

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA**  
FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS  
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES OCEANOLÓGICAS



“EVIDENCIA GENÉTICA DE ESTABILIDAD EN LA ABUNDANCIA  
DE LA POBLACIÓN DE RORCUAL COMÚN DEL GOLFO DE  
CALIFORNIA, MÉXICO”

T E S I S

QUE PARA CUBRIR PARCIALMENTE LOS REQUISITOS NECESARIOS  
PARA OBTENER EL GRADO DE

**MAESTRA EN CIENCIAS EN ECOLOGÍA MOLECULAR y  
BIOTECNOLOGÍA**

PRESENTA

**ANA ITZEL MONTESINOS LAFFONT**

ENSENADA, BAJA CALIFORNIA, MEXICO.  
DICIEMBRE, 2016.

FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS  
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES OCEANOLÓGICAS  
POSGRADO EN ECOLOGÍA MOLECULAR y BIOTECNOLOGÍA

"EVIDENCIA GENÉTICA DE ESTABILIDAD EN LA ABUNDANCIA DE  
LA POBLACIÓN DE RORCUAL COMÚN DEL GOLFO DE  
CALIFORNIA, MÉXICO"

T E S I S

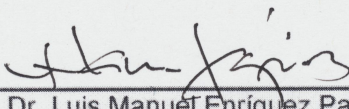
QUE PARA CUBRIR PARCIALMENTE LOS REQUISITOS NECESARIOS PARA  
OBTENER EL GRADO DE

MAESTRA EN CIENCIAS

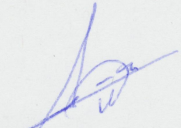
PRESENTA

ANA ITZEL MONTESINOS LAFFONT

Aprobada por:



Dr. Luis Manuel Enríquez Paredes  
Director de tesis

Dr. Armando Martín  
Jaramillo Legorreta  
Sinodal

Dra. María Chantal Diane  
Gendron Laniel  
Sinodal

## **AGRADECIMIENTOS**

Dicen que agradecer es un acto de humildad, por eso me doy a la tarea de reconocer a todas las personas que, directa o indirectamente, me ayudaron a llegar al final de esta etapa tanto en la parte profesional como personal.

Empezaré con aquellas que desde el inicio de este sueño me apoyaron: a mi mamá por su apoyo incondicional, su presencia y sus palabras de aliento (o de regaño) en tiempos de flaqueza pero también en aquellos de alegría. Sigo con mis hermanas del alma: Silvana y Vera, ustedes estuvieron conmigo desde el inicio y a lo largo de este camino, ya sea acompañándome a hacer trámites o en la aventura de conocer territorios desconocidos y lejanos. No saben lo mucho que le agradezco al destino haberlas conocido.

Otra persona fundamental durante toda esta etapa es mi director de tesis: el Dr. Luis Enríquez, él me ayudo a conocer más a fondo no solo el mundo de las ballenas sino también el de la genética y entender como estos dos mundos pueden fusionarse para comprender tantos aspectos de la naturaleza. Mi profunda admiración y respeto al trabajo que realiza, a él como persona y al profesionalista entregado y apasionado que todas las personas que tenemos la oportunidad de trabajar con él sabemos que es.

Por supuesto a mis compañeros de generación de la maestría, con quienes conviví intensamente y formé lazos no solo de amistad sino de familia adoptiva. Gracias chicas: Sue, Carmen y Nallely por compartir todos esos momentos de felicidad, de estrés y de tristeza. Saber que contaba con ustedes, me ayudó en muchos momentos. También a mi compañera, roomie, hermana de generación, de director de tesis, de sinodal y demás: Patricia, con quien crecí no solo en la parte académica sino personal. Te agradezco las horas de filosofía genética-

ballenas, las risas, los estreses, los viajes, las horas de estudio, los proyectos y todo lo demás que compartimos. Estoy segura de que hemos aprendido mucho una de la otra y que ahora, al final de esta etapa, somos personas distintas.

A mis sinodales, el Dr. Armando Jaramillo y la Dra. Diane Gendron, de quienes aprendí otras cuestiones básicas e importantes para el desarrollo y finalización de la tesis. Por parte del Dr. Armando, sus conocimientos sobre estadística fueron parte importantísima para los resultados, pero sobre todo para entender lo que dicen los números; le agradezco su paciencia y su interés por formar parte de este proyecto. A la Dra. Diane le agradezco su apoyo con las biopsias que nos proporcionó y sobre todo su conocimiento sobre las ballenas en el campo, esto ayudó a enriquecer partes de la discusión y de las conclusiones que se obtuvieron en este trabajo.

A la Universidad Autónoma de Baja California por tener este programa de posgrado, donde encontré lo que realmente estaba buscando, específicamente a la Facultad de Ciencias Marinas y al Instituto de Investigaciones Oceanológicas. En este ambiente, me dirijo a todas las personas con las que en algún momento coincidí en el Laboratorio de Ecología Molecular: gracias; sepan que fue muy enriquecedor convivir no solo con personas extraordinarias sino con profesionistas que trabajan en distintas áreas, con distintos bichos y de los cuales se aprenden muchas cosas.

Una parte muy importante fue la beca N° 330616 que obtuve para poder desarrollar esta tesis y la cual me fue proporcionada por CONACyT, sin este apoyo no hubiera podido concentrar el 100% de mis esfuerzos y tiempo para desarrollar este proyecto.



A mi familia quienes siempre estuvieron al pendiente de como iba, como estaba y demás menesteres que implica el estar fuera de casa en un lugar lejano al usual.

Finalmente agradezco a todas las personas que conocí en este encantador lugar, para bien o para mal, me ayudaron a crecer principalmente como persona. Algunas de ellas iniciaron el camino y continuaron conmigo hasta ahora, otras iniciaron y después se quedaron, a otras las encontré durante el camino y otras aparecieron por un instante. Aún así por breve o duradera que haya sido el encuentro que tuve con ustedes, agradezco al destino haber coincidido. Yo pienso que a cada una la conocí en el momento exacto para que me dejará algún aprendizaje y así continuar mi camino.

Por supuesto que la historia no termina aquí, falta mucho que recorrer y mucho por aprender así que esta historia continuará...

## ÍNDICE

|                                                                      |       |
|----------------------------------------------------------------------|-------|
| AGRADECIMIENTOS                                                      | III   |
| PREFACIO                                                             | X     |
| RESUMEN                                                              | XV    |
| ABSTRACT                                                             | XVI   |
| <br>I. INTRODUCCIÓN                                                  | <br>1 |
| II. MATERIALES Y MÉTODOS                                             |       |
| a) Muestreo                                                          | 5     |
| b) Extracción de ADN                                                 | 5     |
| c) Genotipado con microsatélites                                     | 6     |
| d) Análisis de datos                                                 |       |
| • Estimación de tamaño censal                                        | 7     |
| • Estimación de tamaño efectivo contemporáneo                        | 8     |
| III. RESULTADOS                                                      |       |
| a) Poder informativo de los microsatélites y genotipado              | 9     |
| b) Estimaciones del tamaño censal por MCR                            | 11    |
| c) Estimación de tamaño efectivo y su extrapolación al tamaño censal | 13    |
| d) Proporción $N_e/N_c$                                              | 14    |
| IV. DISCUSIÓN                                                        |       |
| 1. Estimación tamaño censal                                          | 15    |
| 2. Estimación tamaño efectivo y extrapolación a tamaño censal        | 18    |
| 2.1. Proporción $N_e/N_c$                                            | 19    |
| 3. Aspectos Metodológicos                                            | 20    |
| 3.1. Tamaño muestral                                                 | 20    |
| 3.2. Supuestos modelo captura-recaptura                              | 21    |
| 3.3. Parámetros demográficos para extrapolación                      | 23    |
| 4. Tendencia demográfica                                             | 23    |
| V. REFERENCIAS                                                       | 26    |
| SUMARIO Y RECOMENDACIONES FINALES                                    | 41    |

## LISTA DE TABLAS

|                                                                                                                                                                             |    |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>Tabla I.</b> Microsatélites utilizados para el genotipo de los rorcuales comunes del Golfo de California.                                                                | 10 |
| <b>Tabla II.</b> Resumen de las recapturas entre los distintos años de evaluación para las muestras de rorcual común del Golfo de California identificadas por el genotipo. | 11 |
| <b>Tabla III.</b> Estimaciones del tamaño censal de la población de rorcual común del Golfo de California con base en el modelo MCR de Chapman (CH) y Jolly-Seber (JS).     | 12 |

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Localización de los avistamientos donde se recolectaron las muestras para cada periodo de estudio. 6
- Figura 2.** Comparación de las distribuciones de frecuencia realizadas por bootstrap de MCR con la agrupación elegida (P2008/2008-2010/2012) y por extrapolación de Ne por simulaciones Montecarlo. 14
- Figura 3.** Línea del tiempo con las distintas estimaciones de tamaño poblacional para la ballena de aleta del Golfo de California. 16

## LISTA DE ANEXOS

|                                                                                                                                                                                        |    |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>Anexo 1.</b> Número total de muestras genotipadas, ubicación y año de captura de la población de rorcual común del Golfo de California.                                             | 36 |
| <b>Anexo 2.</b> Condiciones de amplificación para los microsatélites utilizados para el genotipado de muestras de rorcual común del Golfo de California.                               | 37 |
| <b>Anexo 3.</b> Descripción de los perfiles de amplificación utilizados para los microsatélites empleados para el genotipado de las muestras de rorcual común del Golfo de California. | 38 |
| <b>Anexo 4.</b> Factores de conversión utilizados para extrapolar el tamaño efectivo al censal.                                                                                        | 39 |

## PREFACIO

Los últimos años han representado un gran reto para la conservación de los ecosistemas a nivel global, en los que las alteraciones del hábitat asociadas a actividades antropogénicas y la sobreexplotación de los recursos naturales representan algunas de las amenazas más grandes. El Golfo de California es una zona rica en biodiversidad donde se encuentran, entre muchas otras, 35 especies de mamíferos marinos, de las cuales resaltan la vaquita marina y el rorcual común; la primera por ser una especie endémica de esta zona y el cetáceo que actualmente presenta mayor riesgo de extinción, mientras que la segunda por su carácter residente y su aislamiento genético.

El rorcual común o ballena de aleta, *Balaenoptera physalus*, es una especie cosmopolita y la mayoría de sus poblaciones realizan migraciones estacionales. Sin embargo, se tiene el conocimiento de dos poblaciones residentes, una en el mar Mediterráneo y otra en el Golfo de California.

Las investigaciones realizadas hasta el momento indican que la población de rorcual común del Golfo de California, es una población relativamente pequeña y residente, genéticamente aislada de la población del Pacífico Nororiental y con bajos niveles de variabilidad genética. Pese a que esta población ha sido ampliamente estudiada durante los últimos 20 años, existen



aún algunas incógnitas sobre su dinámica, siendo la más importante de ellas, en términos de conservación, su tendencia demográfica.

Esta tesis se desprende de las discrepancias que presentan las distintas estimaciones que se han realizado a lo largo de las últimas tres décadas, la mayoría de las cuales se han realizado con base en la foto-identificación y el uso de modelos de captura-recaptura. Particularmente en esta especie, este tipo de aproximación puede presentar fallos en la identificación de individuos a través de los años; la especie no tiene patrones de pigmentación tan característicos como los de otras especies de mysticetos (p.e. ballena jorobada, ballena azul). En este sentido, surge el interés por evaluar si un método de identificación genética, basada en marcadores microsatélites, arrojaría resultados distintos a los que se han obtenido mediante el registro de fotoidentificados al reducir de manera importante el error al asignar las recapturas; el ADN de un individuo, a diferencia de sus características morfológicas, es único y mucho más estable.

