764 | 1575 | 24903 |
| 92 | 1125 | 304 | 4182 | 516 | 7304 | 728 | 11427 | 940 | 16058 | 1152 | 20665 | 1364 | 22767 | 1576 | 24915 |
| 93 | 1129 | 305 | 4185 | 517 | 7325 | 729 | 11436 | 941 | 16096 | 1153 | 20682 | 1365 | 22783 | 1577 | 24929 |
| 94 | 1130 | 306 | 4186 | 518 | 7342 | 730 | 11446 | 942 | 16100 | 1154 | 20683 | 1366 | 22786 | 1578 | 24964 |
| 95 | 1136 | 307 | 4193 | 519 | 7353 | 731 | 11473 | 943 | 16108 | 1155 | 20692 | 1367 | 22789 | 1579 | 24967 |
| 96 | 1142 | 308 | 4203 | 520 | 7390 | 732 | 11476 | 944 | 16138 | 1156 | 20694 | 1368 | 22799 | 1580 | 24981 |
| 97 | 1148 | 309 | 4249 | 521 | 7412 | 733 | 11530 | 945 | 16231 | 1157 | 20698 | 1369 | 22800 | 1581 | 24984 |
| 98 | 1160 | 310 | 4264 | 522 | 7434 | 734 | 11534 | 946 | 16245 | 1158 | 20701 | 1370 | 22806 | 1582 | 24993 |
| 99 | 1204 | 311 | 4275 | 523 | 7472 | 735 | 11541 | 947 | 16251 | 1159 | 20702 | 1371 | 22810 | 1583 | 24995 |
| 100 | 1219 | 312 | 4304 | 524 | 7492 | 736 | 11549 | 948 | 16272 | 1160 | 20712 | 1372 | 22814 | 1584 | 24997 |
| 101 | 1229 | 313 | 4339 | 525 | 7495 | 737 | 11561 | 949 | 16312 | 1161 | 20714 | 1373 | 22819 | 1585 | 25012 |
| 102 | 1261 | 314 | 4353 | 526 | 7511 | 738 | 11563 | 950 | 16347 | 1162 | 20738 | 1374 | 22821 | 1586 | 25025 |
| 103 | 1275 | 315 | 4357 | 527 | 7537 | 739 | 11569 | 951 | 16393 | 1163 | 20741 | 1375 | 22829 | 1587 | 25032 |
| 104 | 1289 | 316 | 4379 | 528 | 7557 | 740 | 11581 | 952 | 16444 | 1164 | 20754 | 1376 | 22831 | 1588 | 25065 |
| 105 | 1291 | 317 | 4420 | 529 | 7602 | 741 | 11595 | 953 | 16500 | 1165 | 20759 | 1377 | 22836 | 1589 | 25073 |
| 106 | 1294 | 318 | 4425 | 530 | 7628 | 742 | 11632 | 954 | 16508 | 1166 | 20774 | 1378 | 22837 | 1590 | 25080 |
| 107 | 1298 | 319 | 4459 | 531 | 7661 | 743 | 11642 | 955 | 16532 | 1167 | 20783 | 1379 | 22844 | 1591 | 25100 |
| 108 | 1343 | 320 | 4472 | 532 | 7671 | 744 | 11659 | 956 | 16541 | 1168 | 20789 | 1380 | 22857 | 1592 | 25101 |
| 109 | 1345 | 321 | 4474 | 533 | 7673 | 745 | 11665 | 957 | 16549 | 1169 | 20795 | 1381 | 22864 | 1593 | 25106 |
| 110 | 1354 | 322 | 4491 | 534 | 7709 | 746 | 11718 | 958 | 16551 | 1170 | 20813 | 1382 | 22875 | 1594 | 25112 |
| 111 | 1361 | 323 | 4494 | 535 | 7731 | 747 | 11729 | 959 | 16569 | 1171 | 20819 | 1383 | 22876 | 1595 | 25118 |
| 112 | 1367 | 324 | 4508 | 536 | 7775 | 748 | 11730 | 960 | 16572 | 1172 | 20830 | 1384 | 22880 | 1596 | 25126 |
| 113 | 1380 | 325 | 4514 | 537 | 7790 | 749 | 11742 | 961 | 16585 | 1173 | 20839 | 1385 | 22892 | 1597 | 25131 |
| 114 | 1382 | 326 | 4518 | 538 | 7839 | 750 | 11757 | 962 | 16608 | 1174 | 20842 | 1386 | 22895 | 1598 | 25166 |
| 115 | 1396 | 327 | 4571 | 539 | 7847 | 751 | 11784 | 963 | 16627 | 1175 | 20844 | 1387 | 22914 | 1599 | 25202 |
| 116 | 1418 | 328 | 4578 | 540 | 7885 | 752 | 11788 | 964 | 16667 | 1176 | 20851 | 1388 | 22920 | 1600 | 25224 |
| 117 | 1442 | 329 | 4635 | 541 | 7941 | 753 | 11805 | 965 | 16668 | 1177 | 20867 | 1389 | 22923 | 1601 | 25226 |
| 118 | 1466 | 330 | 4644 | 542 | 7965 | 754 | 11811 | 966 | 16692 | 1178 | 20868 | 1390 | 22930 | 1602 | 25229 |
| 119 | 1524 | 331 | 4645 | 543 | 7976 | 755 | 11821 | 967 | 16705 | 1179 | 20869 | 1391 | 22938 | 1603 | 25253 |
| 120 | 1529 | 332 | 4657 | 544 | 7997 | 756 | 11827 | 968 | 16712 | 1180 | 20870 | 1392 | 22940 | 1604 | 25254 |



