

Universidad Autónoma de Baja California

Facultad de Ciencias Marinas

Instituto de Investigaciones Oceanológicas



**Diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina y sus
implicaciones en el manejo de la pesquería**

T e s i s

Que para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para
obtener el grado de

Maestra en Ciencias en Oceanografía Costera

Presenta

Elizabeth Maricza Soto González

Ensenada, Baja California, México. Diciembre del 2021

Facultad de Ciencias Marinas
Instituto de Investigaciones Oceanológicas
Posgrado en Oceanografía Costera

**Diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina y sus
implicaciones en el manejo de la pesquería**

T e s i s

Que para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de

Maestra en Ciencias En Oceanografía Costera

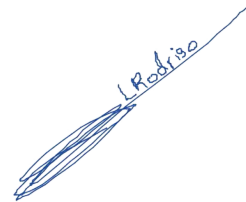
Presenta

Elizabeth Maricza Soto González

Aprobada por:



Dr. Luis Manuel Enríquez Paredes
Director de tesis



M.C. Luis Rodrigo Arce Valdés
Co-Director de tesis



M.C. Martha Judith Román Rodríguez
Sinodal



M.C. Héctor Alfonso Licon González
Sinodal

Diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina y sus implicaciones en el manejo de la pesquería

Soto-González, E.M.

Resumen

Durante las últimas dos décadas, la curvina golfina (*Cynoscion othonopterus*) ha representado la pesquería de escama más importante del Alto Golfo de California. Pese a que su captura está regulada, las evidencias de sobreexplotación y el incremento de la pesca ilegal en la zona han generado una creciente preocupación respecto a su estado de conservación. Si bien, la diversidad neutral del ADN nuclear ha sugerido que el tamaño efectivo poblacional (N_e) de la especie no representa un factor de riesgo a corto plazo. Es necesario confirmar tal supuesto a partir del ADN mitocondrial, dado que este es más sensible a los efectos de la deriva genética. En este estudio, se evaluó la diversidad genética, el N_e y la historia demográfica de la especie a partir de secuencias mitocondriales de 1,717 individuos provenientes de la pesquería. La diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina resultó ser la más baja reportada para los sciánidos, pero sin evidencia de cambios temporales. El escenario demográfico con mayor sustento indicó un evento de expansión reciente, contrastando con el aparente colapso poblacional en la década de los 60's. Las estimaciones de N_e coinciden con estudios previos en que, aunque la diversidad genética no está comprometida en el corto plazo, el N_e representa una fracción mínima del tamaño censal. En conjunto, los resultados sugieren que, a pesar de que la especie es muy abundante, la varianza en el éxito reproductivo podría ser el factor que incida en la pérdida de diversidad de la especie a largo plazo. Se recomienda mantener la categoría de conservación de la especie como "vulnerable" y concentrar esfuerzos en la erradicación de la pesca ilegal, así como en la diversificación de las pesquerías de la región como estrategia para alcanzar la sustentabilidad.

Palabras clave: curvina golfina, ADN mitocondrial, tamaño efectivo poblacional, historia demográfica, expansión reciente.

Resumen aprobado por:



Dr. Luis Manuel Enríquez Paredes

Director de tesis

Mitochondrial genetic diversity of the gulf corvina and its implications in the management of the fishery

Soto-González, E.M.

Abstract

During the last two decades, the gulf corvina (*Cynoscion othonopterus*) has represented the most important fin fishery in the Upper Gulf of California. Despite the fact that its capture is regulated, the evidence of overexploitation and the increase in illegal fishing in the area have generated growing concern regarding its conservation status. Nevertheless, neutral diversity of nuclear DNA has suggested that the effective population size (N_e) of the species does not represent a risk factor in the short-term. This assumption needs to be confirmed with mitochondrial DNA, because it is more sensitive to the effects of genetic drift. In this study, the genetic diversity, N_e and demographic history of the species were evaluated from mitochondrial sequences of 1,717 individuals from the fishery. Mitochondrial genetic diversity of the gulf corvina was found to be the lowest reported for sciaenids, but with no evidence of temporal changes. The most supported demographic scenario indicated a recent expansion event, contrasting with the apparent population collapse of the 1960s. The N_e estimates agree with previous studies in that, although genetic diversity is not compromised in the short term, N_e represents a minimal fraction of the census size. Altogether, our results suggest that, although the species is very abundant, variance in reproductive success could be the factor influencing the loss of diversity of the species in the long-term. It is recommended to maintain the conservation category of the species as "vulnerable" and to concentrate efforts on the eradication of illegal fishing, as well as on the diversification of the region's fisheries as a strategy to achieve sustainability.

Keywords: gulf corvina, mitochondrial DNA, effective population size, demographic history, recent expansion.

Abstract approved by:



Dr. Luis Manuel Enríquez Paredes

Director de tesis

Dedicatoria

Esta tesis, fruto de años de esfuerzo, aprendizaje y experiencias, se la dedico a la vida por permitirme cerrar esta etapa y por haber puesto en mi camino a personas tan increíbles y que han sido mi principal soporte para alcanzar esta meta.

Al Dr. **Luis Manuel Enríquez Paredes** y al M.C. **Luis Rodrigo Arce Valdés** por darme la oportunidad de adentrarme en el mundo de la genética de poblaciones y permitirme creer que había un lugar para mí en él. Por siempre confiar en mí y en mi trabajo, incluso más que yo. Agradezco enormemente su asesoría, sus enseñanzas, su dedicación, sus consejos, su guía y su gran apoyo, por estar siempre al pendiente y disponibles en todas las etapas del proyecto. No tengo palabras para agradecerles todo lo bueno que han significado en mi vida, mi más sincera admiración para ustedes como investigadores-profesores y por la calidad de personas que son.

Este logro también es de ustedes.

Agradecimientos

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, por el apoyo económico brindado para la realización de estudios de Maestría, a través de la beca 1006852.

A la Facultad de Ciencias Marinas, el Instituto de Investigaciones Oceanológicas y al Posgrado de Oceanografía Costera, muy especialmente al Laboratorio de Ecología Molecular, por brindarme un espacio para mi desarrollo profesional y personal. Gracias a todos sus investigadores, cuerpo académico, técnicos y administrativos comprometidos con la ciencia y la formación de futuros científicos.

A mis sinodales, la M.C. Martha J. Román Rodríguez y el M.C. Héctor A. Licón González, por haber aceptado ser parte de este proyecto y que con sus atinadas observaciones ayudaron a pulir este trabajo.

A todas las personas que contribuyeron con la toma de muestras, su ayuda fue fundamental para el proyecto: A las cooperativas pesqueras e Santa Clara (Sonora) y San Felipe (Baja California), a Pedro Méndez de Pescadería Méndez y a Environmental Defense Fund (EDF) - México por el apoyo durante el muestreo y recolección de datos.

A Nelva Victoria, por su invaluable guía y asesoría durante mi integración al Laboratorio de Ecología Molecular, especialmente por todo el apoyo que me brindó para terminar los análisis de laboratorio que forman parte de este proyecto de investigación.

A mi familia, por el apoyo incondicional que siempre me han mostrado, especialmente desde que estoy lejos. A mi papá, Roberto Soto, por creer siempre en mí, por darme la libertad y el apoyo para ser quien yo quiero ser. A mi mamá, Anastasia González, por escucharme y guiarme con amor, por ser ejemplo de fortaleza. A mi hermana, Yaqueline Soto, confidente y compañera de vida, gracias por siempre darme tanto, aun a la distancia. Gracias por tu amor incondicional, por tu sentido del humor, por siempre preocuparte por mí, por escucharme, cuidarme y aceptarme tal cual soy. Gracias por el sobrino tan maravilloso que me has regalado, Gael, nuestro amor chiquito y fuente de motivación, los amo infinito. Gracias a todos los miembros de la familia que me motivaron y apoyaron.

A mi otra familia, la que me ha acompañado desde hace ya más de 9 años y la que me ha visto crecer tanto profesional como personalmente. Linda, Julieta, Denice, Esperanza, Mariana, Roxana: gracias por ser las mujeres fuertes e independientes que han sabido ser y estar para mí, compartiendo su conocimiento, amistad y compañía, por las incalculables e inolvidables experiencias compartidas.

A mis amigas, colegas y socias, sin ustedes el colectivo científico *Pro Océano, mares y costas resilientes*, no sería una realidad.

A mis amigos, los ecólogos moleculares, Roberto y Graciela, con los que no tuve oportunidad de compartir un salón de clases, pero que me han brindado su apoyo incondicional en mi travesía por temas tan complejos. Ustedes han sido parte importante de mi crecimiento profesional estos últimos tres años, gracias por compartir su conocimiento y experiencia conmigo. Grace, gracias por ser mi voluntaria número uno en *Pro Océano* y, sobre todo, por nuestras sesiones de terapia llenas de honestidad, consejos y emociones encontradas, por escuchar y saber estar en los momentos difíciles.

Al Dr. José Luis Soto, por devolverme la vida, estaré siempre en deuda contigo y lo sabes. Gracias infinitas por ser ejemplo de fortaleza, unión y motivación, por el cariño, por las memorias y las lecciones compartidas.

A todos aquellos a los que he tenido gusto de conocer y con los que he compartido este camino lleno de ciencia. Los agradecimientos son los que escribes al final, pero se van construyendo desde antes de empezar; porque los logros, no se consiguen en soledad, siempre hay personas que te inspiran, motivan y animan en el recorrido, a todos, gracias.

*Se como el fitoplancton,
muévete en tu entorno en escalas de tiempo y de espacio diferente.
Migra si es necesario para buscar lugares óptimos para vivir y desarrollarte.
Aprovecha adecuadamente los recursos que se te ofrecen,
procura mantenerte cerca de la luz para llenarte de energía y
transformarla en productos positivos para tu crecimiento.
Recuerda que en la obscuridad también hay vida, pero las condiciones son extremas...*
Mary Carmen Ruiz de la Torre, 2017.