Paralelamente, los niveles de diversidad de esos marcadores genéticos (microsatélites), pueden emplearse para estimar parámetros demográficos tales como el tamaño efectivo poblacional. Este tamaño efectivo es reflejo de la tendencia demográfica de una población y permite hacer inferencias sobre el estado actual de conservación de las especies en cuestión.

El carácter residente de los rorcuales comunes en el Golfo de California, permitiría, a través del seguimiento continuo de sus niveles de abundancia y cambios en su diversidad genética, detectar alteraciones en el nicho en el que se desarrolla dentro del ecosistema y funcionar como una especie “sombrilla”. Esto es, que los esfuerzos por preservar su población, seguramente impactarían también a otras especies que comparten el hábitat con los rorcuales comunes.

Al contar con una estimación confiable del tamaño de esta población y de la proporción de individuos que aportan sus variantes genéticas para conformar las siguientes generaciones, se podrá comprender de forma más completa su dinámica y evaluar su potencial evolutivo. De esta forma, se podrán establecer los esfuerzos de conservación a corto y largo plazo para esta especie en el Golfo de California, aportando a la vez una evaluación indirecta sobre el estado de salud del ecosistema.

Este trabajo de tesis surge como una colaboración entre el Laboratorio de Ecología Molecular de la Universidad Autónoma de Baja California y el Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas, en el área de Manejo y Conservación de Mamíferos Marinos, ante la aparente disminución en la abundancia de la especie en los últimos censos aéreos realizados en la zona. La idea fundamental del estudio es obtener, a través de diferentes aproximaciones basadas en datos moleculares, una estimación del tamaño actual de la

población de rorcual común en el Golfo de California, misma que al contrastarse con estimaciones previas, permitiera conocer la tendencia demográfica y contar con mayor certidumbre sobre el estado actual de conservación de esta población. Es por ello que, con el fin de que la información generada del trabajo de tesis pueda impactar al corto plazo en las estrategias de conservación de la especie, se ha preparado un escrito en formato de artículo científico, siguiendo las especificaciones de la revista *Conservation Genetics*, en donde se pretende someter a revisión para su publicación.

*“ Los genes, como los diamantes, son para siempre, pero no de la misma manera. Un cristal de diamante dura como un patrón de átomos inalterado. Las moléculas de ADN no tienen ese tipo de permanencia. La vida física de una molécula de ADN es bastante corta, tal vez una cuestión de meses, ciertamente no más de una vida. Pero teóricamente una molécula de ADN podría vivir, en forma de copias de sí misma, durante cien millones de años.”*

**Richard Dawkins**

## RESUMEN

La abundancia absoluta o tamaño censal ( $N_c$ ) es un parámetro clave en los estudios ecológicos y evolutivos concernientes a la viabilidad de una población, particularmente para entender como la fecundidad, la elección de pareja y la supervivencia van a influir en el número de adultos reproductivamente activos o tamaño efectivo ( $N_e$ ). El  $N_c$  de una población puede ser estimado por conteo directo de individuos o por modelos de marca-captura-recaptura. Por otra parte, la información sobre las tablas de vidas regularmente es limitada y la aproximación más comúnmente empleada para estimar  $N_e$  es por datos genéticos. Actualmente, la extensa gama de marcadores genéticos y la diversidad de herramientas analíticas permiten estimar ambos parámetros con datos genéticos. La razón  $N_e/N_c$  resulta importante para el seguimiento de la dinámica poblacional, esta puede estimarse con mayor precisión en especies con baja fecundidad, baja varianza en el éxito reproductivo, poblaciones no estructuradas y de tamaño relativamente estable. Es así que la población de ballena de aleta del Golfo de California representa un modelo adecuado para estimar estos parámetros. Esta población ha sido ampliamente estudiada y se considera pequeña, residente, genéticamente aislada y demográficamente estable. El genotipo multilocus (27 microsatélites) de 129 muestras obtenidas entre 1996 y 2012 permitió la identificación individual de 98 ballenas de aleta y de 11 recapturas entre años. Se estimó  $N_c$  mediante el método de captura-recaptura genética para poblaciones cerradas de Chapman en 321 individuos (I.C.<sub>95%</sub> 203-640), mientras que con el modelo de poblaciones abiertas de Jolly-Seber se estimaron 572 individuos (I.C.<sub>94.2%</sub> 106-2,388). El tamaño efectivo fue estimado en 204 (I.C.<sub>95%</sub> 155-288) mediante un modelo de desequilibrio de ligamiento. La razón  $N_e/N_c$  calculada con base en estos resultados es de 0.63. Los resultados obtenidos son congruentes con estimaciones previas del tamaño de la población y apoyan la idea de que la población es demográficamente estable.

**Palabras clave:** *Balaenoptera physalus*, marcaje-recaptura genético, tamaño efectivo poblacional, tamaño censal de la población.

## ABSTRACT

Absolute abundance or census size ( $N_c$ ) is a key parameter in ecological and evolutionary studies concerning to population viability, particularly to understand the relationship between the number of reproductively active adults or effective size ( $N_e$ ) and factors like fecundity, mate choice and survival. Although  $N_c$  could be directly approached by counting individuals from a population, demographic data to build up life tables is often limited, so the most common way to estimate  $N_e$  is through genetic data. Currently, there is an extensive range and diversity of genetic markers and analytical tools to estimate both parameters from genetic data. Since  $N_e/N_c$  ratio is more predictable for species with low fecundity and low variance in reproductive success, as well as in non-structured and closed populations, the Gulf of California fin whale population represents a suitable model to estimate these parameters. This well-studied population is known to be a small, resident and genetically isolated, but there are some concerns on its demographic trend. Multilocus genotyping (27 microsatellites) from 129 samples obtained between 1996 and 2012 allowed the identification at 98 individual fin whales and 11 inter-annual recaptures. Genetic capture-mark-recapture estimate of  $N_c$  through Chapman's closed population model resulted in 321 individuals (C.I.<sub>95%</sub> 203-640); while Jolly-Seber's model for open populations estimated 572 individuals (C.I.<sub>94.2%</sub> 106-2,388). Finally, the linkage disequilibrium approach used to estimate effective population size brings about 204 individuals (C.I.<sub>95%</sub> 155-288). Effective-to-census ratio calculated from above numbers was 0.63. These results are congruent with previous figures of the Gulf of California fin whale population size, thus supporting demographic stability scenario.

**Key words:** *Balaenoptera physalus*, genetic mark-recapture, population effective size, population census size.

# **EVIDENCIA GENÉTICA DE ESTABILIDAD EN LA ABUNDANCIA DE LA POBLACIÓN DE RORCUAL COMÚN DEL GOLFO DE CALIFORNIA, MÉXICO**

## **I. INTRODUCCIÓN**

El muestreo por marcado-recaptura se ha implementado para estimar natalidad, mortalidad, movimiento y principalmente para estimar la abundancia, absoluta o relativa, en poblaciones de mamíferos marinos (Calambokidis y Barlow 2004; Freitas et al. 2004; Gormley et al. 2005; Balmer et al. 2008; Buckland y York 2009; Constantine et al. 2012). La certeza de la estimación dependerá del cumplimiento de los supuestos del modelo, siendo los más importantes: que se trate de una población cerrada (natalidad, mortalidad y migración despreciables), que las marcas sean permanentes y que la probabilidad de captura sea homogénea entre individuos. La violación de alguno de estos provocaría sub o sobre-estimación del tamaño poblacional (Begon et al. 2005; Badii et al. 2012).

Las marcas que identifican a cada organismo deben ser únicas y no deben cambiar a través del tiempo para poder garantizar que no se harán asignaciones equivocadas. A diferencia de otras especies de cetáceos en los que la fotoidentificación ha mostrado ser altamente confiable (ballena jorobada, Calambokidis y Barlow 2004; Freitas et al. 2004; Constantine et al. 2012; orcas, Baird et al. 2006; ballena azul, Calambokidis y Barlow 2004), el rorcual común no presenta patrones de pigmentación tan característicos o de fácil registro, por

lo que la identificación individual es más complicada (Buckland y York 2009). Con la incorporación cada vez más frecuente del uso de marcadores genéticos para el reconocimiento individual (genotipificación) puede reducirse considerablemente la posibilidad de errores de identificación (Lukacs y Burnham 2005, Krebs 2014).

El uso conjunto de la fotoidentificación y la genotipificación ha permitido demostrar que las estimaciones de abundancia por marcado-recaptura obtenidas a partir de ambos tipos de datos son muy similares (Garrigue et al. 2004; Lukacs y Burnham 2005; Oremus et al. 2007; Wade et al. 2010; Constantine et al. 2012), por lo que los marcadores moleculares representan una herramienta poderosa de obtención de datos para estimar el tamaño poblacional absoluto.

El rorcual común o ballena de aleta *Balaenoptera physalus* es una especie cosmopolita y la mayoría de sus poblaciones realizan migraciones estacionales. No obstante, distintas líneas de evidencia indican que tanto la población del mar Mediterráneo como la del Golfo de California son de carácter residente (Aguilar 2009; Reilly et al. 2013).

La población residente del Golfo de California ha sido estudiada durante los últimos 20 años y se caracteriza por contar con una reducida variabilidad genética y estar genéticamente aislada de la población del Pacífico Norte (Tershy et al. 1993; Bérubé et al. 1998, 2002; Croll et al. 2002; Urbán et al. 2005 a,b). Todos estos aspectos hacen que esta población se considere importante no solo desde el punto de vista de la conservación de la biodiversidad, sino



también como especie paraguas del ecosistema, razón por la que se ha sugerido que al monitorizarla sería posible no solo proteger su hábitat sino también evaluar el impacto antropogénico sobre el Golfo de California (Urbán et al. 2005b; Fossi et al. 2010).

El Golfo de California es una zona rica en biodiversidad donde se han registrado al menos 35 especies de mamíferos marinos, pero en la actualidad se considera un ecosistema amenazado debido a las constantes actividades antropogénicas y la sobreexplotación de recursos que en él se realizan (Wilkinson et al. 2009; Rodríguez y Ruíz 2010).

No obstante que la población de ballena de aleta del Golfo de California ha sido ampliamente estudiada, existe incertidumbre sobre el número de miembros que la conforman y su tendencia demográfica. Las distintas aproximaciones que se han empleado para conocer el tamaño poblacional censal calculan un tamaño de población de entre 150 y 820 individuos (Tershy et al. 1990; Enríquez 1996; Gerrodette y Palacios 1996; Urbán 1996; Enríquez et al. 2005, Díaz-Guzmán 2006; Martínez-Villalba 2008; Pérez-Puig 2013). Sin embargo, con base en la aparente disminución en el número de avistamientos de la especie, se ha sugerido un decremento sostenido en la abundancia durante las últimas dos décadas y un tamaño poblacional actual de alrededor de 180 individuos (Pardo et al. 2015). Debido a que este escenario no es congruente con las estimaciones obtenidas recientemente mediante el uso de fotoidentificación y modelos de marcaje-recaptura, que sugieren que la población está conformada por entre 450 y 1400 individuos (Viloria et al. 2015),

resulta evidente la necesidad de incorporar otro tipo de herramientas y aproximaciones para conocer el estado actual de conservación y la tendencia demográfica de esta población.