Tabla 2A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos juveniles

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 121 | 1530 | 333 | 4697 | 545 | 8048 | 757 | 11850 | 969 | 16735 | 1181 | 20877 | 1393 | 22943 | 1605 | 25258 |
| 122 | 1550 | 334 | 4710 | 546 | 8070 | 758 | 11854 | 970 | 16776 | 1182 | 20881 | 1394 | 22953 | 1606 | 25270 |
| 123 | 1570 | 335 | 4711 | 547 | 8074 | 759 | 11861 | 971 | 16777 | 1183 | 20894 | 1395 | 22965 | 1607 | 25284 |
| 124 | 1576 | 336 | 4730 | 548 | 8158 | 760 | 11878 | 972 | 16818 | 1184 | 20903 | 1396 | 22969 | 1608 | 25294 |
| 125 | 1581 | 337 | 4735 | 549 | 8165 | 761 | 11885 | 973 | 16849 | 1185 | 20907 | 1397 | 22979 | 1609 | 25337 |
| 126 | 1596 | 338 | 4756 | 550 | 8192 | 762 | 11901 | 974 | 16921 | 1186 | 20926 | 1398 | 22988 | 1610 | 25338 |
| 127 | 1614 | 339 | 4780 | 551 | 8197 | 763 | 11962 | 975 | 16936 | 1187 | 20927 | 1399 | 22990 | 1611 | 25344 |
| 128 | 1627 | 340 | 4782 | 552 | 8202 | 764 | 11973 | 976 | 16949 | 1188 | 20934 | 1400 | 22991 | 1612 | 25366 |
| 129 | 1631 | 341 | 4795 | 553 | 8215 | 765 | 11977 | 977 | 17030 | 1189 | 20947 | 1401 | 22994 | 1613 | 25373 |
| 130 | 1633 | 342 | 4801 | 554 | 8223 | 766 | 11980 | 978 | 17037 | 1190 | 20958 | 1402 | 23001 | 1614 | 25374 |
| 131 | 1644 | 343 | 4823 | 555 | 8235 | 767 | 12001 | 979 | 17053 | 1191 | 20980 | 1403 | 23004 | 1615 | 25393 |
| 132 | 1651 | 344 | 4849 | 556 | 8246 | 768 | 12030 | 980 | 17066 | 1192 | 20981 | 1404 | 23009 | 1616 | 25402 |
| 133 | 1673 | 345 | 4854 | 557 | 8268 | 769 | 12090 | 981 | 17094 | 1193 | 20991 | 1405 | 23019 | 1617 | 25413 |
| 134 | 1679 | 346 | 4884 | 558 | 8287 | 770 | 12110 | 982 | 17161 | 1194 | 20994 | 1406 | 23024 | 1618 | 25418 |
| 135 | 1686 | 347 | 4889 | 559 | 8290 | 771 | 12113 | 983 | 17186 | 1195 | 21005 | 1407 | 23055 | 1619 | 25431 |
| 136 | 1694 | 348 | 4913 | 560 | 8365 | 772 | 12125 | 984 | 17259 | 1196 | 21058 | 1408 | 23058 | 1620 | 25439 |
| 137 | 1696 | 349 | 4926 | 561 | 8412 | 773 | 12126 | 985 | 17332 | 1197 | 21061 | 1409 | 23059 | 1621 | 25447 |
| 138 | 1701 | 350 | 4929 | 562 | 8415 | 774 | 12127 | 986 | 17335 | 1198 | 21070 | 1410 | 23086 | 1622 | 25457 |
| 139 | 1706 | 351 | 5033 | 563 | 8426 | 775 | 12157 | 987 | 17369 | 1199 | 21085 | 1411 | 23087 | 1623 | 25463 |