Tabla de contenido

Resumen.....	II
Abstract.....	III
Dedicatoria.....	III
Agradecimientos.....	V
Prólogo	IX

Contenido del manuscrito en formato de publicación científica

1. Página titular	1
2. Abstract.....	2
3. Resumen	3
4. Introducción	4
5. Material y métodos.....	9
5.1 Obtención de las muestras.....	9
5.2 Aislamiento, amplificación y secuenciación del ADN	10
5.3 Análisis de datos	10
5.3.1 Diversidad y diferenciación genética entre temporadas de pesca	10
5.3.2 Historia demográfica.....	11
5.3.3 Magnitud y temporalidad del cambio demográfico	13
5.3.4 Estimación del tamaño efectivo	14
5.3.5 Tendencia histórica poblacional.....	16
6. Resultados	17
6.1 Diversidad y diferenciación genética entre temporadas de pesca	17
6.2 Historia demográfica.....	18
6.3 Magnitud y temporalidad relativa del cambio demográfico	18
6.4 Estimación del tamaño efectivo y tendencia demográfica	19
7. Discusión	20
7.1 Fluctuaciones en el tamaño poblacional	25
7.2 Sesgo en el éxito reproductivo	28
7.3 Implicaciones en el manejo de la pesquería	29
8. Agradecimientos.....	33
9. Referencias.....	34

10.	Pies de figura	48
11.	Lista de tablas.....	49
12.	Lista de figuras.....	51
13.	Material suplementario (Anexos)	54
13.1	Anexo A	54
13.2	Anexo B	59
13.3	Anexo C	61
13.4	Anexo D	65
13.5	Anexo E	70
13.6	Anexo F.....	73
13.7	Anexo G	76
	Consideraciones finales y trabajo a futuro	798

Prólogo

La presente tesis de maestría, titulada “Diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina y sus implicaciones en el manejo de la pesquería”, se realizó de forma paralela y complementaria a los proyectos de investigación que se desarrollan en el Laboratorio de Trazabilidad Genética de la Unidad de Biotecnología en Piscicultura y el Laboratorio de Ecología Molecular, en la Facultad de Ciencias Marinas de la Universidad Autónoma de Baja California: “Innovaciones tecnológicas para la conservación y reproducción de peces marinos con énfasis en totoaba (*Totoaba macdonaldi*)” y “Análisis genético forense y poblacional de especies marinas de importancia comercial o catalogadas como vulnerables o en riesgo”.

En este trabajo se llevó a cabo una reevaluación de los niveles de diversidad genética de la población silvestre de la curvina golfina, pez endémico de la porción norte del Golfo de California y que sostiene la pesquería de escama más importante para la región. Dicha pesquería, pese a su importancia económica, se ha visto envuelta en una serie de conflictos sociales-político-económicos relacionados con las restricciones a la pesca en respuesta a la situación de la captura ilegal de totoaba y el riesgo de extinción de la vaquita marina. Esto ha generado un aumento en las prácticas pesqueras insostenibles que, aunado a ciertas características de la historia de vida de la especie, han generado preocupación ante un posible colapso pesquero y el consecuente impacto económico y social que traería a las comunidades pesqueras de la región. Debido a que el tamaño efectivo del genoma mitocondrial es cuatro veces menor que el del genoma nuclear, este es mucho más sensible

a los efectos de la deriva genética y los eventos de cuello de botella poblacionales. Es por ello que se estimó la diversidad genética, los tamaños efectivos histórico y contemporáneo, y la historia demográfica de la población de curvina golfina con base en la secuencia de la región control mitocondrial de ejemplares obtenidos principalmente de la pesca comercial durante la última década. Con los resultados obtenidos se pretende contribuir en la integración de la información científica disponible sobre la tendencia poblacional y las estimaciones del tamaño efectivo de la población en el estado actual de conservación de la especie. Además, se espera proporcionar datos que permitan orientar la toma de decisiones para promover el aprovechamiento sostenible de esta pesquería y establecer la línea base para monitorear los niveles de diversidad y los cambios en el tamaño efectivo de la población de curvina golfina.

Como parte de los requisitos del Programa de Maestría en Ciencias en Oceanografía Costera, se ha integrado el proyecto de investigación en un manuscrito con formato de publicación científica, el cual ha sido revisado y avalado por todos los miembros del comité de tesis. El manuscrito se preparó siguiendo los lineamientos requeridos para ser sometido a la revista científica *Ciencias Marinas* publicada por la Universidad Autónoma de Baja California. Las publicaciones en *Ciencias Marinas* son principalmente investigaciones originales en todas las áreas de las ciencias del mar incluyendo las disciplinas de genética de la conservación y biología pesquera. Tópicos que se alinean con el objetivo del proyecto de investigación aquí mostrado.

1. Página titular

Mitochondrial genetic diversity of the gulf corvina and its implications for fishery management

Diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina y sus implicaciones en el manejo de la pesquería

Elizabeth Maricza Soto-González¹, Luis Rodrigo Arce-Valdés², Martha Judith Román-Rodríguez³, Héctor Alfonso Licón-González⁴, Luis Manuel Enríquez-Paredes^{1*},

¹ Facultad de Ciencias Marinas, Universidad Autónoma de Baja California, Carretera Ensenada-Tijuana N. 3917, Zona Playitas, C.P. 22860, Ensenada, B.C., México.

² Instituto de Ecología A.C., Red de Biología Evolutiva, Xalapa Veracruz, México.

³ Comisión de Ecología y Desarrollo Sustentable del Estado de Sonora, San Luis Rio Colorado, Sonora 83440, México.

⁴ Environmental Defense Fund de México A.C., Revolución No. 345, E/5 de Mayo y Constitución, Col. Centro, La Paz, Baja California Sur 23000, México.

*Autor de correspondencia

Email: lmendoza@uabc.edu.mx

Tel: +52 1 646 194 5305

22 **2. Abstract**

23 During the last two decades, the gulf corvina has represented the most important fin
24 fishery in the Upper Gulf of California. Although its capture is regulated, evidence of
25 overexploitation and increased illegal fishing in the area has generated growing concern
26 regarding its conservation status. However, the neutral diversity of nuclear DNA has
27 suggested that the effective population size (N_e) of the species does not represent a risk
28 factor in the short-term. This assumption needs to be confirmed with mitochondrial DNA,
29 because it is more sensitive to the effects of genetic drift. In this study, the genetic
30 diversity, N_e and demographic history of the species were evaluated from mitochondrial
31 sequences of 1,717 individuals from the fishery. The mitochondrial genetic diversity of
32 the gulf corvina was found to be the lowest reported for scianids, but with no evidence of
33 temporal changes. The most supported demographic scenario indicated a recent expansion
34 event, contrasting with the apparent population collapse in the 1960s. The N_e estimates
35 agree with previous studies in that, although genetic diversity is not compromised in the
36 short term, N_e represents a minimal fraction of the census size. Taken together, the results
37 suggest that, although the species is very abundant, variance in reproductive success could
38 be the factor influencing the loss of diversity of the species in the long-term. It is
39 recommended to maintain the conservation category of the species as "vulnerable" and to
40 concentrate efforts on the eradication of illegal fishing, as well as on the diversification of
41 the regions fisheries as a strategy to achieve sustainability.

42 **Keywords:** gulf corvina, mitochondrial DNA, effective population size, demographic
43 history, recent expansion.

44 3. Resumen

45 Durante las últimas dos décadas, la curvina golfina ha representado la pesquería de escama
46 más importante del Alto Golfo de California. Pese a que su captura está regulada, las
47 evidencias de sobreexplotación y el incremento de la pesca ilegal en la zona han generado
48 preocupación respecto a su estado de conservación. Si bien, la diversidad del ADN nuclear
49 ha sugerido que el tamaño efectivo poblacional (N_e) de la especie no representa un factor
50 de riesgo a corto plazo. Es necesario confirmar tal supuesto a partir del ADN mitocondrial,
51 dado que este es más sensible a los efectos de la deriva genética. Para tal efecto, se evaluó
52 la diversidad genética, el N_e y la historia demográfica de la especie a partir de secuencias
53 mitocondriales de 1,717 individuos provenientes de la pesquería. La diversidad genética
54 mitocondrial de la curvina golfina no presentó cambios temporales, pero resultó ser la más
55 baja reportada para los sciánidos. El escenario demográfico con mayor sustento indicó un
56 evento de expansión reciente, contrastando con el aparente colapso poblacional en la
57 década de los 60's. Las estimaciones de N_e coinciden con estudios previos en que, aunque
58 la diversidad genética no está comprometida en el corto plazo, el N_e representa una
59 fracción mínima del tamaño censal. En conjunto, los resultados sugieren que, a pesar de
60 que la especie es muy abundante, la varianza en el éxito reproductivo podría ser el factor
61 que incida en la pérdida de diversidad de la especie a largo plazo. Se recomienda mantener
62 la categoría de conservación de la especie como "vulnerable" y concentrar esfuerzos en la
63 erradicación de la pesca ilegal, así como en la diversificación de las pesquerías de la región
64 como estrategia para alcanzar la sustentabilidad.

65 **Palabras clave:** curvina golfina, ADN mitocondrial, tamaño efectivo poblacional, historia
66 demográfica, expansión reciente.

67 **4. Introducción**

68 La sobrepesca es uno de los factores por los que muchas poblaciones de peces comerciales
69 han experimentado drásticos descensos poblacionales (Costello *et al.*, 2012). Además del
70 efecto directo sobre la disponibilidad de los recursos pesqueros, la sobreexplotación puede
71 afectar la composición y variabilidad genética de las poblaciones naturales (Larsson *et al.*,
72 2009), al grado de ocasionar su extinción (Niwa, Nashida y Yanagimoto, 2017). No
73 obstante, es limitada la información sobre la magnitud de los efectos que la sobrepesca
74 puede tener sobre los niveles de diversidad genética, e incluso se ha llegado a sugerir que
75 un colapso pesquero no necesariamente conlleva a la reducción de la variabilidad genética
76 (Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2014). Lo anterior resalta la importancia del estudio de la
77 historia demográfica de las poblaciones y de sus niveles de diversidad genética para el
78 planteamiento de estrategias de conservación a largo plazo y la adecuación de las
79 regulaciones de ordenamiento pesquero, mismas que generalmente se formulan para
80 periodos de tiempo cortos y no consideran el potencial evolutivo de las poblaciones
81 (Lankau *et al.*, 2011).