Aunque el tamaño censal de una población ( $N_c$ ) nos proporciona información importante sobre el estado actual de conservación de una población, el potencial evolutivo de ésta es también una pieza clave. Este potencial se representa en el tamaño efectivo ( $N_e$ ) (Wang 2005; Luikart et al. 2010), siendo este, el número de individuos reproductivos que contribuyen directamente a la formación de la siguiente generación, tanto en términos demográficos como genéticos (Hedrick, 2000). En esta población, conocer el número de individuos que están aportando genes nos indicaría el mínimo de individuos necesarios para explicar la variabilidad genética observada hasta el momento (Waples 2005), dando claves también para una estructura de edades al conocer la fracción de la población reproductiva; esta información podría ayudarnos a proyectar la dinámica poblacional futura (Moore y Barlow 2011).

Si se considera que un cambio en el tamaño de la población de ballena de aleta del Golfo de California podría indicar cambios en el hábitat, se concluye que es importante integrar la información disponible con estimaciones certeras, reduciendo al mínimo la violación de supuestos, que permitan comprender la dinámica poblacional a lo largo del tiempo y con ello elucidar el rumbo de la población. Además esta población puede considerarse modelo para explorar distintas metodologías de estimación, ya que al contrario de otras, se reconoce como una población aislada, viviendo en un lugar con condiciones relativamente

estables y que no ha sido expuesta a la explotación permitiendo tener resultados más indicativos de su dinámica poblacional. Por lo anterior, este trabajo tiene como objetivo identificar genéticamente, mediante microsatélites, a los individuos muestreados de la población para que por medio de los modelos de marcaje-captura-recaptura se obtenga una estimación censal precisa. Además de obtener una estimación del tamaño efectivo de la población y la proporción  $N_e/N_c$  de la misma.

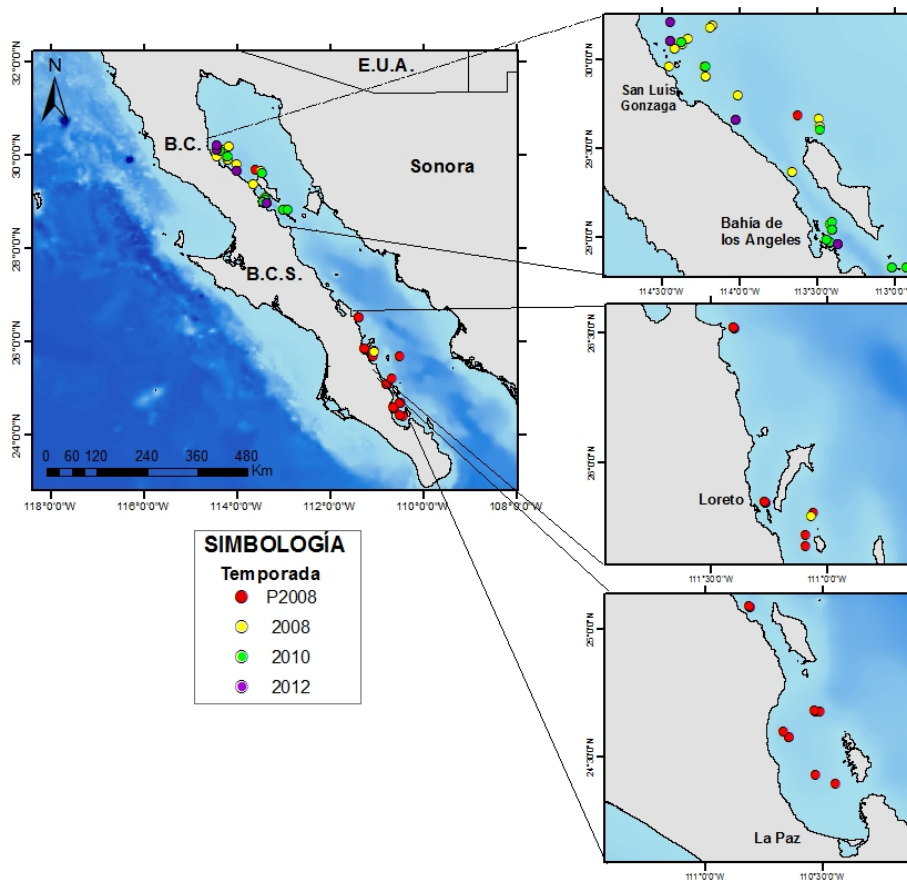
## **II. MATERIALES Y MÉTODOS**

### *a) Muestreo*

Las muestras empleadas para la identificación de rorcuales comunes de la población del Golfo de California fueron colectadas entre 1996 y 2012 (Anexo 1), particularmente en la porción noroccidental del Golfo de California (entre Puertecitos e Isla San Lorenzo) y en la porción suroccidental (entre Loreto y la Bahía de la Paz; Fig. 1). Las muestras de tejido epidérmico se obtuvieron por medio de flechas modificadas para la obtención de biopsias (Lambersten et al 1994) o raspados de piel (Harlin et al. 1999) y se preservaron en etanol al 96%.

### *b) Extracción de ADN*

La extracción se realizó siguiendo el protocolo rápido con sales descrito por Aljanabi y Martinez (1997). La cantidad y la calidad del ADN se evaluó mediante electroforesis en agarosa usando como referencia un estándar de peso molecular (DigiDNA50-15k<sup>TM</sup>).



**Figura 1.** Localización de los avistamientos donde se recolectaron las muestras para cada periodo de estudio

### *c) Genotipado con microsatélites*

Todas las muestras se genotiparon con un conjunto de 28 loci microsatélites (Buchanan et al. 1996; Valsecchi y Amos 1996; Bérubé et al. 1998; Palsboll et al. 1999; Bérubé et al. 2002; Bérubé et al. 2005; Torres-Florez et al. 2012) siguiendo los protocolos de amplificación optimizados y descritos en Jiménez

(2014). En los Anexos 2 y 3 se describe con detalle la información sobre los loci y las condiciones de amplificación.

La lectura de los genotipos multilocus y la asignación del tamaño de los alelos se llevaron a cabo, de forma independiente por dos personas, usando el programa GeneMarker V2.2.0 (SoftGenetics LLC) y siguiendo las recomendaciones de control de calidad descritas en Morin et al. (2010) y Tiedemann et al. (2012).

#### *d) Análisis de datos*

Los genotipos multilocus fueron analizados con los programas Micro-Checker<sup>®</sup> V2.2.3 (Van Oosterhout et al. 2004) para descartar la presencia de alelos nulos y amplificación aleatoria de alelos. El programa ARLEQUIN<sup>®</sup> V3.1 (Excoffier et al. 2005) se empleó para calcular la heterocigocidad y probar el desequilibrio de ligamiento. El poder informativo de cada microsatélite y la probabilidad de identidad se calculó con ayuda del programa GIMLET V1.3.3 (Valière 2002).

Con base en el genotipo multilocus de cada individuo y el programa MSTOOLS V3.1.1 (Park 2001) se identificaron los genotipos idénticos intra e interanuales. Aquellas muestras con genotipos idénticos para los 28 loci se consideraron recapturas de individuos y, con base en esta información, se construyeron las historias de marcado y recapturas.

- Estimación de tamaño censal

Con base en el historial de encuentros se estimó el tamaño censal de la población y su varianza analítica empleando los modelos MCR de Lincoln-

Petersen, Chapman y Bailey, diseñados para poblaciones cerradas (Seber 1982; Smith y Smith 2001; Badii et al. 2012), así como el de Jolly-Seber para poblaciones abiertas. Los intervalos de confianza se obtuvieron con bootstrap (Efron y Tibshirani 1998) a partir de 50,000 remuestreos, corregidos por desfase entre las estimaciones puntuales y los promedios bootstrap con BCa (Bias-Corrected and accelerated; Efron y Tibshirani 1998).

- Estimación de tamaño efectivo contemporáneo

Debido a las dificultades asociadas a la obtención de tablas de vida completas, en poblaciones silvestres, Ne generalmente se estima a partir de datos genéticos (Harris y Allendorf 1989; Frankham 1995; Waples 2005). Una de las aproximaciones mayormente empleadas es el desequilibrio de ligamiento, en particular si se calcula a partir de marcadores neutrales y en poblaciones finitas, aisladas y con apareamiento al azar (Shrimpton y Heath 2003; Leberg 2005; Ovenden et al. 2007; Portnoy et al. 2009). La estimación se realizó mediante este método obtenido del programa NeEstimator V2.01 (Do et al. 2013).

Finalmente la extrapolación al tamaño censal, a partir del tamaño efectivo estimado, se llevó a cabo empleando factores de conversión sustentados en parámetros demográficos e información de la historia de vida de la especie (Brinkmann 1948; Aguilar y Lockyer 1987; Aguilar et al. 1988; Mizroch et al. 2009; Ramp et al. 2014; Rossi et al. 2014), así como los reportados para otras especies con características similares (ballena azul Tomilin 1967; grandes mamíferos Nunney y Elam 1994; ballena jorobada, gris, minke y boreal Roman

y Palumbi 2003; ballena jorobada Carroll et al. 2015). Estos factores de conversión, con sus respectivos máximos, mínimos y tipo de distribución, junto con el tamaño efectivo poblacional fueron utilizados para realizar una distribución de frecuencias del tamaño censal mediante 1,000,000 de simulaciones Monte Carlo en el programa Crystall Ball V11.1, para posteriormente calcular la mediana y el intervalo de confianza al 95%.

### **III. RESULTADOS**

#### *a) Poder informativo de los microsatélites y genotipado*

Debido a problemas de reproducibilidad con el microsatélite GT142, este fue removido del genotipo multilocus. La probabilidad de identidad estimada a partir del conjunto de 27 microsatélites, que constituyeron el genotipo multilocus de las muestras, resultó de 1 en 9 billones entre individuos sin parentesco y de 1 en 496 mil para hermanos completos (Tabla I). Se obtuvo un promedio de número de alelos de 5.1 y una heterocigocidad promedio de 0.43.

Se consiguió el genotipo multilocus en 129 muestras, a partir de las que fue posible reconocer a 98 individuos. Las muestras se organizaron en 4 grupos correspondientes a los periodos 1996-2007 (P2008), 2008, 2010 y 2012. En la Tabla II se detalla el número de individuos identificados en cada periodo de muestreo, así como el número de recapturas.