| 140 | 1734 | 352 | 5057 | 564 | 8440 | 776 | 12181 | 988 | 17411 | 1200 | 21122 | 1412 | 23096 | 1624 | 25470 |
| 141 | 1740 | 353 | 5069 | 565 | 8441 | 777 | 12183 | 989 | 17442 | 1201 | 21165 | 1413 | 23101 | 1625 | 25508 |
| 142 | 1747 | 354 | 5075 | 566 | 8450 | 778 | 12209 | 990 | 17472 | 1202 | 21170 | 1414 | 23106 | 1626 | 25514 |
| 143 | 1764 | 355 | 5091 | 567 | 8451 | 779 | 12300 | 991 | 17477 | 1203 | 21183 | 1415 | 23110 | 1627 | 25517 |
| 144 | 1775 | 356 | 5092 | 568 | 8459 | 780 | 12343 | 992 | 17524 | 1204 | 21202 | 1416 | 23111 | 1628 | 25520 |
| 145 | 1787 | 357 | 5108 | 569 | 8474 | 781 | 12351 | 993 | 17605 | 1205 | 21235 | 1417 | 23116 | 1629 | 25548 |
| 146 | 1789 | 358 | 5137 | 570 | 8494 | 782 | 12386 | 994 | 17655 | 1206 | 21238 | 1418 | 23131 | 1630 | 25556 |
| 147 | 1796 | 359 | 5149 | 571 | 8496 | 783 | 12392 | 995 | 17673 | 1207 | 21244 | 1419 | 23134 | 1631 | 25573 |
| 148 | 1816 | 360 | 5177 | 572 | 8533 | 784 | 12489 | 996 | 17677 | 1208 | 21248 | 1420 | 23148 | 1632 | 25576 |
| 149 | 1847 | 361 | 5180 | 573 | 8538 | 785 | 12510 | 997 | 17701 | 1209 | 21262 | 1421 | 23176 | 1633 | 25580 |
| 150 | 1866 | 362 | 5198 | 574 | 8545 | 786 | 12523 | 998 | 17703 | 1210 | 21268 | 1422 | 23206 | 1634 | 25594 |
| 151 | 1883 | 363 | 5222 | 575 | 8547 | 787 | 12543 | 999 | 17728 | 1211 | 21279 | 1423 | 23236 | 1635 | 25595 |
| 152 | 1889 | 364 | 5244 | 576 | 8575 | 788 | 12580 | 1000 | 17735 | 1212 | 21286 | 1424 | 23268 | 1636 | 25599 |
| 153 | 1896 | 365 | 5260 | 577 | 8595 | 789 | 12614 | 1001 | 17784 | 1213 | 21288 | 1425 | 23281 | 1637 | 25604 |
| 154 | 1905 | 366 | 5265 | 578 | 8600 | 790 | 12619 | 1002 | 17792 | 1214 | 21301 | 1426 | 23283 | 1638 | 25623 |
| 155 | 1918 | 367 | 5283 | 579 | 8630 | 791 | 12667 | 1003 | 17806 | 1215 | 21307 | 1427 | 23285 | 1639 | 25670 |
| 156 | 1936 | 368 | 5290 | 580 | 8637 | 792 | 12675 | 1004 | 17848 | 1216 | 21344 | 1428 | 23286 | 1640 | 25675 |
| 157 | 1963 | 369 | 5304 | 581 | 8663 | 793 | 12682 | 1005 | 17862 | 1217 | 21386 | 1429 | 23289 | 1641 | 25688 |
| 158 | 1971 | 370 | 5312 | 582 | 8687 | 794 | 12683 | 1006 | 17874 | 1218 | 21400 | 1430 | 23301 | 1642 | 25689 |
| 159 | 1976 | 371 | 5315 | 583 | 8691 | 795 | 12701 | 1007 | 17887 | 1219 | 21423 | 1431 | 23305 | 1643 | 25723 |
| 160 | 2008 | 372 | 5321 | 584 | 8736 | 796 | 12720 | 1008 | 17929 | 1220 | 21432 | 1432 | 23314 | 1644 | 25726 |