82 Una métrica crucial para el monitoreo y la conservación de la diversidad genética de las
83 especies es el tamaño efectivo poblacional (N_e ; Nunziata y Weisrock, 2018). Este
84 parámetro representa el número de individuos reproductores efectivos que explican los
85 niveles de variabilidad genética en una población, además, regula las tasas de endogamia,
86 deriva genética y de pérdida de diversidad, por lo que proporciona información sobre el
87 riesgo de extinción y del potencial adaptativo a largo plazo (Frankham, 2005). Un aspecto
88 clave es que en ciencia pesquera N_e se emplea como el análogo evolutivo del tamaño

89 censal de la población (N_c), donde N_c influye fuertemente en las tasas de procesos
90 demograficos y ecologicos como lo es la competencia, la depredacion y las tasas de
91 crecimiento de la población (Ovenden *et al.*, 2015; Waples *et al.*, 2018). Como resultado
92 de observaciones en las que se ha resaltado la susceptibilidad de las especies ante la
93 pérdida de diversidad asociado a valores bajos de N_e en proporción a N_c (Turner *et al.*,
94 2002), existe un interés considerable en estimar la relación N_e/N_c en poblaciones naturales
95 sujetas a un aprovechamiento pesquero (Waples *et al.*, 2018). Poblaciones con altas
96 abundancias poblacionales; como las que conforman las pesquerías marinas, no son
97 inmunes a la perdida de diversidad genética por deriva si presentan una baja razón N_e/N_c
98 (Waples *et al.*, 2018).

99 Pese a la relevancia del parámetro N_e , su estimación en poblaciones naturales es complicada
100 debido a que su estimación directa requiere de muchos parámetros demográficos difíciles
101 de obtener en poblaciones típicas de pesquerías. Esto ha promovido el desarrollo y uso de
102 una amplia gama de estimadores indirectos del tamaño efectivo poblacional mediante
103 marcadores genéticos (Luikart *et al.*, 2010). El poder de resolución que ofrecen los análisis
104 genéticos, en conjunto con la información demográfica disponible, permite obtener
105 estimaciones más precisas sobre la tendencia poblacional y su estabilidad a largo plazo
106 (Nunziata y Weisrock, 2018), incluyendo los cambios en N_e y la temporalidad de eventos
107 demográficos. De esta forma es posible identificar entre la variación normal y la pérdida
108 de diversidad genética asociada a la influencia de factores climáticos, ambientales o
109 antropogénicos (Laikre *et al.*, 2008). Lo anterior representa una herramienta invaluable en

110 la gestión de los recursos naturales con miras a lograr un aprovechamiento sustentable y
111 conservación, particularmente en aquellas poblaciones con signos de sobreexplotación.

112 La curvina golfina (*Cynoscion othonopterus*) es un pez de la familia Sciaenidae, endémica
113 del Golfo de California, México (Bolser *et al.*, 2018). Su distribución geográfica conocida
114 abarca desde el Delta del Río Colorado hasta la Región de las Grandes Islas (Fig. 1a), por
115 lo que se encuentra restringida a la porción alta y central del Golfo de California (Rowell
116 *et al.*, 2017). Históricamente esta especie ha sido uno de los recursos de escama de mayor
117 importancia social para las comunidades del Alto Golfo de California (AGC) y
118 actualmente constituye el segundo producto pesquero más relevante en términos
119 económicos (Román-Rodríguez, 2000; Rodríguez y Bracamonte, 2008; Ruelas-Peña *et*
120 *al.*, 2013), con una producción anual promedio de 4,000 toneladas e ingresos por tres
121 millones de dólares americanos (Erisman *et al.*, 2014).

122 Aunque existe evidencia de que las comunidades costeras prehistóricas que habitaban la
123 región del AGC hacían uso del recurso curvina golfina (Celis-Hernández, 2013; Mitchell
124 *et al.*, 2014) los primeros registros sobre su pesquería indican que fue aprovechada
125 principalmente entre 1917 hasta 1940, con una extracción aproximada de 27 toneladas
126 anuales de peso fresco (Staff of the Bureau of Marine Fisheries, 1949; Román-Rodríguez,
127 2000) pero a inicios de la década de 1960 dejó de aparecer en las capturas y se consideró
128 comercialmente extinta. Sin embargo, el recurso reapareció a inicios de la década de los
129 noventas con incrementos considerables en sus volúmenes de captura (Fig. 1b), los cuales
130 se han mantenido relativamente constantes desde 1998 hasta la fecha, promediando 4,000
131 toneladas anuales (Erisman *et al.*, 2012; Mendivil-Mendoza *et al.*, 2018).

132 Lastimosamente, debido a aspectos inherentes a la historia de vida de la especie así como
133 al incremento de prácticas de pesca insostenibles, en diversos estudios se ha resaltado la
134 vulnerabilidad de la pesquería de la curvina golfina (Erisman *et al.*, 2012; Erisman *et al.*,
135 2014; Ruelas-Peña *et al.*, 2013; Ortiz *et al.*, 2016; Erisman *et al.*, 2020). Su condición de
136 especie endémica, el antecedente de un colapso poblacional por el que se le llegó a
137 considerar comercialmente extinta (Román-Rodríguez, 2000) y el hecho de que la
138 pesquería se realiza sobre sus agregaciones reproductivas, han generado una creciente
139 preocupación respecto a la conservación a largo plazo de este recurso (Erisman *et al.*,
140 2012; Erisman *et al.*, 2014; Ruelas-Peña *et al.*, 2013; Ortiz *et al.*, 2016; Erisman *et al.*,
141 2020). Es por ello que, tanto la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza
142 (International Union for the Conservation of Nature o IUCN, por sus siglas en inglés)
143 como la Asociación Americana de Pesquerías (American Fisheries Society o AFS, por sus
144 siglas en inglés), clasifican a este recurso como vulnerable y con una tendencia decreciente
145 (Musick *et al.*, 2000; Chao y Espinosa-Perez, 2021).

146 Las medidas de conservación de la curvina golfina iniciaron con acuerdos entre
147 autoridades y usuarios de la región. Estas medidas escalaron con la implementación de un
148 área natural protegida en el AGC y la Reserva del Delta del Río Colorado, en 1993, que
149 de forma indirecta protegió al recurso. Posteriormente en la reserva se incluyó una zona
150 de exclusión para proteger el hábitat de desove y cría de la especie (Ortiz *et al.*, 2016;
151 Erisman *et al.*, 2020). Actualmente, esta es la única especie regulada en la región (DOF,
152 2005, 2007, 2012, 2021). Aunque estas medidas de manejo siguen vigentes, se han
153 calificado como restrictivas y su efectividad ha sido cuestionada. Lo anterior

154 principalmente a un aumento notable de la pesca ilegal, no declarada y no reglamentada
155 (pesca INDNR) de la especie durante la última década (Mendivil-Mendoza *et al.*, 2018).
156 La pesca INDNR ha sido impulsada por los precios bajos de la carne que contrastan con
157 el aumento exponencial del valor de las vejigas natatorias en el mercado internacional
158 (EDF, 2015, 2016, 2020; Sadovy de Mitcheson *et al.*, 2019), así como por el aumento en
159 las restricciones impuestas a las pesquerías de la región para proteger a la vaquita marina
160 (*Phocoena sinus*) y combatir la captura ilegal de la totoaba (*Totoaba macdonaldi*),
161 especies también endémicas de la porción norte del Golfo de California, pero
162 categorizadas como en peligro crítico de extinción. La problemática en torno a esta
163 pesquería se ha agravado ante este escenario (Erisman *et al.*, 2020), e incluso se ha
164 reportado que el recurso muestra indicios de sobreexplotación y corre el riesgo de colapsar
165 (Mendivil-Mendoza *et al.*, 2018).

166 El aparente colapso en los años sesenta (Román-Rodríguez, 2000), aunado a los treinta
167 años ininterrumpidos de explotación pesquera sobre el recurso y al incremento de la pesca
168 INDNR (Erisman *et al.*, 2020), resaltan la necesidad de re-evaluar el estado de
169 conservación de la especie y de la inclusión de aproximaciones genéticas para orientar la
170 toma de decisiones en la gestión de este importante recurso pesquero. Si bien en cierto
171 que la abundancia de este recurso se ha mantenido relativamente constante (DOF, 2020),
172 existe incertidumbre en cuanto a los cambios en sus niveles de variabilidad genética y la
173 tendencia temporal de su tamaño efectivo.

174 Las primeras evaluaciones de la diversidad genética de la curvina golfina se llevaron a
175 cabo con un número muy limitado de muestras, pero reportaron niveles bajos de

176 diversidad genética y un aparente cuello de botella (Peñaranda-Gonzalez, 2013; Ríos-
177 Medina, 2012). En contraste, un estudio más reciente realizado con un conjunto de
178 marcadores nucleares más robusto y un tamaño de muestra más grande, sugiere que pese
179 a la baja diversidad genética, no existen factores de riesgo que comprometan la
180 persistencia de la población a corto plazo y que la población no muestra indicios de
181 reducciones drásticas recientes en su tamaño efectivo poblacional (Arce-Valdés, 2018).
182 Dado que el tamaño efectivo del genoma mitocondrial es cuatro veces menor con respecto
183 al genoma nuclear, esto lo vuelve más sensible a los efectos de la deriva genética y a
184 eventos de cuello de botella poblacionales (Hare *et al.*, 2011). Es por ello que el objetivo
185 del presente estudio es estimar los tamaños efectivos histórico y contemporáneo, así como
186 inferir la historia demográfica de la población de curvina golfina con base en una muestra
187 representativa de secuencias mitocondriales obtenidas de la captura comerciales de la
188 última década. De esta forma se busca aportar información sobre la tendencia poblacional
189 y las implicaciones de las estimaciones del tamaño efectivo con respecto al manejo de la
190 pesquería y el estado de conservación de la especie.

191 **5. Material y métodos**

192 **5.1 Obtención de las muestras**

193 Se recolectaron muestras de 1,717 ejemplares de curvina golfina capturados en la región
194 del AGC entre 2008 y 2020 (Tab. 1). A disponibilidad, se tomaron muestras a partir de
195 tejido muscular, epitelio interespinal de las aletas o vejiga natatoria y se preservaron a -
196 20°C hasta la extracción del ADN. Se incluyeron solamente individuos de entre 55-65 cm

197 de longitud total (25 - 30 cm de longitud del buche), buscando representar principalmente
198 la clase de edad de 4 años (Gherard *et al.*, 2013; Bolser *et al.*, 2018).