**Tabla I.** Microsatélites utilizados para el genotipo de los rorcuales comunes del Golfo de California. Se muestra el total de individuos genotipados, número de alelos, diversidad genética, la probabilidad de identidad por locus ( $P_{(ID)}$ ), la probabilidad acumulativa de identidad para individuos no emparentados ( $P_{(ID)UNR}$ ) y para hermanos completos ( $P_{(ID)SIB}$ ). Los loci microsatélite se reportan ordenados del más al menos informativo.

| Locus               | # Individuos | # Alelos   | Ho          | He          | $P_{(ID)}$ | $P_{(ID)UNR}$                            | $P_{(ID)SIB}$                            |
|---------------------|--------------|------------|-------------|-------------|------------|------------------------------------------|------------------------------------------|
| GATA417             | 109          | 13         | 0.77        | 0.81        | 0.8628     | $5.18 \times 10^{-02}$                   | $3.62 \times 10^{-01}$                   |
| Ev037               | 109          | 9          | 0.75        | 0.75        | 0.0981     | $5.57 \times 10^{-03}$                   | $1.48 \times 10^{-01}$                   |
| GT195               | 108          | 8          | 0.63        | 0.67        | 0.3959     | $7.07 \times 10^{-04}$                   | $6.51 \times 10^{-02}$                   |
| GATA028             | 109          | 7          | 0.64        | 0.67        | 0.2410     | $9.61 \times 10^{-05}$                   | $2.91 \times 10^{-02}$                   |
| D1rFCB017           | 108          | 8          | 0.51        | 0.63        | 0.0003     | $1.65 \times 10^{-05}$                   | $1.36 \times 10^{-02}$                   |
| GT023               | 109          | 7          | 0.56        | 0.66        | 0.0009     | $2.96 \times 10^{-06}$                   | $6.56 \times 10^{-03}$                   |
| AC045               | 109          | 5          | 0.65        | 0.58        | 0.3674     | $6.34 \times 10^{-07}$                   | $3.25 \times 10^{-03}$                   |
| GT129               | 109          | 3          | 0.62        | 0.60        | 0.8519     | $1.38 \times 10^{-07}$                   | $1.64 \times 10^{-03}$                   |
| GT307               | 105          | 8          | 0.57        | 0.59        | 0.0000     | $3.32 \times 10^{-08}$                   | $8.52 \times 10^{-04}$                   |
| AC137               | 109          | 5          | 0.54        | 0.55        | 0.4882     | $8.41 \times 10^{-09}$                   | $4.59 \times 10^{-04}$                   |
| TAA023              | 108          | 4          | 0.52        | 0.56        | 0.4626     | $2.49 \times 10^{-09}$                   | $2.52 \times 10^{-04}$                   |
| CA141               | 109          | 3          | 0.47        | 0.55        | 0.0701     | $7.65 \times 10^{-10}$                   | $1.41 \times 10^{-04}$                   |
| ACCC392             | 109          | 8          | 0.27        | 0.29        | 0.4248     | $2.46 \times 10^{-10}$                   | $8.45 \times 10^{-05}$                   |
| GT211               | 109          | 8          | 0.44        | 0.43        | 0.4235     | $8.19 \times 10^{-11}$                   | $5.14 \times 10^{-05}$                   |
| di40                | 109          | 3          | 0.40        | 0.49        | 0.1130     | $2.91 \times 10^{-11}$                   | $3.13 \times 10^{-05}$                   |
| GATA098             | 109          | 3          | 0.45        | 0.53        | 0.0000     | $1.05 \times 10^{-11}$                   | $1.92 \times 10^{-05}$                   |
| GT122               | 109          | 3          | 0.50        | 0.47        | 0.5229     | $4.02 \times 10^{-12}$                   | $1.18 \times 10^{-05}$                   |
| CA232               | 108          | 5          | 0.31        | 0.35        | 0.0133     | $1.69 \times 10^{-12}$                   | $8.05 \times 10^{-06}$                   |
| AC087               | 109          | 4          | 0.38        | 0.33        | 0.3915     | $8.70 \times 10^{-13}$                   | $5.88 \times 10^{-06}$                   |
| di34                | 109          | 4          | 0.23        | 0.25        | 0.3639     | $4.71 \times 10^{-13}$                   | $4.42 \times 10^{-06}$                   |
| AC082               | 109          | 2          | 0.22        | 0.24        | 0.4078     | $2.86 \times 10^{-13}$                   | $3.48 \times 10^{-06}$                   |
| CA234               | 109          | 7          | 0.16        | 0.18        | 0.0311     | $2.04 \times 10^{-13}$                   | $2.97 \times 10^{-06}$                   |
| GATA053             | 108          | 7          | 0.12        | 0.11        | 1.0000     | $1.62 \times 10^{-13}$                   | $2.66 \times 10^{-06}$                   |
| GT575               | 109          | 2          | 0.03        | 0.03        | 1.0000     | $1.49 \times 10^{-13}$                   | $2.55 \times 10^{-06}$                   |
| GT227               | 109          | 2          | 0           | 0           |            | $1.46 \times 10^{-13}$                   | $2.53 \times 10^{-06}$                   |
| CAAA074             | 109          | 1          | 0           | 0           |            | $1.46 \times 10^{-13}$                   | $2.53 \times 10^{-06}$                   |
| TGAA610             | 109          | 1          | 0           | 0           |            | $1.46 \times 10^{-13}$                   | $2.53 \times 10^{-06}$                   |
| <b>Promedio</b>     |              | <b>5.1</b> | <b>0.40</b> | <b>0.43</b> |            |                                          |                                          |
| <b>PI acumulada</b> |              |            |             |             |            | <b><math>9.80 \times 10^{-12}</math></b> | <b><math>4.96 \times 10^{-05}</math></b> |



**Tabla II.** Resumen de las recapturas entre los distintos años de evaluación para las muestras de rorcual común del Golfo de California identificadas por el genotipo. En los paréntesis se encuentra el número de muestra total para cada periodo. La diagonal muestra los individuos recapturados durante el periodo indicado en la línea, mientras que los datos debajo de esta indican las recapturas de los individuos marcados en el periodo de la columna.

| <b>Año de marcado</b> | P2008 | 2008 | 2010 | 2012 |
|-----------------------|-------|------|------|------|
| P2008 (28)            | 5     |      |      |      |
| 2008 (30)             | 2     | 8    |      |      |
| 2010 (28)             | 1     | 2    | 8    |      |
| 2012 (23)             | 2     | 3    | 1    | 0    |

*b) Estimaciones del tamaño censal por MCR*

Se aplicaron los estimadores analíticos de Lincoln-Petersen, Chapman y Bailey a todas las posibles parejas de grupos de datos, obteniendo tamaños de población de entre 278 y 644. En la tabla III se presentan en detalle, para cada grupo de periodos evaluado, las estimaciones analíticas y empíricas (bootstrap), tanto para el estimador de Champan para poblaciones cerradas como el estimador de Jolly-Seber para poblaciones abiertas. Se obtuvo una estimación mínima de 299 para los muestreos 2008-2010, mientras que el valor más alto del estimador fue de 359 usando las muestras previas a 2008 (P2008) y el resto de las muestras agrupadas (2008-2010-2012).

La estimación realizada usando el modelo MCR de Jolly-Seber para poblaciones abiertas resultó considerablemente mayor a la obtenida cuando se consideró una población cerrada (572 individuos; I.C.<sub>94.2%</sub> 106-2,388) pero con una moda en los 280 individuos.

**Tabla III.** Estimaciones del tamaño censal de la población de rorcual común del Golfo de California con base en el modelo MCR de Chapman (CH) y Jolly-Seber (JS). Se contrastan los resultados del estimador analítico y el empírico (50,000 bootstraps) y sus respectivos intervalos de confianza (I.C.).

| Periodo                          | Estimador Analítico |             |         | Estimador Empírico |                        |
|----------------------------------|---------------------|-------------|---------|--------------------|------------------------|
|                                  | Estimación          | I.C. (95%)  | Mediana | I.C. (95%)         | % I.C. (BCa)           |
| P2008 vs 2008 (CH)               | 299                 | 35 - 563    | 299     | 140 - 923          | 95%<br>(2.3 – 97.3%)   |
| 2008 vs 2010 (CH)                | 299                 | 35 - 563    | 299     | 139 - 924          | 94.3%<br>(2.4 - 96.7%) |
| 2010 vs 2012 (CH)                | 347                 | 17 - 710    | 356     | 141 - 857          | 94.8%<br>(1.9 – 96.7%) |
| P2008 vs 2008/2010/2012 (CH)     | 366                 | 134 - 599   | 359     | 211 - 919          | 94.9%<br>(3.0 – 97.9%) |
| P2008/2008/2010vs 2012 (CH)      | 280                 | 123 - 437   | 279     | 170 - 608          | 95%<br>(2.5 – 97.5%)   |
| P2008/2008 vs 2010/2012 (CH)     | 322                 | 155 - 489   | 321     | 203 - 640          | 95%<br>(2.5 – 97.5%)   |
| Jolly-Seber<br>P2008 a 2012 (JS) | 547                 | 138 – 4,782 | 572     | 106 – 2,388        | 94.2%<br>(1.8 - 96%)   |

*c) Estimación de tamaño efectivo y su extrapolación al tamaño censal*

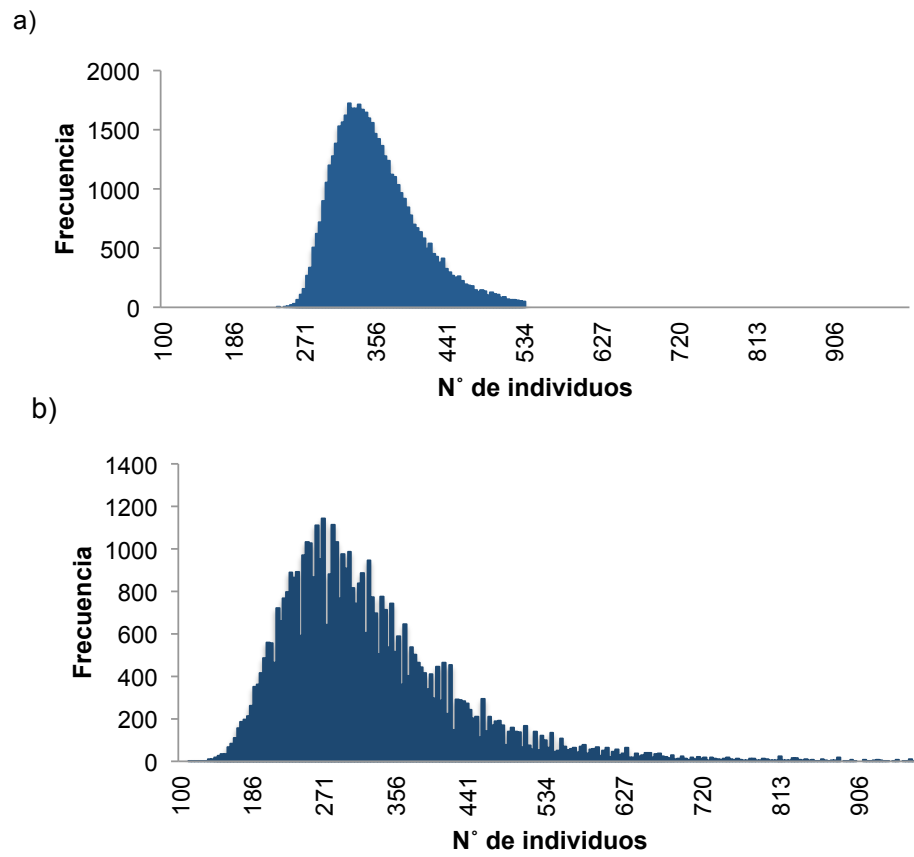
El tamaño efectivo se calculó de dos formas; en la primera se consideró a todos los individuos ( $n=98$ ) como una sola muestra, como alternativa, se calculó  $N_e$  considerando como muestra cada periodo y reportando la media armónica. Con base en la robustez de nuestros marcadores y el número de individuos analizados, se decidió restringir el uso de aquellos alelos con frecuencias menores al 2%. Los tamaños efectivos que se obtuvieron fueron de 204 individuos (I.C. 95% 155-288) usando todos como muestra única y de 163 individuos (I.C. 95% 93-267) al calcular la media armónica de los cuatro periodos.

En la extrapolación se utilizó un factor de conversión de 1.6 (más detalles en el anexo 4), aproximadamente, y se realizó con los dos valores estimados para la estimación efectiva (204 y 163), con el primero se obtuvo una estimación de 350 individuos (I.C. 95% 275-510) mientras que para el segundo fue de 276 individuos.

Las estimaciones por MCR obtenidas de las distintas combinaciones de periodos de muestreo no solo resultaron muy parecidas entre ellas, sino congruentes con la estimación genética del tamaño efectivo y su extrapolación al tamaño total de la población (Fig. 2).