Tabla 2A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos juveniles

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 161 | 2022 | 373 | 5360 | 585 | 8746 | 797 | 12728 | 1009 | 17950 | 1221 | 21442 | 1433 | 23320 | 1645 | 25744 |
| 162 | 2023 | 374 | 5366 | 586 | 8767 | 798 | 12745 | 1010 | 17978 | 1222 | 21447 | 1434 | 23324 | 1646 | 25804 |
| 163 | 2030 | 375 | 5373 | 587 | 8783 | 799 | 12752 | 1011 | 17983 | 1223 | 21449 | 1435 | 23328 | 1647 | 25807 |
| 164 | 2035 | 376 | 5386 | 588 | 8788 | 800 | 12764 | 1012 | 17990 | 1224 | 21450 | 1436 | 23376 | 1648 | 25817 |
| 165 | 2048 | 377 | 5395 | 589 | 8801 | 801 | 12776 | 1013 | 18004 | 1225 | 21463 | 1437 | 23377 | 1649 | 25821 |
| 166 | 2049 | 378 | 5413 | 590 | 8846 | 802 | 12823 | 1014 | 18020 | 1226 | 21486 | 1438 | 23406 | 1650 | 25823 |
| 167 | 2077 | 379 | 5423 | 591 | 8852 | 803 | 12832 | 1015 | 18100 | 1227 | 21489 | 1439 | 23409 | 1651 | 25827 |
| 168 | 2081 | 380 | 5429 | 592 | 8866 | 804 | 12833 | 1016 | 18113 | 1228 | 21492 | 1440 | 23411 | 1652 | 25832 |
| 169 | 2086 | 381 | 5434 | 593 | 8887 | 805 | 12837 | 1017 | 18136 | 1229 | 21494 | 1441 | 23417 | 1653 | 25846 |
| 170 | 2109 | 382 | 5436 | 594 | 8903 | 806 | 12845 | 1018 | 18220 | 1230 | 21495 | 1442 | 23422 | 1654 | 25870 |
| 171 | 2128 | 383 | 5442 | 595 | 8916 | 807 | 12854 | 1019 | 18289 | 1231 | 21505 | 1443 | 23423 | 1655 | 25878 |
| 172 | 2136 | 384 | 5463 | 596 | 9005 | 808 | 12858 | 1020 | 18319 | 1232 | 21510 | 1444 | 23437 | 1656 | 25886 |
| 173 | 2160 | 385 | 5479 | 597 | 9053 | 809 | 12863 | 1021 | 18322 | 1233 | 21535 | 1445 | 23444 | 1657 | 25896 |
| 174 | 2176 | 386 | 5481 | 598 | 9055 | 810 | 12864 | 1022 | 18349 | 1234 | 21538 | 1446 | 23466 | 1658 | 25912 |
| 175 | 2194 | 387 | 5527 | 599 | 9060 | 811 | 12906 | 1023 | 18368 | 1235 | 21547 | 1447 | 23501 | 1659 | 25933 |
| 176 | 2222 | 388 | 5530 | 600 | 9079 | 812 | 12964 | 1024 | 18439 | 1236 | 21548 | 1448 | 23512 | 1660 | 25949 |
| 177 | 2225 | 389 | 5533 | 601 | 9121 | 813 | 13013 | 1025 | 18450 | 1237 | 21556 | 1449 | 23513 | 1661 | 25953 |
| 178 | 2258 | 390 | 5543 | 602 | 9143 | 814 | 13035 | 1026 | 18541 | 1238 | 21588 | 1450 | 23541 | 1662 | 25980 |
| 179 | 2261 | 391 | 5550 | 603 | 9148 | 815 | 13047 | 1027 | 18611 | 1239 | 21591 | 1451 | 23543 | 1663 | 25982 |