199 **5.2 Aislamiento, amplificación y secuenciación del ADN**

200 Para extraer y aislar el ADN genómico se usó el protocolo universal rápido de sales
201 descrito por Aljanabi y Martinez (1997). El primer bloque hipervariable de la región
202 control mitocondrial (RC-ADNmt) se amplificó mediante PCR utilizando dos cebadores
203 diseñados para el presente estudio; CoRC-F (5'-GCCGGTCTTGTAACCGGA-3') y
204 CoRC-R (5'-TGTCCTCACCTTCAATAGTCG-3'). Estos flanquean una región
205 aproximada de 420-pb entre el ARN de transferencia para prolina (tRNA-Pro) y el bloque
206 central conservado de la región control (Kocher *et al.*, 1989). Las reacciones de PCR se
207 llevaron a cabo a partir de 15-25 ng de ADN en un volumen de 25 µl de amortiguador de
208 amplificación estándar (Tris-HCl) con una concentración final de 1.1x, 3 mM de MgCl₂,
209 0.32 µM de cada cebador y 1.2 U de TaqADN polimerasa por reacción.

210 El perfil de PCR consistió en una incubación inicial a 94°C durante 4 min, seguida de 30
211 ciclos de desnaturalización a 94°C durante 30 s, 30 s de hibridación a 52°C y 90 s de
212 extensión a 72°C, y finalizando con 7 min de extensión a 70°C. Los productos de PCR se
213 purificaron y secuenciaron en un laboratorio comercial (SeqXcel, Inc., San Diego, CA,
214 EE. UU.) en un secuenciador automático ABI Prism 3730 (Applied Biosystems, Foster
215 City, CA, EE. UU.).

216 **5.3 Análisis de datos**

217 **5.3.1 Diversidad y diferenciación genética entre temporadas de pesca**

218 Los electroferogramas obtenidos se ensamblaron, revisaron y editaron utilizando
219 ChromasPro Ver. 2.6.6 (Technelysium, South Brisbane, QLD, Australia) y las secuencias

220 editadas se alinearon mediante el algoritmo ClustalW implementado en MEGA X (Kumar
221 *et al.*, 2018). La identificación de haplotipos, así como sus frecuencias absolutas y
222 relativas se calcularon en DnaSP Ver. 6.12.03 (Rozas *et al.*, 2017). Los índices de
223 diversidad genética haplotípica (h) y nucleotídica (π_n) globales y por año de muestreo se
224 estimaron en Arlequin Ver 3.5.1.2 (Excoffier y Lischer, 2010). Además, se calculó la
225 riqueza haplotípica (H_r) con el programa Contrib Ver 1.4 (Petit *et al.*, 1998), que
226 compensa por las disparidades en el muestreo.

227 La diferenciación genética interanual se examinó mediante un análisis jerárquico de
228 varianza molecular (AMOVA) a través de los índices de fijación F_{ST} basado en la
229 frecuencia de los haplotipos y su análogo Φ_{ST} que considera además las distancias
230 genéticas entre estos (Excoffier *et al.*, 1992). La distancia genética se estimó empleando
231 el modelo de Tamura de 3 parámetros con corrección para el parámetro gamma (T92+G;
232 G=0.25) el cual fue seleccionado como el mejor modelo evolutivo con base en el Criterio
233 de Información Bayesiana en MEGA X. La significancia de las pruebas de diferenciación
234 se evaluó a través de 10,000 permutaciones del conjunto original de datos. Los análisis de
235 diversidad genética se detallan en el Anexo A.

236 **5.3.2 Historia demográfica**

237 La historia demográfica de la curvina golfina se exploró a través de diferentes
238 aproximaciones. En primer lugar, se realizó el análisis de distribución de diferencias
239 pareadas entre secuencias (DDP; Ray *et al.*, 2003; Excoffier, 2004; Rogers y Harpending,
240 1992) usando DnaSP y Arlequin. Típicamente una distribución de frecuencias unimodal
241 describe a poblaciones que han experimentado una expansión en el pasado reciente,

242 mientras que una distribución multimodal refleja poblaciones en equilibrio demográfico
243 (Stopar *et al.*, 2010). El análisis preliminar se realizó usando DnaSP, donde se simularon
244 eventos de expansión, de reducciones entre 3 a 3,000 veces y de equilibrio demográfico
245 (Rogers y Harpending, 1992). Posteriormente, en Arlequin, el ajuste entre la distribución
246 de las frecuencias observadas y las esperadas bajo un escenario de expansión súbita se
247 evaluó a través de la suma de diferencias cuadradas (SDC) y el índice de irregularidad de
248 Harpending (r), cuyas significancias se evaluaron con base en los parámetros derivados
249 de 10,000 permutaciones. En el Anexo B se muestran a detalle los análisis de DDP hechos
250 en DnaSP y Arlequin.

251 Los estadísticos D de Tajima (Tajima, 1989) y F_s de Fu (Fu, 1997) se calcularon también
252 en Arlequin. Estas pruebas permiten examinar las desviaciones que tienen marcadores
253 neutrales del comportamiento esperado en un escenario de equilibrio deriva-mutación.
254 Valores negativos y significativos son reflejo de procesos de expansión demográfica,
255 mientras que valores positivos significativamente distintos a cero corresponden a procesos
256 de reducción en el tamaño poblacional.

257 Finalmente, se construyó una red de haplotipos de mínima dispersión (Bandelt *et al.*, 1999;
258 Bandelt *et al.*, 2000) en PopART (Leigh y Bryant, 2015). Estas redes son informativas de
259 los procesos demográficos a lo largo de la historia evolutiva de las poblaciones; topologías
260 con forma de estrella o radiadas, con un haplotipo central con frecuencia alta en la
261 población, son característicos de poblaciones con una expansión reciente (Posada y
262 Crandall, 2001).

5.3.3 Magnitud y temporalidad del cambio demográfico

Para evaluar la magnitud del cambio poblacional se compararon los niveles diversidad genética actual ($\theta_{act} = 2N_{act}\mu$) y ancestral ($\theta_{anc} = 2N_{anc}\mu$), parámetros demográficos compuestos que están en función del tamaño poblacional (N) y la tasa de mutación (μ). Bajo el supuesto de que la tasa de mutación es constante, la magnitud de cambio en el tamaño poblacional ($N_{act/anc}$) puede estimarse a través de la razón $\theta_{act}/\theta_{anc}$; contracciones poblacionales exhibirán valores <1 , mientras que las expansiones demográficas >1 .

Como primera aproximación se emplearon los parámetros demográficos derivados del análisis de distribución de diferencias pareadas (DDP) entre secuencias realizado en Arlequin y se complementó mediante inferencias realizadas en el programa Migrate Ver 0.5.4.1 (Rousset *et al.*, 2018). Este software utiliza algoritmos coalescentes para el análisis de superficie de máxima verosimilitud (SMV) de datos genéticos poblacionales, realizando un muestreo de importancia sobre las historias coalescentes para estimar los valores θ_{act} y θ_{anc} , así como el tiempo en el que pudo haber ocurrido algún cambio, a partir del parámetro de tiempo en el que la población experimentó el cambio demográfico ($D=Dg/2N$) y sus respectivos intervalos de confianza (IC_{95%}).

Debido a la naturaleza endémica de la curvina golfina, así como a la evidencia previa de ausencia de estructura genética espacial (Ríos-Medina, 2012; Peñaranda-González, 2013; Arce-Valdés, 2018), se empleó el cálculo de probabilidad estricta (ISstrict) basado en un modelo histórico simple con un solo evento de cambio demográfico que ha continuado hasta el presente de forma exponencial. La evaluación se realizó para cada temporada de pesca y para todo el conjunto de datos mediante 7 iteraciones sucesivas con 25

285 estimaciones de cada parámetro y 50 historias genealógicas simuladas por punto. Todos
286 los análisis basados en SMV realizados en Migraine se muestran en el Anexo C.

287 **5.3.4 Estimación del tamaño efectivo**

288 Para estimar el tamaño efectivo actual de la población de curvina golfina se empleó el
289 método temporal desarrollado por Pollack (1983), el cual cuantifica la varianza
290 estandarizada en la frecuencia de haplotipos (F') entre periodos de muestreo. La varianza
291 estandarizada promedio $\bar{F}'$, que incluye la varianza asociada a la deriva génica y al
292 muestreo de todos los periodos considerados, está inversamente relacionada al tamaño
293 efectivo de las hembras (N_{ef}) de una población a través de la relación $N_{ef} = C/G\bar{F}'$ (Waples,
294 1989; Jorde y Ryman, 1995). Esta aproximación considera un factor de corrección (C)
295 debido a la presencia de generaciones traslapadas y el tiempo generacional promedio (G).
296 Para calcular C y G se utilizó el programa Factor C (Jorde, 2012) y la información
297 demográfica disponible de la vida de la especie (Román-Rodríguez, 2000; Gherard *et al.*,
298 2013; Aragón-Noriega, 2014; Bolser *et al.*, 2018). Bajo el supuesto de que la mayor
299 incertidumbre en la estimación de N_{ef} a través de este método está asociada al error de
300 muestreo, se calcularon los intervalos de confianza mediante el procedimiento descrito
301 por Waples (1989). Adicionalmente, para eliminar el sesgo por la disparidad en el tamaño
302 de muestra entre temporadas y potenciar la señal de la deriva génica (Waples y Yokota,
303 2007), se realizó la estimación usando clases separadas por varios años. Los detalles del
304 método temporal se muestran en el Anexo D.