*d) Proporción  $N_e/N_c$*

Con los valores obtenidos de tamaño censal (Chapman, P2008/2008-2010/2012) y tamaño efectivo (datos como una sola muestra) se calculó la proporción  $N_e/N_c$  en 0.63.



**Figura 2.** Comparación de las distribuciones de frecuencia realizadas por a) bootstrap de MCR con la agrupación elegida (P2008/2008-2010/2012) y por b) extrapolación de Ne por simulaciones Montecarlo.

## IV. DISCUSIÓN

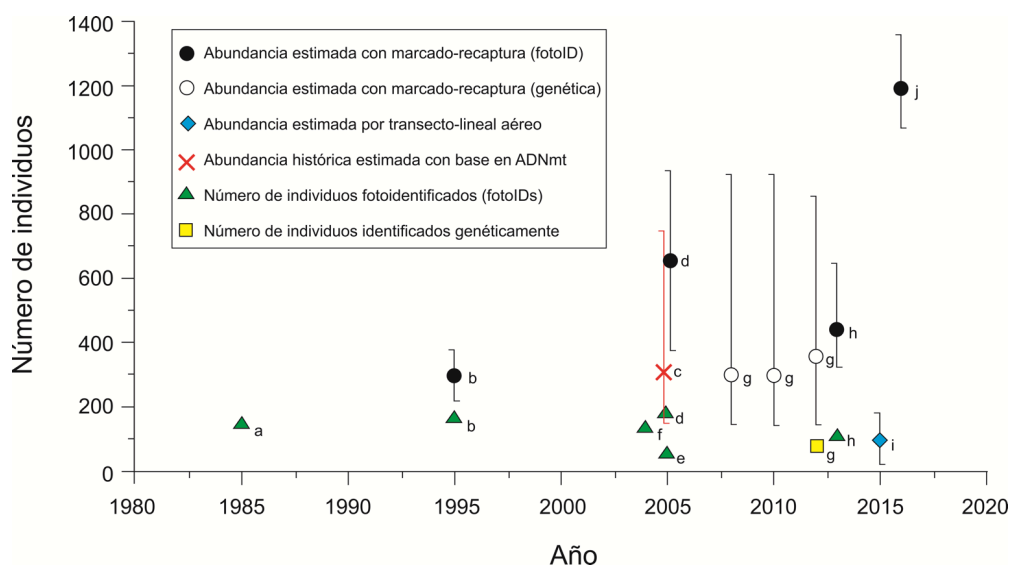
### 1. *Estimación tamaño censal*

De las distintas estimaciones realizadas, la agrupación P2008-2008 vs 2010-2012 nos parece la más precisa. Esto por incluir la mayor cantidad de datos para cada periodo, P2008/2008 con 57 y 2010/2012 con 50, y también la de mayor recapturas (ocho) reduciendo el I.C. y permitiendo tener una mayor precisión en los resultados.

Los resultados obtenidos con el mismo conjunto de datos, pero a través de aproximaciones completamente independientes (MCR y extrapolación), sugieren un tamaño de población relativamente constante para esos años entre los 300 a 400 individuos. Este número coincide con los reportados por Enríquez (1996) y Urbán et al. (1996, 2005a) para las mismas zonas y con Pérez-Puig (2013) basado en ejemplares de la zona de la región oriental de las grandes islas y aguas adyacentes a Bahía Kino, pero difiere de algunas otras estimaciones hechas en la zona (Tershy et al. 1990; Díaz-Guzmán 2006).

En la Figura 3 se presenta una serie de datos en una línea de tiempo, la cual resume la información disponible sobre la abundancia de la especie en el Golfo de California. Como puede apreciarse, la mayoría de las estimaciones se encuentran dentro del intervalo de confianza de la estimación del tamaño histórico basada en la genealogía del ADN mitocondrial reportada por Enríquez et al. (2005), incluyendo las estimaciones calculadas para periodos consecutivos del presente trabajo (P2008-2008; 2008-2010; 2010-2012). Esto

sugiere estabilidad en la abundancia de la población y no aporta evidencia alguna que sustente cambios significativos en este parámetro.



**Figura 3.** Línea del tiempo con las distintas estimaciones de tamaño poblacional para la ballena de aleta del Golfo de California: a) Tershy et al. 1990; b) Enríquez 1996; c) Enríquez et al. 2005; d) Díaz-Guzmán 2006; e) Heckel 2006; f) Martínez-Villalba 2008; g) Actual estudio; h) Pérez-Puig 2013; i) Pardo et al. 2015; j) Vilorio et al. 2016. Las marcas rojas representan los intervalos de confianza al 95% de la estimación de abundancia histórica.

No obstante, las estimaciones más recientes ofrecen escenarios contrastantes que generan incertidumbre sobre el estado actual de la población y su tendencia. Por un lado, utilizando observaciones aéreas y el método de muestreo de distancias, Pardo et al. (2015) sugieren un decremento en la población en los últimos 20 años. En cambio, Vilorio et al. (2016) estimaron, a partir del historial de recaptura de individuos fotoidentificados entre 1980-2014,

que la población se encuentra conformada por entre 450 y 1400 individuos en el mismo año.

Si bien es cierto que los estudios arriba mencionados emplearon aproximaciones distintas, el aspecto que cabe resaltar es que el periodo entre la toma de los primeros datos y los más recientes se extiende por más de 30 años, por lo que al no tomar en cuenta la natalidad y la mortalidad se estaría introduciendo un sesgo importante en la estimación. Al emplear periodos relativamente cortos de 2-6 años, estos factores no afectan considerablemente y por consiguiente nuestras aproximaciones presentarían menor sesgo.

De igual forma, serían necesarias tasas de crecimiento del orden del 7.2% para explicar que la población se duplicara en 10 años. No es de nuestro conocimiento algún evento reciente que pudiera haber alterado la dinámica del Golfo de California, incrementando su productividad y en consecuencia su capacidad de carga. Aunado a lo anterior, tampoco existe evidencia de incremento en el número de madres con cría o de individuos jóvenes en la población. Tampoco se han reportado eventos de mortalidad masiva ni reducción en la productividad que obligara a los individuos a dejar el Golfo.

Aún sin tomar en cuenta la exactitud y la precisión de la estimación del tamaño poblacional del presente estudio, resulta evidente que el tamaño mínimo de la población debe ser mayor a los 50 individuos identificados genéticamente en los dos últimos periodos evaluados y al menos igual al número mínimo de individuos fotoidentificados en distintos trabajos realizados

en la zona (146-138; Tershy et al. 1990; Enríquez 1996; Heckel 2006; Díaz-Guzmán 2006, Pérez-Puig 2013).

## *2. Estimación tamaño efectivo y extrapolación a tamaño censal*

Desde el punto de vista de la conservación a largo plazo, el conocimiento sobre el número de individuos en la población es tan importante como el del número de organismos que están aportando genes a la siguiente generación o  $N_e$  (Wang 2005; Liukart et al. 2010). La exactitud y precisión de la estimación de  $N_e$  depende de un detallado conocimiento sobre la biología e historia de vida de la especie, así como de diversos parámetros demográficos de la población en cuestión. La proporción de sexos, la varianza individual en la producción de progenie y el traslape de generaciones afectan considerablemente la estimación al alejar a la población de la condición ideal (Waples et al. 2014).

Los resultados sugieren que cerca del 60% de la población de rorcuales comunes del Golfo de California son adultos reproductivamente activos. Esta proporción es muy similar a la reportada para la otra población residente y aislada de esta especie en el Mar Mediterráneo, con base en datos morfométricos (Rossi et al. 2014), y mayor a la estimada para poblaciones de la especie sujetas a explotación (40%; Aguilar y Lockyer 1987).

La extrapolación del tamaño efectivo estimado al tamaño censal resultó en un valor muy similar al estimado por MCR (Fig. 2). Esta congruencia entre dos aproximaciones independientes no solo sustenta el resultado obtenido, sino



sugiere que los parámetros demográficos usados para la extrapolación son los que exhibe realmente la población.

La aproximación de ambas cifras en esta población, considerada modelo, ayuda a validar la extrapolación como método adicional de estimación cuando no se tienen datos suficientes para realizarla por MCR. La extrapolación no necesita evaluar periodos consecutivos. Aun así, un punto trascendental es la certeza al evaluar los parámetros poblacionales, ya sea a través de especies cercanas o de otras poblaciones. Por ello, la aplicación de esta metodología debe ser en especies de biología muy conocida.

### *2.1. Proporción $N_e/N_c$*

Esta proporción depende de muchos factores poblacionales, los cuales deben ser evaluados en distintos tiempos para poder dar una interpretación precisa a esta proporción. Al ser la primera vez que se calcula la proporción en esta población, y al coincidir con las reportadas para grandes mamíferos (0.72-0.84) con generaciones traslapadas (Nunney y Elam 1994) y en organismos con baja fecundidad (Frankham 1995), indica que la población se encuentra estable y dentro de los parámetros que tienen especies similares en forma de vida. La interpretación correcta se daría al comparar este dato con información futura de la población, para corroborar la estabilidad de la misma.

### *3. Aspectos Metodológicos*

En el presente trabajo la abundancia se obtuvo por dos distintas metodologías (MCR y extrapolación de  $N_e$ ), permitiendo evaluar ambas cifras a través de dos diferentes perspectivas. Por otra parte, los distintos estimadores utilizados en MCR indican la misma tendencia dando mayor robustez a los resultados. A pesar de estas ventajas se debe hacer un análisis sobre los posibles sesgos que podrían estar influyendo las estimaciones.

#### *3.1. Tamaño muestral*

La veracidad y exactitud de la evaluación de los parámetros biológicos de cualquier población depende en gran medida de la cantidad de datos disponibles. En los modelos MCR, para poblaciones cerradas, el número de recapturas juega un papel fundamental (Mascioli et al. 2010). La reducción en los intervalos de confianza para la estimación con el mayor número de recapturas y la ampliación del mismos con la de menor coincide con lo encontrado por Conn (2006), donde en su estudio con roedores, concluye que se necesitan la mayor cantidad de ocasiones de muestreo posibles para tener una mejor precisión del estimador.

La estimación obtenida con el modelo para población abierta, si bien no sobrepasa los valores del intervalo de confianza de los modelos para población cerrada, varía considerablemente en el número promedio de individuos. Sin embargo, dado que solo fue posible estimar dos periodos con el modelo de poblaciones abiertas, la diferencia puede estar más

asociada con el reducido número de periodos incluidos. Diversos autores han demostrado que a mayor número de periodos, los estimadores para poblaciones cerradas y abiertas tienden a arrojar valores más similares entre sí (Constantine et al. 2012; Sanders y Trost 2013; Carroll et al. 2015).

### *3.2. Supuestos modelo captura-recaptura*

Gran cantidad de estimaciones realizadas encuentran problemas para cumplir los supuestos de los modelos empleados. Los más importantes y como afecta la certeza de la estimación la violación de alguno de ellos, fueron mencionado anteriormente; es por ello que se analizará como influye cada supuesto en las estimaciones de esta población.

El amplio conocimiento que se tiene sobre los patrones de residencia (Tershy et al. 1993; Croll et al. 2002; Urbán et al. 2005b), movimientos (Enríquez 1996; Urbán et al. 2005a) e identidad genética (Bérubé et al. 1998, 2002) de los individuos de esta población, ayudan para saber que tanto se aleja o no de una población cerrada ideal. Así podemos saber que la natalidad y la mortalidad no impactan de forma importante, al usar periodos de muestreo relativamente próximos (máximo 5 años) y al no incluir crías, etapa donde la mortalidad es la mayor (Rossi et al. 2014).