| 180 | 2262 | 392 | 5558 | 604 | 9154 | 816 | 13066 | 1028 | 18635 | 1240 | 21596 | 1452 | 23547 | 1664 | 25990 |
| 181 | 2267 | 393 | 5559 | 605 | 9156 | 817 | 13071 | 1029 | 18653 | 1241 | 21605 | 1453 | 23551 | 1665 | 25992 |
| 182 | 2272 | 394 | 5570 | 606 | 9161 | 818 | 13080 | 1030 | 18654 | 1242 | 21620 | 1454 | 23599 | 1666 | 26005 |
| 183 | 2304 | 395 | 5580 | 607 | 9206 | 819 | 13090 | 1031 | 18681 | 1243 | 21635 | 1455 | 23606 | 1667 | 26015 |
| 184 | 2334 | 396 | 5630 | 608 | 9215 | 820 | 13097 | 1032 | 18685 | 1244 | 21636 | 1456 | 23619 | 1668 | 26017 |
| 185 | 2346 | 397 | 5642 | 609 | 9223 | 821 | 13101 | 1033 | 18697 | 1245 | 21655 | 1457 | 23623 | 1669 | 26021 |
| 186 | 2349 | 398 | 5680 | 610 | 9230 | 822 | 13119 | 1034 | 18700 | 1246 | 21660 | 1458 | 23631 | 1670 | 26032 |
| 187 | 2350 | 399 | 5706 | 611 | 9284 | 823 | 13120 | 1035 | 18821 | 1247 | 21667 | 1459 | 23633 | 1671 | 26034 |
| 188 | 2361 | 400 | 5710 | 612 | 9290 | 824 | 13133 | 1036 | 18843 | 1248 | 21669 | 1460 | 23638 | 1672 | 26036 |
| 189 | 2377 | 401 | 5713 | 613 | 9352 | 825 | 13154 | 1037 | 18920 | 1249 | 21673 | 1461 | 23645 | 1673 | 26056 |
| 190 | 2409 | 402 | 5738 | 614 | 9354 | 826 | 13194 | 1038 | 18922 | 1250 | 21690 | 1462 | 23650 | 1674 | 26058 |
| 191 | 2434 | 403 | 5761 | 615 | 9364 | 827 | 13236 | 1039 | 18943 | 1251 | 21696 | 1463 | 23655 | 1675 | 26080 |
| 192 | 2441 | 404 | 5763 | 616 | 9378 | 828 | 13250 | 1040 | 18957 | 1252 | 21703 | 1464 | 23659 | | |
| 193 | 2451 | 405 | 5779 | 617 | 9385 | 829 | 13256 | 1041 | 19053 | 1253 | 21714 | 1465 | 23677 | | |
| 194 | 2461 | 406 | 5797 | 618 | 9386 | 830 | 13282 | 1042 | 19066 | 1254 | 21719 | 1466 | 23682 | | |
| 195 | 2482 | 407 | 5808 | 619 | 9389 | 831 | 13316 | 1043 | 19079 | 1255 | 21738 | 1467 | 23685 | | |
| 196 | 2497 | 408 | 5815 | 620 | 9406 | 832 | 13317 | 1044 | 19122 | 1256 | 21743 | 1468 | 23698 | | |
| 197 | 2510 | 409 | 5843 | 621 | 9502 | 833 | 13318 | 1045 | 19155 | 1257 | 21756 | 1469 | 23711 | | |
| 198 | 2531 | 410 | 5854 | 622 | 9512 | 834 | 13325 | 1046 | 19187 | 1258 | 21761 | 1470 | 23715 | | |
| 199 | 2554 | 411 | 5874 | 623 | 9544 | 835 | 13329 | 1047 | 19233 | 1259 | 21766 | 1471 | 23730 | | |
| 200 | 2567 | 412 | 5899 | 624 | 9556 | 836 | 13354 | 1048 | 19241 | 1260 | 21778 | 1472 | 23740 | | |
| 201 | 2570 | 413 | 5911 | 625 | 9583 | 837 | 13366 | 1049 | 19300 | 1261 | 21792 | 1473 | 23769 | | |