305 Para inferir la escala de tiempo en que pudo haber ocurrido el cambio demográfico, así
306 como los tamaños efectivos de la población asociados a los valores de diversidad genética

307 actual y ancestral, es necesario contar con el valor de la tasa de mutación (μ) del marcador.
308 Sin embargo, la incertidumbre asociada a las estimaciones de este parámetro es
309 considerable; además de que las μ reportadas para peces óseos son muy variables
310 (Ruzzante *et al.*, 2008; Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2016; Allio *et al.*, 2017). Existe
311 evidencia de una dependencia temporal en la estimación del parámetro μ que produce
312 valores más altos a menor tiempo de coalescencia de los linajes (Burrige *et al.*, 2008).
313 Dado que no se cuenta con información sobre la μ de la RC-ADNmt de la curvina golfina,
314 este y otros parámetros se infirieron en DIYABC Ver 2.1.0 (Cornuet *et al.*, 2014)
315 empleando métodos de cálculo bayesiano aproximado. Para modelar la historia
316 demográfica de una población, este programa realiza simulaciones basadas en algoritmos
317 coalescentes que permiten contrastar simultáneamente distintos escenarios de cambio
318 históricos en N_{ef} y cuantificar su sustento relativo (Cornuet *et al.*, 2010).
319 De forma exploratoria se probaron seis escenarios contrastantes en DIYABC
320 representados por razones $N_{act/anc}$ de distintas magnitudes: 3 escenarios de expansión
321 poblacional (incrementos promedio de 40, 70 y 90 veces), dos escenarios de reducción
322 (0.5 y 0.04 veces) y uno de estabilidad demográfica (0 veces). Dicha simulación consistió
323 en 3 millones de conjuntos de datos para cada escenario, evaluando y contrastando los
324 valores observados para el número de haplotipos, el número de sitios segregantes y la D
325 de Tajima con los de cada simulación.
326 La selección de los parámetros *a priori* de estos escenarios se fundamentó en el tamaño
327 efectivo estimado a través del método temporal, así como a los reportados previamente
328 para la curvina golfina con base en marcadores microsatélite (Arce-Valdés, 2018) y en

329 otras especies de peces, con especial énfasis en sciánidos (Turner *et al.*, 1999; Riccioni *et*
330 *al.*, 2010; Chapman *et al.*, 2011; Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2014). Los detalles de la
331 elección de los modelos históricos, los parámetros usados y los resultados de estos análisis
332 se detallan en el Anexo E. Lo anterior, con distribuciones *a priori* de 1 a 15,000 hembras,
333 1 a 50,000 generaciones, tasas de mutación de 1.5×10^{-8} a 1.5×10^{-5} cambios por sitio por
334 generación y el modelo de mutación predefinido como el de mejor ajuste (T92+G).
335 Con base en el escenario de mayor sustento obtenido en el DIYABC, se obtuvieron los
336 intervalos de máxima densidad posterior (IMDP) al 95% para los tamaños efectivos, el
337 tiempo de cambio demográfico y la tasa de mutación que mejor se ajustaron a los datos
338 observados. Empleando la tasa de mutación inferida, se calcularon los tamaños efectivos
339 a partir de los parámetros combinados θ_{act} y θ_{anc} generados en Arlequin y Migrate.
340 Debido a que la longitud de la secuencia mitocondrial utilizada fue de 301-pb, la tasa de
341 mutación de 1.64×10^{-5} cambios por sitio por generación, estimada en DIYABC equivale
342 a una tasa de mutación de 5.1×10^{-3} sustituciones por locus por generación, esto para
343 poder usarla en el cálculo de N_{ef} a partir de los valores compuestos de θ_{act} y θ_{anc} .
344 Posteriormente, se estimó el tamaño efectivo (N_e) a partir del cálculo de N_{ef} para todas las
345 aproximaciones empleadas en este estudio, esto asumiendo una proporción de sexos 1:1
346 como se ha reportado para la especie (Gherard *et al.*, 2013).

347 **5.3.5 Tendencia histórica poblacional**

348 Finalmente, se modeló la trayectoria demográfica de la población de la curvina golfina a
349 través de un diagrama de horizonte bayesiano (DHB) implementado en Beast Ver 1.10.4
350 (Suchard *et al.*, 2018). El análisis DHB reconstruye la genealogía mediante simulaciones

351 Monte Carlo con Cadenas de Markov (MCCM), buscando el ancestro común más reciente
352 para el conjunto de datos genéticos observados, e infiriendo N_e en distintos puntos de la
353 escala temporal. Ramas más largas hacia los puntos de coalescencia describen mayores
354 diferencias entre las secuencias muestreadas y por lo tanto se asocian con procesos de
355 crecimiento poblacional y viceversa. La reconstrucción coalescente se realizó usando un
356 reloj molecular estricto y un horizonte escalonado, ejecutando tres simulaciones
357 independientes con 500 millones de MCCM cada una y muestreando la genealogía cada
358 1,000 iteraciones. El primer 25% de cadenas de cada simulación fue considerado como
359 periodo de calentamiento y fue eliminado para los análisis subsecuentes. El resto de los
360 operadores se optimizaron automáticamente. La convergencia entre corridas
361 independientes hacia una distribución estacionaria se evaluó en Tracer Ver. 1.7.2
362 (Rambaut *et al.*, 2018), se combinaron mediante LogCombiner 1.10.4 (Suchard *et al.*,
363 2018) y fueron reanalizadas en conjunto. En el Anexo F se muestran los ajustes para los
364 análisis realizados en Beast.

365 **6. Resultados**

366 **6.1 Diversidad y diferenciación genética entre temporadas de pesca**

367 Para los 1,717 individuos de curvina golfina muestreados se logró amplificar, secuenciar
368 y alinear sin ambigüedades un segmento de 301-pb de la RC-ADNmt. El análisis de este
369 fragmento permitió identificar 39 sitios variables (32 transiciones y 9 transversiones) que
370 definieron 47 haplotipos. La frecuencia relativa de los haplotipos resultó con una alta
371 dominancia en la que un solo haplotipo representó al 70% del muestreo.

372 La diversidad haplotípica (h) y nucleotídica (π_n) en la muestra global fue de 0.499 ($\pm$
373 0.015) y 0.0026 ($\pm$ 0.0021), respectivamente. El número y la frecuencia de los haplotipos
374 presentó variaciones entre años (Fig. 2; Anexo A), aunque la riqueza alélica fue similar
375 entre las temporadas de pesca y el AMOVA evidenció que la diversidad genética no ha
376 presentado cambios significativos ($F_{ST} = 0.00$, $p = 0.92$; $\Phi_{ST} = 0.00$, $p = 0.96$).

377 **6.2 Historia demográfica**

378 El análisis de DDP entre haplotipos generó una distribución unimodal (Anexo B, Fig. B1)
379 y se ajustó a la distribución esperada bajo un escenario de expansión poblacional (SDC =
380 0.00017, $p = 0.74$). Por su parte, los valores globales de los estadísticos D de Tajima ($D =$
381 -2.104; $p < 0.05$) y el F_S de Fu ($F_S = -19.888$; $p < 0.01$) fueron negativos y significativos,
382 reflejando un exceso de alelos raros con respecto a lo esperado para una población en
383 equilibrio deriva-mutación. La red de expansión mínima de los haplotipos (Fig. 3) exhibió
384 una topología radiada característica de una población que ha pasado por un evento de
385 expansión demográfica poblacional reciente y súbita (Bandelt *et al.*, 2000).

386 **6.3 Magnitud y temporalidad relativa del cambio demográfico**

387 Puesto que los resultados anteriores sugirieron que la población de la curvina golfina
388 experimentó una expansión reciente en su historia evolutiva, se procedió a estimar la
389 magnitud y el intervalo temporal del cambio demográfico.

390 Los valores de los parámetros estimados a partir del análisis de DDP fueron $\theta_{anc} = 0.001$
391 ($IC_{95\%}$: 0.000 - 0.515), $\theta_{act} = 2.547$ ($IC_{95\%}$: 0.447 - 907.55), y $\tau = 0.844$ ($IC_{95\%}$: 0.000 -
392 2.967). Valores asociados a una alta varianza pero que, en promedio, describen un
393 incremento de 2,547 veces en N_{ef} . Los análisis de SMV implementados en Migrate

394 también evidenciaron una expansión poblacional clara: $\theta_{anc} = 0.18$ (IC_{95%}: 0.00 - 2.04) y
395 $\theta_{act} = 9.00$ (IC_{95%}: 6.00 - 15.00). Sin embargo, la magnitud del cambio poblacional fue
396 solo de entre 3 a 50 veces en N_{ef} , tanto para la muestra global (Fig. 4) como para el análisis
397 independiente para cada temporada de pesca (Anexo C, Tab. C3). Por último, el tiempo
398 en el que la población empezó a cambiar se obtuvo a partir del parámetro D ($Dg/2N$) =
399 0.08 (IC_{95%}: 0.02 - 0.40).

400 **6.4 Estimación del tamaño efectivo y tendencia demográfica**

401 La información demográfica con la que se reconstruyó la tabla de vida de la curvina
402 golfina resultó en estimaciones de tiempo generacional promedio (G) de 4.1 años y un
403 factor de corrección para generaciones traslapadas (C) de 6.02; valores congruentes con
404 lo que se ha reportado para la especie (Román-Rodríguez 2000; Gherard *et al.*, 2013;
405 Erisman *et al.*, 2014). Con base en estos valores, el método de la varianza temporal en las
406 frecuencias de los haplotipos calculó un N_{ef} contemporáneo promedio de 117 hembras
407 (IC_{95%}= 74 - 169) para el periodo 2008-2020. El valor promedio de N_{ef} usando clases
408 separadas por varios años fue de 225 hembras (IC_{95%}=114 - 325).

409 Las estimaciones a través de cálculo bayesiano aproximado indicaron que los escenarios
410 demográficos más probables para la curvina golfina fueron aquellos asociados a una
411 expansión poblacional histórica (Fig. 5). El escenario que tuvo mayor soporte estadístico
412 fue aquel con una expansión del orden de 40 veces, con una probabilidad posterior del
413 99.22% (IMDP_{95%}: 99.10 - 99.35). Las distribuciones posteriores de los parámetros
414 demográficos de dicho escenario sugieren una población con un tamaño ancestral N_{ef-anc}
415 = 88 (IMDP_{95%}: 51 - 130) que aumentó a un tamaño actual de $N_{ef-act} = 3,750$ (IMDP_{95%}:

416 3,470 - 4,040) desde hace aproximadamente 52 generaciones (IMDP_{95%}: 32.0 - 72.0). La
417 tasa de mutación inferida fue de 1.61×10^{-5} cambios por sitio por generación (IMDP_{95%}:
418 1.5×10^{-5} - 1.86×10^{-5}).