La pérdida de marcas se elimina usando marcadores genéticos. Siempre que se sigan estrictamente los protocolos de control de calidad de la extracción de ADN y de genotipificación (Morin et al. 2010; Costantine et al. 2012; Tiedemann et al. 2012). Igualmente, al trabajar con un gran número de marcadores, especialmente en esta población con baja

variabilidad genética, permite diferenciar con gran precisión y sin ambigüedad a un individuo de otro, tal y como lo sugieren Lampa y colaboradores (2013) en su estudio sobre estimación poblacional a través de genotipos. Esto asegura que un genotipo igual a otro indica una recaptura.

El último supuesto es el que podría violarse más fácilmente, esto por involucrar dos factores: la variación de probabilidad de captura por comportamiento de los animales o por efecto del trampeo. Este último se asocia al cambio de comportamiento del animal cuando ya fue capturado, modificándose en forma positiva (atracción por recompensa) o negativa (repulsión a la trampa). Considerando el tipo de organismo estudiado, sabemos que la oportunidad de muestreo varía debido a múltiples factores. Estos son propios de las poblaciones naturales, y al encontrarse fuera de nuestro control, entendemos que podrían estar influyendo. En cuanto al efecto por trampeo, el encontrar recapturas intraperiodo nos da un indicio de un reducido efecto negativo.

Otro factor a resaltar, para la heterogeneidad en probabilidad de captura, es que aunque las muestras solo fueron obtenidas en la porción occidental del Golfo, el conocer los patrones de movimiento (Enríquez 1996; Gallo-Reynoso et al. 2011; Alonso-Lozano 2014) ayuda a identificar donde y en qué tiempo están las concentraciones más grandes de organismos, aumentando la probabilidad de captura. Además al encontrar la mayor cantidad de recapturas, por foto-identificación, en el corredor Bahía de los

Ángeles-Bahía Kino (Viloria et al. 2016) se muestra el movimiento continuo de animales entre estas zonas del Golfo. Debido a la congruencia entre las distintas estimaciones por MCR e incluso las realizadas por otras metodologías se tiene evidencia para asegurar que las posibles fuentes de sesgo afectan a las estimaciones de manera similar.

### *3.3. Parámetros demográficos para extrapolación*

Para la extrapolación se buscaron, en la literatura, parámetros demográficos que fueran para especies similares de la región y para esta especie en otras zonas. Aún así sabemos que estos factores pueden modificarse al referirnos solamente a esta población.

Para reducir al mínimo la incertidumbre, los parámetros fueron evaluados con distribuciones log normal con los mínimos y máximos reportados, además de considerar una media. Esto permitió que los remuestreos realizados con el programa tomaran toda esta gama de datos y no solo un dato puntual, logrando así obtener intervalos de confianza y datos más confiables.

## *4. Tendencia poblacional*

Con base en las estimaciones generadas con los datos moleculares obtenidos en el presente estudio, el tamaño actual de la población de rorcuales comunes del Golfo de California para el periodo 2008-2012, es prácticamente el mismo que el reportado para la década de los 90's usando fotomarcaje y recaptura (Enríquez 1996, Urbán 1996) y para el tamaño histórico estimado a través la

diversidad genética del ADN mitocondrial (Enríquez et al. 2005; Fig. 3). En conjunto, todas estas estimaciones de abundancia sugieren que la población es demográficamente estable y que históricamente ha fluctuado alrededor de los 350 individuos.

Este escenario se encuentra sustentando además por el hecho de que los niveles de heterocigocidad, los cuales se reducen de manera importante en poblaciones de tamaño pequeño cuando se presentan fluctuaciones marcadas en la abundancia, se han mantenido constantes desde la primera evaluación efectuada en 1996 ( $H_E = 0.42$ , Berube et al. 1998) y las más recientes ( $H_E = 0.42$ , Jiménez 2014;  $H_E = 0.43$ , este trabajo). Esto es congruente con la falta de evidencia de cambios importantes a nivel oceanográfico o ecosistémicos en el Golfo de California, a los que se les pudieran atribuir fluctuaciones en la dinámica de la población de esta especie (decremento o incremento exponencial en su abundancia).

Al realizar este trabajo con una población “ideal”, para la que muchos de los supuestos de los modelos demográficos se cumplen al menos parcialmente, permite evaluar metodologías como la extrapolación de  $N_e$  para obtener  $N_c$  y comprender mejor los factores que moldean la proporción  $N_e/N_c$  en este tipo de organismos.

En conjunto, los resultados obtenidos en este trabajo aportan evidencia sólida de que la población de ballena de aleta que habita el Golfo de California presenta una tendencia demográfica estable. Esto sugiere a su vez, que esta tendencia es reflejo de las condiciones favorables que se han mantenido en

este ecosistema a largo de las últimas décadas, permitiendo a esta especie cubrir sus demandas alimenticias y de crianza.

## REFERENCIAS

- Aguilar A, Lockyer CH (1987) Growth, physical maturity, and mortality of fin whales (*Balaenoptera physalus*) inhabiting the temperate waters of the northeast Atlantic. Can J Zool 65:253-264
- Aguilar A, Olmos M, Lockyer CH (1988) Sexual Maturity in fin whales (*Balenoptera physalus*) caught off Spain. Rep Int Whal Commn 38:317-322
- Aguilar A (2009) Fin Whale (*Balaenoptera physalus*). En: Perrin WF, Würsig B, Thewissen JGM (eds) Encyclopedia of Marine Mammals, 2nd edn. Academic Press, New York, pp 433-437
- Aljanabi SM, Martinez I (1997) Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. Nucleic Acids Res 25:4692-4693
- Alonso-Lozano L (2014) Relación en la distribución y abundancia de misticetos, con algunos parámetros ambientales en la costa sur-occidental del Golfo de California (enero 2004-noviembre 2005). Tesis profesional. Universidad Autónoma de Baja California Sur, La Paz, BCS, México
- Badii MH, Guillen A, Landeros J, Cerna E, Ochoa Y, Valenzuela J (2012) Muestreo por métodos de captura-recaptura. Daena: International Journal of Good Conscience 7:97-131
- Baird RW, McSweeney DJ, Bane C, Barlow J, Salden DR, Antoine LK, LeDuc, RG, Webster DL (2006) Killer whales in Hawaiian waters: Information on population identity and feeding habits. Pac Sci 60: 523-530
- Balmer BC, Wells RS, Nowacek SM, Nowacek DP, Schwacke LH, Mclellan WA, Scharf FS, Rowles TK, Hansen LJ, Spradlin TR, Pabst DA (2008) Seasonal abundance and distribution patterns of common bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) near St. Joseph Bay, Florida, USA. J. Cetacean Res. Manage. 10:157-167



- Begon M, Townsend C, Harper J (2005) Ecology: from individuals to ecosystems, 4th edn. Blackwell, London
- Bérubé M, Aguilar A, Dendanto D, Larsen F, Notarbartolo Di Sciara G, Sears R, Sigurjónsson J, Urban J, Palsbøll PJ (1998) Population genetic structure of North Atlantic, Mediterranean Sea and Sea of Cortez fin whales, *Balaenoptera physalus* (Linnaeus 1758): Analysis of mitochondrial and nuclear loci. *Mol Ecol* 7:585–599
- Bérubé M, Urban J, Dizon AE, Brownell RL, Palsbøll PJ (2002) Genetic identification of a small and highly isolated population of fin whales (*Balaenoptera physalus*) in the Sea of Cortez, Mexico. *Conserv Genet* 3:183–190
- Bérubé M, Rew MB, Skaug H, Jørgensen H, Robbins J, Best P, Sears R, Palsbøll PJ (2005) Polymorphic microsatellite loci isolated from humpback whale, *Megaptera novaeangliae* and fin whale, *Balaenoptera physalus*. *Conserv Genet* 6:631–636
- Brinkmann A (1948) Studies on female fin and blue whales. *Scientific Results of Marine Biological Research* 31:5–38
- Buchanan F, Friesen M, Littlejohn R, Clayton, J (1996) Microsatellites from the beluga whale (*Delphinapterus leucas*). *Mol Ecol* 5:571–575
- Buckland ST, York AE (2009) Abundance estimation. En: Perrin WF, Würsig B, Thewissen JGM (eds) *Encyclopedia of Marine Mammals*, 2nd edn. Academic Press, New York, pp 1–5
- Calambokidis J, Barlow J (2004) Abundance of blue and humpback whales in the Eastern North Pacific estimated by capture-recapture and line-transect methods. *Mar Mammal Sci* 20:63–85
- Carroll EL, Brooks L, Baker CS, Burns D, Garrigue C, Hauser N, Jackson JA, Poole MM, Fewster RW (2015) Assessing the design and power of capture-recapture studies to estimate demographic parameters for the Endangered Oceania humpback whale

population. ESR 28:147-162

Conn PB, Arthur AD, Bailey LL, Singleton GR (2006) Estimating the abundance of mouse population of known size: promises and pitfalls of new methods. Ecol Appl 16:829-837

Constantine R, Jackson J, Steel D, Baker C, Brooks L, Burns D, Claphman P, Hauser N, Madon B, Mattila D, Oremus M, Poole M, Robbins J, Thompson K, Garrigue C (2012) Abundance of humpback whales in Oceania using photo-identification and microsatellite genotyping. Mar Ecol-Prog Ser 453:249-261

Croll DA, Clark CW, Acevedo A, Tershy B, Flores S, Gedamke J, Urban, J (2002) Only male fin whales sing loud songs. Nature 208:09

Díaz-Guzman CF (2006) Abundancia y movimientos del rorcual común, *Balaenoptera physalus*, en el Golfo de California. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México, D. F., México

Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth GM, Tillet BJ, Ovenden JR (2013) NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (Ne) from genetic data. Mol Ecol Resour 14:209-214

Efron B, Tibshirani RJ (1998) An introduction to the Bootstrap, 2nd edn. CRC Press, Boca Raton

Enríquez L (1996) Ocurrencia, movimientos, estructura social y tamaño de las agregaciones de rorcual común *Balenoptera physalus* (Linnaeus, 1758) en el Golfo de California, México. Tesis profesional. Universidad Autónoma de Baja California Sur, La Paz, BCS, México

Enríquez-Paredes LM, De la Rosa-Vélez J, Taylor BL (2005) Estimating pre-whaling stock levels through genetic diversity: a novel approach. Resúmenes. 16th Biennial Conference on the Biology of Marine Mammals. San Diego, EE.UU