Tabla 2A. Número y posición de los SNP considerados como outliers de los individuos juveniles

| No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición | No. Outliers | Posición |
|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|--------------|----------|
| 202 | 2617 | 414 | 5920 | 626 | 9621 | 838 | 13382 | 1050 | 19307 | 1262 | 21793 | 1474 | 23792 | | |
| 203 | 2645 | 415 | 5921 | 627 | 9623 | 839 | 13386 | 1051 | 19331 | 1263 | 21804 | 1475 | 23824 | | |
| 204 | 2659 | 416 | 5926 | 628 | 9655 | 840 | 13391 | 1052 | 19352 | 1264 | 21818 | 1476 | 23828 | | |
| 205 | 2681 | 417 | 5951 | 629 | 9662 | 841 | 13397 | 1053 | 19355 | 1265 | 21822 | 1477 | 23836 | | |
| 206 | 2687 | 418 | 5976 | 630 | 9689 | 842 | 13402 | 1054 | 19365 | 1266 | 21824 | 1478 | 23862 | | |
| 207 | 2722 | 419 | 5977 | 631 | 9693 | 843 | 13428 | 1055 | 19411 | 1267 | 21829 | 1479 | 23866 | | |
| 208 | 2724 | 420 | 5993 | 632 | 9714 | 844 | 13447 | 1056 | 19418 | 1268 | 21831 | 1480 | 23869 | | |
| 209 | 2764 | 421 | 6036 | 633 | 9717 | 845 | 13473 | 1057 | 19420 | 1269 | 21844 | 1481 | 23872 | | |
| 210 | 2795 | 422 | 6038 | 634 | 9718 | 846 | 13489 | 1058 | 19448 | 1270 | 21857 | 1482 | 23898 | | |
| 211 | 2808 | 423 | 6065 | 635 | 9724 | 847 | 13494 | 1059 | 19478 | 1271 | 21871 | 1483 | 23915 | | |
| 212 | 2818 | 424 | 6070 | 636 | 9727 | 848 | 13508 | 1060 | 19487 | 1272 | 21892 | 1484 | 23926 | | |

Tabla 3A. Análisis de varianza molecular (AMOVA) con base en las variantes outliers, de la especie *Coryphaena hippurus* considerando cinco grupos, a) individuos adultos y b) Individuos juveniles.

a)

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|---------------------|------------|
| Entre grupos | 0.34504 | $F_{CT} = 0.00345$ | 0.45317 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | -0.20245 | $F_{SC} = -0.00203$ | 0.58188 |
| Dentro de poblaciones | 99.85742 | $F_{ST} = 0.00143$ | 0.33594 |

b)

| Fuente de variación | Porcentaje de variación | Estadísticos de F | Valor de P |
|------------------------------------|-------------------------|---------------------|------------|
| Entre grupos | 1.75686 | $F_{CT} = 0.01757$ | 0.22624 |
| Entre poblaciones dentro de grupos | -1.92293 | $F_{SC} = -0.01957$ | 0.61614 |
| Dentro de poblaciones | 100.16607 | $F_{ST} = -0.00166$ | 0.63525 |



**Caracterización genómica de las poblaciones del mahi-mahi
Coryphaena hippurus, en el Pacífico Oriental: sentando las bases
para el diseño de estrategias de administración**