419 La reconstrucción del diagrama de horizonte bayesiano (DHB) en la que se empleó una
420 tasa de mutación de 1.7×10^{-5} cambios por sitio por generación presentó adecuada
421 convergencia de las MCCM (Anexo F, Fig. F2) y describió una trayectoria de expansión
422 poblacional. El N_{ef} de la curvina golfina aparentemente tuvo una expansión sostenida que
423 inició hace más de 247 años. Evento que triplicó su tamaño original, manteniéndose
424 relativamente constante durante la mayor parte del siglo XX y mostrando una reducción
425 para la última década (Fig. 6).

426 Finalmente, a partir de los N_{ef} estimados, se calculó el tamaño efectivo poblacional (N_e) y
427 con base en la información disponible para la especie (Anexo G), se estimó el tamaño
428 censal de adultos (N_c) de la población de la curvina golfina en 5,590,409 individuos, lo
429 que permitió calcular la razón N_e/N_c para todas las metodologías utilizadas (Tab. 2).

430 **7. Discusión**

431 A pesar de que la curvina golfina representa la pesquería de escama más importante del
432 Alto Golfo de California, la discrepancia en cuanto al impacto que tuvo el aparente colapso
433 pesquero de la década de los 60's sobre los niveles de diversidad genética de la población
434 (Peñaranda-Gonzalez, 2013; Ríos-Medina, 2012; Arce-Valdés, 2018), aunada a la
435 creciente preocupación ante la evidencia de prácticas pesqueras insostenibles para este
436 recurso (Erisman *et al.*, 2020), han resaltado la necesidad de estudiar a profundidad la
437 trayectoria demográfica de la especie. Con lo que comprender, discernir y dar seguimiento

438 al impacto de las actividades antropogénicas en la dinámica de genes de las poblaciones
439 naturales deberá fortalecer y plantear mejoras en las estrategias de manejo del recurso.

440 En este sentido, en el presente estudio se profundizó en la evaluación de la diversidad
441 genética mitocondrial de la curvina golfina. Este al presentar un tamaño efectivo
442 poblacional menor al del genoma nuclear, es más sensible a los efectos de la deriva
443 genética y a los eventos demográficos (Hare *et al.*, 2011). En general, se encontraron
444 niveles de diversidad genética de moderados a bajos y sin cambios significativos durante
445 la última década. En contraste, pese a que la tendencia demográfica inferida a partir de los
446 datos genéticos indicó claramente un proceso de expansión durante la historia evolutiva
447 reciente de la población y un tamaño efectivo igual, e incluso por arriba del mínimo viable,
448 la población presenta una baja proporción N_e/N_c y una aparente reducción reciente en N_e .

449 La ausencia de barreras físicas y una elevada capacidad de dispersión de huevos, larvas y
450 adultos generalmente explican la ausencia de estructura genética en especies marinas
451 (Gandra *et al.*, 2021), lo que frecuentemente se asocia a un flujo intenso de genes y valores
452 altos de diversidad genética (Han *et al.*, 2015). Sin embargo, aquellas especies con
453 endemismo restringido típicamente exhiben niveles de diversidad moderados o bajos
454 (Frankham *et al.*, 2014). La curvina golfina es considerada una especie endémica de la
455 porción norte del Golfo de California, pero algunos reportes consideran que su
456 distribución comprende toda la zona costera del Golfo de California (Chao, 1995). Si bien
457 no se cuenta con información concreta sobre la influencia de los factores ambientales en
458 su distribución y patrón de migración al concluir la temporada reproductiva (Enciso-
459 Enciso *et al.*, 2018), los registros más recientes sugieren que su distribución es bastante

460 restringida y comprende desde el Delta del Río Colorado hasta las Grandes Islas de la
461 región central del golfo.

462 Los niveles de diversidad genética mitocondrial obtenidos en el presente estudio son
463 congruentes con el endemismo restringido de la especie y a la presencia de una única
464 población aislada. Los resultados obtenidos concuerdan con los reportados previamente
465 por Ríos-Medina (2012), reforzando que la población de la curvina golfina ha mantenido
466 niveles moderados de diversidad haplotípica y niveles bajos de diversidad nucleotídica a
467 lo largo de la última década. La estabilidad temporal en la diversidad genética está
468 sustentada por la ausencia de estructura genética espacial y temporal, también observada
469 en estudios previos (Ríos-Medina, 2012; Peñaranda-Gonzalez, 2013; Arce-Valdés, 2018).

470 El endemismo restringido y la panmixia podrían explicar el hecho de que, al contrastar los
471 niveles de diversidad genética mitocondrial de otros sciánidos explotados comercialmente
472 a nivel mundial (Anexo A; Tab. A4), la curvina golfina resultara la especie con los niveles
473 de variabilidad haplotípica y nucleotídica más bajos reportados a la fecha.

474 De acuerdo con Grant y Bowen (1998), la mayoría de los peces marinos exhiben niveles
475 bajos de divergencia entre los haplotipos de ADNmt en comparación con la diferenciación
476 observada en otros taxones. Lo anterior, podría estar asociado a una separación rápida de
477 los linajes debido a eventos diferenciales de reclutamiento, cuellos de botella
478 demográficos y/o selección natural. Estos autores agrupan a las poblaciones de peces
479 marinos en categorías basadas en combinaciones de valores de diversidad haplotípica (h)
480 y nucleotídica (π_n), mismas que se asocian a cuatro posibles escenarios demográficos (ver
481 Tabla 5 en Grant y Bowen, 1988). Siguiendo estos criterios, los valores de diversidad

482 descritos para la curvina golfina corresponderían a un escenario de cuello de botella
483 seguido de un crecimiento poblacional acelerado.

484 En congruencia con lo anterior, el conjunto de análisis realizados en el presente estudio
485 para inferir la historia demográfica de la población de curvina golfina sustentó la
486 ocurrencia de un cuello de botella histórico, seguido de una expansión súbita y reciente
487 en la escala temporal evolutiva de la especie (Figs. 2-6). Aunque este resultado contrasta
488 con la evidencia de uno de los primeros estudios genéticos poblacionales que planteaban
489 un cuello de botella reciente (Peñaranda-Gonzalez, 2013), apoya las conclusiones de
490 Arce-Valdés (2018), quien plantea un cuello de botella histórico que aparentemente tuvo
491 lugar hace varios de miles de años. Las diferencias entre estos dos estudios muy
492 probablemente responden a que el primero se llevó a cabo con un tamaño de muestra
493 cuatro veces menor y con tan solo una tercera parte de los marcadores moleculares en
494 relación con el segundo.

495 Si bien, los distintos enfoques utilizados para estimar la magnitud y la temporalidad del
496 cambio demográfico coincidieron al evidenciar una expansión relativamente reciente, la
497 varianza asociada a tales estimaciones fue extremadamente amplia (Anexos B-C). Una
498 posible explicación se debe a que *a priori* la divergencia entre secuencias de ADN en
499 estudios intrapoblacionales es baja y, por ende, la reconstrucción filogenética se sustenta
500 en información de un número reducido de caracteres (Posada y Crandall, 2001). La propia
501 diversidad genética de la curvina golfina caracterizada por bajos niveles de diversidad
502 haplotípica pudo haber incrementado este efecto y aumentado la varianza de los
503 parámetros de reconstrucción de historia demográfica.

504 Para estimar los tamaños efectivos poblacionales asociados a los valores de diversidad
505 genética actual y ancestral, así como el momento exacto del inicio de la expansión, se
506 requiere una tasa de mutación confiable. Tomando en cuenta las evidencias de que las
507 tasas de evolución molecular tienen una fuerte dependencia de la distancia filogenética de
508 los taxa comparados, la mayoría de las tasas comúnmente empleadas podrían estar
509 subestimadas en un orden magnitud o más y con sobreestimación de tiempos de
510 divergencia (Burridge *et al.*, 2008; Ho *et al.*, 2011). Al no contar con una tasa de mutación
511 específica para la curvina golfina, esta se infirió a través de simulaciones en DIYABC
512 (Anexo E). La tasa estimada resultó ser mucho más rápida en comparación a las tasas
513 normalmente empleadas para peces (e.g. Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2016; Allio *et al.*,
514 2017). Una tasa tan alta para el marcador usado podría atribuirse a la hipervariabilidad de
515 la RC-ADNmt y a la expansión súbita de la población (Aris-Brosou y Excoffier, 1996;
516 Vignaud *et al.*, 2014). Esta es una primera estimación del parámetro de evolución
517 molecular para la especie, por lo que los resultados derivados del uso de este deben usarse
518 con cautela y requiere de una aproximación más robusta.

519 A pesar de contar con una muestra considerablemente grande, debido a la incertidumbre
520 alrededor del valor de diversidad genética ancestral y de la tasa de mutación, la estimación
521 de los parámetros N_{anc} , N_{act}/N_{anc} y el tiempo del cambio demográfico también deben ser
522 interpretados con cautela. Independiente a la tasa de mutación usada, los parámetros
523 escalados de diversidad genética actual exhibieron valores mayores a los ancestrales, lo
524 que valida el escenario de expansión poblacional y su magnitud. Las estimaciones
525 promedio N_{ef} actual para la población de curvina golfina variaron entre 225 y 3,750

526 hembras (Tab. 2), que al considerar una proporción de sexos equilibrada corresponderían
527 a un total de 450 y 7,500 individuos. Aunque las estimaciones N_e actual mostraron
528 intervalos de confianza amplios, estos concuerdan con las obtenidas previamente para la
529 especie (Arce-Valdés, 2018) y están en el mismo orden de magnitud que las reportadas en
530 otras poblaciones de peces (Chapman *et al.*, 2011; Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2014).
531 Las estimaciones de tamaño efectivo poblacional de curvina golfina resultaron en
532 promedio cuatro órdenes de magnitud inferiores a las del tamaño censal de adultos
533 reportado (Tab. 2). Valores bajos de N_e/N_c han sido reportados en muchas otras especies
534 de peces marinos (Turner *et al.*, 2002; Gomez-Uchida y Banks, 2006; Hauser y Carvalho,
535 2008; Larsson *et al.*, 2009) y se atribuyen generalmente a la ocurrencia de fluctuaciones
536 en el tamaño poblacional por causas naturales o antropogénicas (sobreexplotación o
537 deterioro del hábitat), a una proporción desigual de sexos y/o a una varianza alta en el
538 éxito reproductivo individual, como consecuencia de una curva de supervivencia tipo III
539 (Hare *et al.*, 2011; Marandel *et al.*, 2019). Dado que no existe evidencia de una proporción
540 de sexos sesgada para la especie (Gherard *et al.*, 2013), los valores tan bajos de la relación
541 N_e/N_c en curvina golfina podrían deberse más probablemente a fluctuaciones
542 poblacionales, al sesgo en el éxito reproductivo (Hare *et al.*, 2011; Hoban *et al.*, 2013), o
543 bien a una combinación de estos factores en el reclutamiento (Waples y Naish, 2009).