Excoffier L, Laval G, Schneider S (2005) Arlequin v3.0: An integrated software package

for population genetics data analysis. *Evol Bioinform* 1:47-50

- Fossi MC, Urban J, Casini S, Maltese S, Spinsanti G, Panti C, Porcelloni S, Panigada S, Lauriano G, Niño-Torres C, Rojas-Bracho L, Jimenez B, Muñoz-Arnanz J, Marsili L (2010) A multi-trial diagnostic tool in fin whale (*Balaenoptera physalus*) skin biopsies of the Pelagos Sanctuary (Mediterranean Sea) and the Gulf of California (Mexico). *Mar Environ Res* 69:S17-S20
- Frankham R (1995) Effective population/adult population size ratio in wildlife: a review. *Genet Res* 66:95-107
- Freitas AC, Kinas PG, Martins CC, Coitinho MH (2004) Abundance of humpback whales on the Abrolhos Bank wintering ground, Brazil. *JCRM* 6: 225-230
- Gallo-Reynoso JP, Égido-Villarreal J, Martínez-Villalba G (2011) Reaction of fin whales *Balaenoptera physalus* to an earthquake. *Bioacoustics* 20:317-330
- Garrigue C, Dodemont R, Steel D, Baker CS (2004) Organismal and “gametic” capture-recapture using microsatellite genotyping confirm low abundance and reproductive autonomy of humpback whales on the wintering grounds of New Caledonia. *Mar Ecol- Prog Ser* 274:251–262
- Gerrodette T, Palacios DM (1996) Estimates of cetacean abundance in EEZ waters of Eastern Tropical Pacific. Southwest Fisheries Science Center Administrative Report LJ-96-10:28
- Gormley AM, Dawson SM, Slooten E, Bräger S (2005) Capture-recapture estimates of Hector’s Dolphin abundance at Banks Peninsula, New Zealand. *Mar Mammal Sci* 21:204-216
- Harlin AD, Würsig B, Baker CS, Markowitz TM (1999) Skin swabbing for genetic analysis: application to dusky dolphins (*Lagenorhynchus obscurus*). *Mar Mammal Sci* 15: 409-425

- Harris RB, Allendorf FW (1989) Genetically effective population size of large mammals: an assessment of estimators. *Conserv Biol* 3:181-191
- Heckel G (2006) Diversidad, distribución y abundancia de cetáceos en Bahía de los Ángeles y Canal de Ballenas, Golfo de California: bases científicas para una nueva área de observación turística de mamíferos marinos. Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. DE008 México D. F.
- Hedrick PW (2000) *Genetics of populations*. Jones & Barlett Publishers, Boston
- Jiménez S (2014) Niveles de parentesco entre rorcuales comunes (*Balaenoptera physalus*) del Golfo de California y su relación con la demografía histórica de la población. Tesis profesional. Instituto Tecnológico de Los Mochis, Los Mochis, Sinaloa, México
- Krebs CJ (2014) *Ecological Methodology*, 3rd edn. Pearson, New York
- Lambertsen RH, Baker CS, Weinrich M, Modi CS (1994) An improved whale biopsy system designed for multidisciplinary research. En: Fossi MC, Leonzio C (eds) *Nondestructive biomarkers in vertebrates*. Lewis Publishers, Boca Raton, pp 219-244
- Lampa S, Henle K, Klenke R, Hoehn M, Bernd G (2013) How to overcome genotyping errors in non-invasive genetic mark-recapture population size estimation- a review of available methods illustrated by a case study. *J Wildlife Manage* 77:1490-1511
- Leberg P (2005) Genetic approaches for estimating the effective size of populations. *J Wildlife Manage* 69:1385-1399
- Luikart G, Ryman N, Tallmon DA, Schwartz MK, Allendorf FW (2010) Estimation of census and effective population sizes: the increasing usefulness of DNA-based approaches. *Conserv Genet* 11:355-373
- Lukacs P, Burnham K (2005) Review of capture-recapture methods applicable to noninvasive genetic sampling. *Mol Ecol* 14:3909-3919

- Martínez-Villalba MG (2008) Distribución y abundancia de la ballena de aleta (*Balaenoptera physalus*) en aguas adyacentes a Guaymas y algunas inferencias ecológicas generales sobre esta especie en el Golfo de California. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México, D. F., México
- Mascioli F, Rossi C, Scacciatelli D (2010) On teaching Basic statistics: a capture-recapture example. International Association of Statistical Education (IASE). Contributed Paper Referred, ICOTS8
- Mizroch S, Rice DW, Zwiefelhofer D, Waite J, Perryman W (2009) Distribution and movements of fin whales in the North Pacific Ocean. *Mammal Rev* 39:193-227
- Moore J, Barlow J (2011). Bayesian state-space model of fin whale abundance trends from a 1991-2008 time series of line-transect surveys in the California Current. *J Appl Ecol* 48:1195-1205
- Morin PA, Martien KK, Archer FI, Cipriano F, Steel D, Jackson J, Taylor BL (2010) Applied conservation genetics and the need for quality control and reporting of genetic data used in fisheries and wildlife management. *J Hered* 101:1-10
- Nunney L, Elam DR (1994) Estimating the effective population size of conserved populations. *Conserv Biol* 1:175-184
- Oremus M, Poole M, Steel D, Baker S (2007) Isolation and interchange among insular spinner dolphin communities in the South Pacific revealed by individual identification and genetic diversity. *Mar Ecol-Prog Ser* 336:275-289
- Ovenden JR, Peel D, Street R, Courtney AJ, Hoyle SD, Peel SL, Podlich H (2007) The genetic effective and adult census size of an Australian population of tiger prawns (*Penaeus esculentus*). *Mol Ecol* 16:127-138
- Pardo M, Beier E, Guido S (2015) Evaluación de la abundancia, tendencia poblacional y distribución espacial del rorcual común en el Golfo de California. Informe técnico final,

- Programa de Conservación de Especies en Riesgo (PROCER). Plan de trabajo 2015
- Park SDE (2001) Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection. Tesis doctoral. University of Dublin
- Palsbøll P, Bérubé M, Jørgensen H (1999) Multiple Levels of Single-Strand Slippage at Cetacean Tri- and Tetranucleotide Repeat Microsatellite Loci. *Genetics* 151:285-296
- Pérez-Puig H (2013) Cetáceos de la Región Oriental de las Grandes Islas del Golfo de California y las aguas adyacentes de Bahía Kino. Centro de Estudios Ecológicos Prescott College A. C., Bahía de Kino, Sonora
- Portnoy DS, McDowell JR, McCandless CT, Musicks JA, Graves JE (2009) Effective size closely approximates the census size in the heavily exploited western Atlantic population of the sand bar shark, *Carcharhinus plumbeus*. *Conserv Genet* 10:1697-1705
- Ramp C, Delarue J, Bérubé M, Hammond PS, Sears R (2014) Fin whale survival and abundance in the Gulf of St. Lawrence, Canada. *Endang Species Res* 23:125-132
- Reilly SB, Bannister JL, Best PB, Brown M, Brownell Jr. RL, Butterworth DS, Clapham PJ, Cooke J, Donovan GP, Urbán J, Zerbini AN (2013) *Balaenoptera physalus*. The IUCN Red List of Threatened Species. Versión 2014.3. <[www.iucnredlist.org](http://www.iucnredlist.org)>. Acceso el 18 Noviembre 2014
- Rodríguez J, Ruíz J (2010) Conservación y protección de ecosistemas marinos: conceptos, herramientas y ejemplos de actuaciones. *Ecosistemas* 19:5–23
- Roman J, Palumbi S (2003) Whales before whaling in the North Atlantic. *Science* 301:508-510
- Rossi A, Panigada S, Arrigoni M, Zanardelli M, Cimmino C, Marangi L, Manfredi P, Santangelo G (2014) Demography and conservation of the Mediterranean fin whale

- (*Balaenoptera physalus*): what clues can be obtained from photo-identification data. Theor Biol Forum 107:123-142
- Sanders TA, Trost RE (2013) Use of capture-recapture models with mark-resight data to estimate abundance of Aleutian Cackling Geese. J Wildlife Manage 77:1459-1471
- Seber GAF (1982) The estimation of animal abundance and related parameters, 2nd edn. Griffin, London
- Shrimpton JM, Heath DD (2003) Census vs. effective population size in chinook salmon: large- and small-scale environmental perturbation effects. Mol Ecol 12:2571-2583
- Smith RL, Smith TM (2001) Ecology and Field Biology: Hand-On Field Package, 6th edn. Pearson, New York
- Tershy BR, Breese D, Strong CS (1990) Abundance, seasonal distribution and population composition of Balaenopterid whales in the Canal de Ballenas, Gulf of California, México. En: Hammond PS, Mizroch SA, Donovan GP (eds) Individual Recognition of Cetaceans: Use of Photo-Identification and Other Techniques to Estimate Population Parameters, Report of the International Whaling Commission (Special Issue 12). Cambridge, pp 369-375
- Tershy BR, Urbán-Ramírez J, Breese D, Rojas-Bracho L, Findley LT (1993) Are fin whales residents to the Gulf of California? Revista de Investigación Científica, Universidad Autónoma de Baja California Sur. No. Especial de la SOMMEMA 1:69-72
- Tiedemann R, Cipriano F, Morin PA, Hoelzel AR, Palsbøll P, Waples R, Natoli A, Bachmann L, Postma L, Double M, Pampoulie C, Skaug H, Baker CS, Jackson J (2012) Updated guidelines for DNA data quality control and error rate estimation, for genetic studies relevant to IWC management advice. Report to the Scientific Committee of the International Whaling Commission.
- Tomilin AG (1967) Mammals of the U.S.S.R. and adjacent countries: Volume IX-Cetacea.

Israel Program for Scientific Translations, Jerusalem

Torres-Florez J, Hucke-Gaete R (2012) Isolation and characterization of nine polymorphic microsatellite loci for blue whales (*Balaenoptera musculus*). *Conserv Genet Resour* 4:1023-1025

Urbán J (1996). La población del rorcual común *Balaenoptera physalus* en el Golfo de California. Final Report to the Comisión Nacional para la Biodiversidad CONABIO-B040. CONABIO, México D.F

Urbán J, Mate B, Jaume-Shinkel S, Díaz C, Tershy B, Acevedo-Gutiérrez A, Croll D (2005a) Determination and characterization of fin whale habitat in the Gulf of California. Resúmenes. 16th Biennial Conference on the Biology of Marine Mammals. San Diego, EE.UU

Urbán J, Rojas-Bracho L, Guerrero-Ruiz M, Jaramillo-Legorreta A, Findley L (2005b) Cetacean Diversity and Conservation in the Gulf of California. En: Cartron, J-LE, Ceballos G, Felger RS (eds) *Biodiversity, Ecosystems and Conservation in Northern Mexico*. Oxford University Press, Oxford, pp 276-297

Valière N (2002) GIMLET: a computer program for analyzing genetic individual identification data. *Mol Ecol Notes* 2: 377-379

Valsecchi E, Amos W (1996) Microsatellite markers for the study of cetacean populations. *Mol Ecol* 5:151-156

Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Shipley P (2004) Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol Ecol Notes* 4: 535

Viloria L, Rosales H, Heckel G, Gendron D, Pérez H, Urrutia F, Urbán J (2016) Patrones de residencia y estimación poblacional del rorcual común (*Balaenoptera physalus*) en el Golfo de California. Resúmenes. XXXV Reunión Internacional para el Estudio de los



Mamíferos Marinos. La Paz, México

- Wade PR, Kennedy A, LeDuc R, Barlow J, Carretta J, Shelden K, Perryman W, Pitman R, Robertson K, Rone B, Salinas JC, Zerbini A, Brownell Jr RL, Clapman PJ (2010) The world's smallest whale population?. *Biology Lett* 7: 83-85
- Waples RS (2005) Genetic estimates of contemporary effective population size: to what time periods do the estimates apply?. *Mol Ecol* 14:3335-3352
- Waples RS, Antao T, Luikart G (2014) Effects of overlapping generations on linkage disequilibrium estimates of effective population size. *Genetics* 197:769-780
- Wang J (2005). Estimation of effective population sizes from data on genetic markers. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 360:1395-1409
- Wilkinson T, Wiken E, Bezaury J, Hourigan T, Agardy T, Herrmann H, Janishevski L, Madden C, Morgan L, Padilla M (2009) Ecorregiones marinas de América del Norte. Comisión para la Cooperación Ambiental, Montreal, Canadá