544 **7.1 Fluctuaciones en el tamaño poblacional**

545 Desde su formación, el Golfo de California se ha caracterizado por presentar procesos
546 dinámicos complejos que llevaron, hace aproximadamente 3.6 Ma a la formación de nueva
547 corteza oceánica localizada en pequeñas cuencas en la parte sur del golfo (DeMets, 1995;

548 Ledesma-Vázquez, 2002). Es hasta entonces que los sciánidos que se originaron en la
549 región Pacífico Oriental - Atlántico Occidental antes del cierre del Istmo de Panamá (Lo
550 *et al.*, 2015), pudieron haber ingresado al golfo. La filogenia molecular de las especies del
551 género *Cynoscion* (Vergara-Chen *et al.*, 2009, Ríos-Medina, 2012) apuntan a que la
552 especie más cercana a la curvina golfina es la curvina rayada (*Cynoscion reticulatus*);
553 especie que se distribuye desde Colombia hasta la porción sur de la Península de Baja
554 California y en todo el Golfo de California. La naturaleza endémica de la curvina golfina
555 hace suponer que esta pudo haber divergido de la curvina rayada o de un ancestro común
556 de ambas, aislándose posteriormente en la porción norte del Golfo de California.

557 Ante la ausencia de registros fósiles de la especie, la única evidencia de la ocurrencia y
558 abundancia histórica de la curvina golfina la aportan los vestigios arqueológicos del uso
559 de los recursos pesqueros por los habitantes de la región costera. A la fecha solo se han
560 encontrado otolitos de curvina golfina en concheros de la región norte del Golfo de
561 California. La presencia de otolitos de varias especies de sciánidos, es común en los
562 concheros de la región de hace 6,500 y 6,000 años, periodo para el que ya se habían
563 estabilizado los niveles de mar después del último máximo glacial (Mitchell *et al.*, 2015;
564 Ainis *et al.*, 2021). En estos concheros se encontró evidencia del uso de sciánidos como
565 el chano norteño (*Micropogonias megalops*), la totoaba (*Totoaba macdonaldi*), la curvina
566 boca naranja (*Cynoscion xanthulus*) y otras curvinas, pero no de curvina golfina (Mitchell
567 *et al.*, 2015). En contraste, los otolitos de curvina golfina fueron los más abundantes en
568 los concheros de hace 600, 450, 210 y 100 años (Celis-Hernández, 2010; Ritter, 2018) en
569 los que aparecen otolitos de chano norteño y totoaba en proporciones parecidas a las que

570 se han reportado recientemente en estudios de abundancia de larvas y reportes de la
571 biomasa disponible de estas especies (Arzola-Sotelo *et al.*, 2018; Garcés-Rodríguez *et al.*,
572 2018; Camacho-Gastélum *et al.*, 2020; Enciso-Enciso *et al.*, 2020).

573 Aparentemente los cambios temporales de abundancia relativa de la curvina golfina se
574 dan en respuesta a fluctuaciones climáticas y oceanográficas de gran escala, tal y como se
575 ha observado en otras especies de la megafauna del Golfo de California (Valenzuela-
576 Quiñonez *et al.*, 2014; Rivera-León *et al.*, 2019). Desde el Holoceno medio (~7,500 años
577 atrás) hasta la actualidad, la mayor variabilidad climática interanual en la región ha estado
578 dominada por eventos El Niño-Oscilación del Sur (ENOS; Páez-Osuna *et al.*, 2016). Sin
579 embargo, de acuerdo con estudios paleoclimáticos, hace entre 7,000 y 3,000 años el clima
580 del Golfo de California era cálido y con menor productividad (Douglas *et al.*, 2001) y no
581 fue sino hasta hace 2,800 años que se establecieron las condiciones oceanográficas
582 actuales que hacen del Golfo de California un sistema sumamente productivo (Barron *et*
583 *al.*, 2004) excepto por un periodo cálido de muy baja productividad e incremento de
584 salinidad hace unos 800 - 1,100 años (periodo cálido medieval).

585 Este escenario es congruente con la evidencia que aportó Arce-Valdés (2018) de un
586 posible cuello de botella en la población de curvina golfina hace 20,000 años, la expansión
587 demográfica de hace 208 - 330 años inferido en este estudio, y con las observaciones
588 recientes de correlación positiva entre el índice ENOS multivariado, la temperatura
589 superficial del mar y la biomasa aprovechable de la especie (Erisman *et al.*, 2021). El
590 colapso anecdótico de la población de esta especie, a mediados del siglo pasado (Román-
591 Rodríguez, 2000), aparentemente es más un reflejo de la variabilidad ambiental que

592 producto de una sobreexplotación. De hecho, la poca información disponible sugiere que
593 no existía una pesquería formal o dirigida sobre esta especie (Staff of the Bureau of Marine
594 Fisheries, 1949; Román-Rodríguez, 2000) además de que el análisis de demografía
595 histórica no aportó evidencia que sustente un cambio demográfico en la escala temporal
596 de los impactos antropogénicos (pesca o represamiento del Río Colorado).

597 **7.2 Sesgo en el éxito reproductivo**

598 Valores de N_e y razones N_e/N_c bajos se han asociado comúnmente con la reducción de la
599 variación genética producto de la extracción de individuos o la alteración del hábitat, lo
600 que puede resultar en depresión por endogamia y la pérdida de potencial adaptativo
601 (Gomez-Uchida y Banks, 2006; Niwa *et al.*, 2017). Esta preocupación se asocia
602 particularmente con especies marinas sobreexplotadas, con alta fecundidad y un gran
603 sesgo en el éxito reproductivo (Niwa *et al.*, 2017; Waples *et al.*, 2018). La curvina golfina
604 es una especie con fecundidad alta (Gherard *et al.*, 2013) y, de acuerdo con los resultados
605 del presente estudio, exhibe una razón N_e/N_c extremadamente baja.

606 En general, en las poblaciones de peces marinos con bajas razones N_e/N_c , los jóvenes que
607 sobreviven y se reclutan descienden de un número reducido de individuos a pesar de que
608 en las agregaciones reproductivas participen muchos individuos. Es decir, una pequeña
609 fracción de adultos fértiles a la mayoría de los individuos de la población (Hedgecock,
610 1994). Aunado a un evento de cuello de botella histórico, esto podría explicar los niveles
611 de moderados a bajos de diversidad genética que se han observado en la curvina golfina
612 particularmente asociados con la sobrerrepresentación de uno de los linajes maternos.

613 Cuando en el proceso de reclutamiento en especies muy fecundas se presenta una
614 supervivencia diferencial de la progenie, el sesgo en el éxito reproductivo (SER) generará
615 muchos hermanos completos y/o medios hermanos, incrementando el nivel de parentesco
616 y reduciendo N_e . Caso contrario, en poblaciones disminuidas, en las que ocurre un
617 reclutamiento bajo, los individuos tendrán poca progenie, por ende habrá menos
618 parentesco entre la progenie, manteniendo los niveles de diversidad genética o incluso
619 incrementándolos (Niwa *et al.*, 2017). Estudios recientes han reportado poblaciones
620 disminuidas o temporalmente estables en su diversidad genética, pero con valores de N_e
621 grandes a pesar de una evidente sobreexplotación pesquera y severas reducciones en N_e
622 (Larsson *et al.*, 2009; Cuveliers *et al.*, 2011; Laconcha *et al.*, 2015). Esto sugiere que, en
623 poblaciones muy disminuidas, los niveles de diversidad genética podrían mantenerse
624 estables ya que la población exhibiría periodos prolongados de reclutamiento bajo.

625 Aunque en la población de curvina golfina no se detectaron cambios en la diversidad
626 genética a lo largo de las últimas 10 temporadas de pesca analizadas, el diagrama de
627 horizonte bayesiano evidenció una posible reducción en N_e durante ese periodo. Esto
628 pudiera estar asociado a periodos de reclutamiento excepcionales que, aunque
629 mantendrían los niveles de abundancia y los volúmenes de captura relativamente
630 constantes, pudieran estar incrementando el nivel de parentesco y reducir el potencial
631 adaptativo a largo plazo.

632 **7.3 Implicaciones en el manejo de la pesquería**

633 Al comparar los índices de diversidad (h y π_n) obtenidos en este estudio con lo reportado
634 para otras especies de sciánidos que también son de importancia comercial (Anexo A,

635 Tab. A4), se encontró que la curvina golfina tiene los niveles de variabilidad genética más
636 bajos reportados hasta el momento. El presente estudio se caracteriza por poseer un
637 tamaño de muestra representativo de la población y con una cobertura temporal extendida,
638 lo cual valida estas comparaciones y aumenta la preocupación sobre la conservación de
639 esta especie. Estos resultados resaltan la necesidad de prestar atención en la elaboración
640 de las estrategias de gestión para su aprovechamiento, con especial atención en la
641 interpretación de las tendencias actuales e históricas de la población. Además, servirán
642 como línea base en futuras evaluaciones de N_e y la razón N_e/N_c en la curvina golfina.

643 Tradicionalmente, las pautas de conservación para evaluar el tamaño mínimo viable de la
644 población, han sugerido el uso de la regla 50/500 con razones N_e/N_c de 0.1 - 0.2, según la
645 historia de vida de las especies (Frankham *et al.*, 2014). Al considerar los valores
646 promedio, todas las estimaciones de N_e no solo cumplen con la regla 50/500 (Franklin,
647 1980), adoptada por la IUCN como criterio de evaluación para el tamaño mínimo viable
648 de una población, sino también con una propuesta ajustada a 100/1,000 (Frankham *et al.*,
649 2014). De acuerdo con estas reglas, un tamaño mínimo de 50 - 100 individuos evitaría los
650 efectos nocivos de la depresión por endogamia, mientras que 500 - 1,000 individuos
651 retendrían la variación genética adaptativa para contar con potencial adaptativo a largo
652 plazo (Lynch y Lande, 1998; Frankham *et al.*, 2014).