### Anexo 1

Número total de muestras, incluyendo recapturas intra e interanuales, genotipadas de la población de rorqual común del Golfo de California. También se muestra la localidad de colecta, el año y el periodo en el que se incluyeron para este estudio.

| N° de muestras | Localidad            | Año  | Periodo       |
|----------------|----------------------|------|---------------|
| 1              | Loreto               | 1996 | CICIMAR P2008 |
| 1              | Loreto               | 2004 | CICIMAR P2008 |
| 1              | Calamajue            | 2005 | CICIMAR P2008 |
| 2              | Loreto               | 2006 | CICIMAR P2008 |
| 8              | Loreto               | 2007 | CICIMAR P2008 |
| 1              | Puerto Refugio       | 2007 | CICIMAR P2008 |
| 2              | Isla San José        | 2007 | CICIMAR P2008 |
| 16             | Bahía de la Paz      | 2007 | CICIMAR P2008 |
| 1              | Islas Encantadas     | 2007 | CICIMAR P2008 |
| 5              | Bahía de la Paz      | 2008 | CICIMAR 2008  |
| 1              | Loreto               | 2008 | CICIMAR 2008  |
| 22             | Islas Encantadas     | 2008 | UABC2008      |
| 1              | Bahía de los Ángeles | 2008 | UABC2008      |
| 5              | Canal de Ballenas    | 2008 | UABC2008      |
| 3              | Puerto Refugio       | 2008 | UABC2008      |
| 1              | Loreto               | 2008 | UABC2008      |
| 9              | Bahía de los Ángeles | 2010 | UABC2010      |
| 10             | Canal de Ballenas    | 2010 | UABC2010      |
| 7              | Islas Encantadas     | 2010 | UABC2010      |
| 6              | Isla Rasa            | 2010 | UABC2010      |
| 1              | Calamajue            | 2010 | UABC2010      |
| 1              | Bahía de la Paz      | 2010 | UABC2010      |
| 1              | Loreto               | 2010 | UABC2010      |
| 1              | Puerto Refugio       | 2010 | UABC2010      |
| 2              | Bahía de los Ángeles | 2012 | UABC2012      |
| 3              | Calamajue            | 2012 | UABC2012      |
| 18             | Canal de Ballenas    | 2012 | UABC2012      |

## Anexo 2

Condiciones de amplificación para los microsatélites utilizados para el genotipado de muestras de rorcuales común del Golfo de California. Se indica el fluorocromo (FAM, VIC, NED, PET (Applied Biosystems); directo\* o con etiquetado universal) con el que se marcaron los productos de PCR, el tamaño reportado y el programa empleado en el termociclador.

| Locus                  | Fluorocromo | Tamaño Rep. | Programa  |
|------------------------|-------------|-------------|-----------|
| D1rFCB017 <sup>f</sup> | Fam*        | 220-240     | MSAT1737  |
| GT023 <sup>a</sup>     | Fam*        | 112-138     | MSAT1737  |
| TAA023 <sup>b</sup>    | Ned         | 82-100      | MSAT1737  |
| GATA028 <sup>b</sup>   | Fam         | 184-236     | MSAT1737  |
| di34 <sup>e</sup>      | Fam*        | 173         | MSAT1737  |
| Ev037 <sup>c</sup>     | Fam*        | 178-224     | MSAT1737  |
| di40 <sup>e</sup>      | Fam*        | 195         | MSAT1737  |
| AC045 <sup>d</sup>     | Ned*        | 187-199     | MSAH1737  |
| GATA053 <sup>b</sup>   | Ned*        | 180-220     | MSAH1737  |
| CAAA074 <sup>d</sup>   | Ned*        | 143         | MSAT1737  |
| AC082 <sup>d</sup>     | Ned*        | 123         | MSAT1737  |
| AC087 <sup>b</sup>     | Vic*        | 152-160     | MSAT1737  |
| GATA098 <sup>b</sup>   | Fam*        | 104-132     | MSAT1737  |
| GT122 <sup>d</sup>     | Vic*        | 151-167     | MSAH1737  |
| GT129 <sup>d</sup>     | Fam*        | 96-104      | MSAH1737  |
| AC137 <sup>d</sup>     | Vic*        | 97-149      | MSATS48T* |
| CA141 <sup>d</sup>     | Fam*        | 173-187     | MSAT1737  |
| GT142 <sup>d</sup>     | Pet         | 72-90       | MS172882  |
| GT195 <sup>a</sup>     | Pet         | 158-176     | MSAT1737  |
| GT211 <sup>a</sup>     | Pet         | 193-213     | MSAT1737* |
| GT227 <sup>g</sup>     | Fam*        | 114-120     | MSAH1737  |
| CA232 <sup>d</sup>     | Ned*        | 139-167     | MSAT1737  |
| CA234 <sup>d</sup>     | Fam*        | 187-219     | MSAH1737  |
| GT307 <sup>a</sup>     | Pet         | 121-139     | MSATS48T* |
| ACCC392 <sup>b</sup>   | Vic*        | 235-295     | MSAT1737* |
| GATA417 <sup>b</sup>   | Ned*        | 251-271     | MSAT1737  |
| GT575 <sup>a</sup>     | Vic*        | 140-154     | MSAT1737  |
| TGAA610 <sup>d</sup>   | Fam         | 126-138     | MSAT1737  |

<sup>a</sup> Bérubé *et al.* 1998; <sup>b</sup> Palsboll *et al.* 1999; <sup>c</sup> Valsecchi y Amos 1996; <sup>d</sup> Bérubé *et al.* 2002; <sup>e</sup> Torres-Florez *et al.* 2012; <sup>f</sup> Buchanan *et al.* 1996; <sup>g</sup> Bérubé *et al.* 2005.

El buffer B1.5 contenía una concentración de de Tris-HCl 22 mM (pH 8.4), KCl 55 mM, MgCl<sub>2</sub> 1.5 mM y 0.22 mM; mientras que los microsatélites, con un asterisco en el programa, se amplificaron con buffer A1.5 que a diferencia del anterior contenía Tris-HCl 67mM (pH 8.4), β-Mercaptoetanol 10mM y sulfato de amonio 16.7 mM. Las amplificaciones se realizaron en una mezcla de reacción con el buffer correspondiente, 1.2 U de Taq DNA polimerasa recombinante (Invitrogen™) y a partir de 15-30 ng/μl de ADN. La concentración final de los cebadores con marcaje fluorescente directo fue de 0.21 μM, mientras que para los cebadores con marcaje fluorescente indirecto (etiqueta universal) se emplearon las siguientes concentraciones: Etiqueta Universal 0.17 μM (M13), Reverso 0.17 μM y Adelante 0.083 μM (2:2:1).

Anexo 3

Descripción de los perfiles de amplificación utilizados para los microsatélites empleados para el genotipado de las muestras de rorcuai común del Golfo de California.

| Programas                 |                   |               |                             |                          |
|---------------------------|-------------------|---------------|-----------------------------|--------------------------|
|                           | MSAT1737          | MSAH1737      | MSATS48T                    | MS172882                 |
| Desnaturalización inicial | 96° C 2 min       | 94° C 2 min   | 96° C 2 min                 | 94° C 2 min              |
| Primera amplificación     | Desnaturalización | 96° C 1 min   | 96° C 30 seg                | 96° C 20 seg             |
|                           | Alineación        | 52.8° C 1 min | Siete ciclos 52.8° C 30 seg | 25 ciclos 48° C 30 seg   |
|                           | Extensión         | 72° C 1 min   | 72° C 30 seg                | 72° C 30 seg             |
| Segunda amplificación     | Desnaturalización | 90° C 1 min   | 90° C 20 seg                | 95° C 20 seg             |
|                           | Alineación        | 53.3° C 1 min | 25 ciclos 53.3° C 30 seg    | Ocho ciclos 50° C 30 seg |
|                           | Extensión         | 72° C 1 min   | 72° C 30 seg                | 72° C 30 seg             |
| Extensión final           |                   | 70° C 5 min   | 70° C 10 min                | 70° C 5 min              |
|                           |                   |               |                             | 70° C 15 min             |

## Anexo 4

Factores de conversión utilizados para extrapolar el tamaño efectivo al censal.

Para extrapolar  $N_e$  a tamaño censal se utilizó la siguiente fórmula:

$$N_c = N_e * a * b$$

donde:

$N_e$ : Datos de tamaño efectivo obtenidos por medio de NeEstimator

a: Proporción de adultos reproductivamente activos y adultos reproductivos no activos

Valor mínimo: 1.02  
 Valor máximo: 2.5  
 Media: 1.25  
 Distribución: log normal

Literatura revisada:

| Estudio                | Datos                                                                     |
|------------------------|---------------------------------------------------------------------------|
| Aguilar et al. (1988)  | 3.1% de la población adulta es senescente                                 |
| Nunney y Elam (1994)   | Proporción $N_e/N$ para grandes mamíferos: 0.6-0.85                       |
| Roman y Palumbi (2003) | Reportan una proporción de 2.0 para la mayoría de poblaciones en cetáceos |
| Rossi et al. (2014)    | 16.3% de adultos reproductivos<br>0.4% de senescentes                     |

b: Proporción de adultos maduros e inmaduros

Valor mínimo: 1.14  
 Valor máximo: 2.7  
 Media: 1.42  
 Distribución: log normal

Proporciones:  
 $19/29.4 = 1.65$   
 $12.26/87.73 = 1.14$   
 $48.19/51.81 = 1.93$   
 $63.6/36.4 = 2.75$   
 $30/70 = 1.43$

## Literatura revisada:

| Estudio                  | Datos                                                                                                                     |
|--------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Brinkmann (1948)         | 19% de individuos inmaduros<br>29.4% de individuos maduros<br>21.67% de hembras inmaduras del total de hembras capturadas |
| Rossi et al. (2014)      | 12.26% de individuos inmaduros<br>87.73% de individuos maduros                                                            |
| Aguilar et al. (1988)    | 48.19% de individuos inmaduros<br>51.81% de individuos maduros                                                            |
| Aguilar y Lockyer (1987) | 63.6% de individuos inmaduros<br>36.4% de individuos maduros                                                              |
| Roman y Palumbi (2003)   | Reportan una proporción de 1.5 – 2.0, basado en datos de ballena gris, jorobada y boreal                                  |
| Ramp et al. (2014)       | 30% de hembras inmaduras<br>70% de hembras maduras: 20% en reposo, 25% en lactancia y 25% embarazadas                     |

## **SUMARIO Y RECOMENDACIONES FINALES**

- Con base en el conjunto de datos genéticos analizados en el presente estudio, no existe evidencia de una reducción en la abundancia de la población de Ballena de aleta en el Golfo de California, México.
- Las distintas aproximaciones empleadas fueron congruentes entre sí y arrojaron una estimación del tamaño poblacional de alrededor de 350 individuos, valor muy similar al reportado en la década de los 90's y al tamaño histórico de la población.
- La estabilidad en la abundancia de este misitico permite inferir que aparentemente no han ocurrido cambios oceanográficos o antropogénicos de gran escala en los últimos años en el Golfo de California.
- Este trabajo devela tan solo una pequeña ventana temporal de la tendencia demográfica de esta población, por lo que es importante seguir recolectando información que ayude a conocer con detalle aspectos como la estructura de edades, los niveles de parentesco, la proporción de sexos y la presencia de segregación o uso diferencial del hábitat. El conocimiento de estos y otros aspectos sin duda permitirán conocer con mayor precisión la relación  $N_e/N_c$  y delinear los factores que influyen de manera más importante en esa razón.