653 Para fines de gestión, las estimaciones de N_e aportan información que permitirá establecer
654 un marco de referencia para comprender bajo que escenarios las fluctuaciones naturales o
655 la sobrepesca impactan en el reclutamiento y en la relación N_e/N_c de las poblaciones
656 naturales. Partiendo de este supuesto, si la manera de detectar los eventos SER depende

657 de la intensidad del reclutamiento, será necesario incluir aproximaciones que de forma
658 independiente permitan evaluar la abundancia del recurso en función de los niveles de
659 parentesco entre la progenie. Una de las alternativas más viables para obtener esta
660 información en el futuro cercano es el análisis de captura-recaptura genética por
661 parentesco. Método que permite analizar mediante marcadores genéticos y estrategias de
662 genotipificación masiva (e.g. microhaplotipos; Baetscher *et al.*, 2018), los niveles de
663 parentesco entre una muestra de adultos reproductores y la progenie de una cohorte en
664 particular (Bravington *et al.*, 2016), donde la probabilidad de encontrar hermanos o
665 medios hermanos estará en función de la intensidad del SER y se reflejará en N_e/N_c .

666 La aparente estabilidad en la diversidad genética y la señal histórica de expansión
667 demográfica en la población de la curvina golfina sugieren que esta no se ha visto afectada
668 en forma significativa por las prácticas pesqueras desarrolladas en torno a su
669 aprovechamiento comercial, las cuales en ocasiones se han señalado como insostenibles.
670 Su tamaño efectivo poblacional actual puede considerarse suficiente para asegurar su
671 persistencia tanto a corto como a largo plazo bajo las condiciones ambientales actuales.
672 Sin embargo, dado que las fluctuaciones históricas de la población parecen responder
673 principalmente a la variación climática y a las características oceanográficas de la región,
674 que, en adición a las perturbaciones antropogénicas, podrían resultar en cambios
675 irreversibles en la composición genética de la especie. La sobrerrepresentación de uno de
676 los linajes maternos y la evidencia de una tendencia negativa en el tamaño efectivo
677 poblacional durante la última década indican que, a pesar de que curvina golfina sigue
678 siendo abundante, la varianza tan amplia en el éxito reproductivo podría resultar un factor

679 determinante en la pérdida de salud genética de la especie a largo plazo. Bajo esta
680 perspectiva, su estatus como especie vulnerable está más que justificado, pero la falta de
681 control sobre la pesca INDNR podría reducir el tamaño efectivo de la población más allá
682 de los niveles promedio históricos y con ello disminuir su resiliencia.

683 Destaca en particular la comparación con la población de totoaba (*Totoaba macdonaldi*);
684 sciánido también endémico del Golfo de California, con una población panmíctica y cuya
685 historia de vida y sobreexplotación comercial son sumamente parecidas a la de curvina
686 golfina (Cisneros-Mata *et al.*, 2021). La totoaba, pese a haber estado considerada en
687 peligro crítico de extinción durante los últimos 45 años, posee niveles de diversidad
688 genética al menos dos veces mayores a los de la curvina golfina (Enríquez-Paredes, datos
689 no publicados). Además, se han reportado signos de recuperación para su población
690 (Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2016; Rodríguez-García *et al.*, 2020), con lo que se ha
691 planteado la reapertura de esta pesquería.

692 Lograr la sustentabilidad de la pesquería de curvina golfina implica un gran reto y para
693 lograrlo es necesaria la participación de todos los actores involucrados. Las medidas de
694 conservación a corto plazo deben no solo centrarse en la eliminación de la pesca ilegal de
695 esta y otras especies, sino en un plan de diversificación de las pesquerías en la región y de
696 estrategias para darle un valor agregado a los productos de la pesca. Esto permitiría
697 disminuir el esfuerzo pesquero sobre la curvina golfina, mejorar los ingresos de las
698 comunidades y sumar en los esfuerzos de conservación en la región.

699

700 **8. Agradecimientos**

701 Este trabajo contó con el apoyo del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología
702 (CONACYT) con el número de beca 1006852. Agradecemos el apoyo de Méndez-Castro
703 P.J de Pescadería Méndez por la facilitación de muestras. Agradecemos a Victoria-Cota
704 N., por su ayuda en el trabajo de laboratorio. Agradecemos a Villanea, A. F. y Leblois, R.,
705 por sus sugerencias para mejorar el análisis e interpretación de los resultados de historia
706 demográfica. Agradecemos a Wagner-Gutiérrez J.M. y Beas-Luna R. por su apoyo en el
707 soporte técnico y facilitar el material de cómputo para los análisis más complejos.

708

709 9. Referencias

- 710 Aljanabi, S. M., Martinez, I. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality
711 genomic DNA for PCR- based techniques, *Nucleic Acids Research*, 25(22), pp.
712 4692–4693. doi: 10.1093/nar/25.22.4692.
- 713 Allio, R. *et al.* 2017. Large variation in the ratio of mitochondrial to nuclear mutation rate
714 across animals: Implications for genetic diversity and the use of mitochondrial
715 DNA as a molecular marker, *Molecular Biology and Evolution*, 34(11), pp. 2762–
716 2772. doi: 10.1093/molbev/msx197.
- 717 Alonso, M. P., Fernandez, P. J., 2015. Genetic structure and demographic history of
718 striped weakfish *Cynoscion guatucupa* (sciaenidae) from the southwestern
719 atlantic. *Basic and Applied Genetics*, 26(2), pp. 7–15. Available at:
720 <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/50596> (Accessed: 31 August 2021).
- 721 Anderson, J. D., Karel, W. J. 2009. A Genetic Assessment of Current Management
722 Strategies for Spotted Seatrout in Texas, *Marine and Coastal Fisheries*, 1(1), pp.
723 121–132. doi: 10.1577/c09-001.1.
- 724 Aragón-Noriega, E. A. 2014. Modelando el crecimiento individual de la corvina golfina,
725 *Cynoscion othonopterus* (Pisces: Sciaenidae), con el enfoque multimodelo,
726 *Ciencias Marinas*. Universidad Autonoma de Baja California, 40(2), pp. 149–161.
727 doi: 10.7773/cm.v40i2.2410.
- 728 Arce-Valdés, L. R. 2018. Estado de conservación e historia demográfica de *Cynoscion*
729 *othonopterus* a través de la estimación de su tamaño efectivo poblacional.
730 CICESE, Ensenada B.C., México.
- 731 Aris-Brosou, S., Excoffier, L. 1996. The impact of population expansion and mutation
732 rate heterogeneity on DNA sequence polymorphism. *Molecular Biology and*
733 *Evolution*, 13(3), pp. 494–504. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a025610.
- 734 Arzola-Sotelo, E.A. *et al.* 2018. Population dynamics of the bigeye croaker
735 *Micropogonias megalops* in the northern Gulf of California, *California*
736 *Cooperative Oceanic Fisheries Investigations Reports*, 59, pp. 1–16.
- 737 Baetscher, D. S. *et al.* 2018. Microhaplotypes provide increased power from short-read
738 DNA sequences for relationship inference. *Molecular Ecology Resources*, 18(2),
739 pp. 296–305. doi: <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12737>.

- 740 Bandelt, H. J., Forster, P., Röhl, A. 1999. Median-joining networks for inferring
741 intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), pp. 37–48. doi:
742 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036.
- 743 Bandelt, H. J., Macaulay, V., Richards, M. 2000. Median Networks: Speedy Construction
744 and Greedy Reduction, One Simulation, and Two Case Studies from Human
745 mtDNA, *Molecular Phylogenetics and Evolution*. Academic Press, 16(1), pp. 8–
746 28. doi: 10.1006/MPEV.2000.0792.
- 747 Barbosa, A. J. B. *et al.* 2014. Molecular phylogeny of weakfish species of the Stellifer
748 group (Sciaenidae, Perciformes) of the western South Atlantic based on
749 mitochondrial and nuclear data, *PLoS ONE*. Public Library of Science, 9(7). doi:
750 10.1371/journal.pone.0102250.
- 751 Barron, J. A., Bukry, D., Bischoff, J. L. 2004. High resolution paleoceanography of the
752 Guaymas Basin, Gulf of California, during the past 15 000 years, *Marine*
753 *Micropaleontology*, 50(3–4), pp. 185–207. doi: 10.1016/S0377-8398(03)00071-9.
- 754 Bolser, D. G. *et al.* 2018. The influence of sample distribution on growth model output
755 for a highly-exploited marine fish, the Gulf Corvina (*Cynoscion othonopterus*),
756 *PeerJ*. PeerJ Inc., 2018(9). doi: 10.7717/peerj.5582.
- 757 Bravington, M. V., Grewe, P. M., Davies, C. R. 2016. Absolute abundance of southern
758 bluefin tuna estimated by close-kin mark-recapture. *Nature Communications*.
759 Nature Publishing Group, 7, pp. 1–8. doi: 10.1038/ncomms13162.
- 760 Burrige, C. P. *et al.* 2008. Geological dates and molecular rates: Fish DNA sheds light
761 on time dependency. *Molecular Biology and Evolution*, 25(4), pp. 624–633. doi:
762 10.1093/molbev/msm271.
- 763 Camacho-Gastélum, R. *et al.* 2020. Interannual variations of environmental factors and
764 the effects on larval fish habitats in the Upper Gulf of California during early
765 summer, *Continental Shelf Research*. Pergamon, 195, p. 104058. doi:
766 10.1016/J.CSR.2020.104058.
- 767 Candy, J. R. *et al.* 2015. Population differentiation determined from putative neutral and
768 divergent adaptive genetic markers in Eulachon (*Thaleichthys pacificus*,
769 Osmeridae), an anadromous Pacific smelt, *Molecular Ecology Resources*, 15(6),
770 pp. 1421–1434. doi: 10.1111/1755-0998.12400.
- 771 Celis-Hernández, A. K. 2010. Shellfish Meet Otoliths in Shell Midden Archaeology of the
772 Gulf of California , Mexico, *Pacific Coastal Archaeological Society Quarterly*,
773 51(1).

- 774 Celis-Hernández, A. K. 2013. Otolitos asociados a un sitio de la prehistoria tardía,
775 *Arqueología*,(46),pp.7–21.Availableat:
776 <https://revistas.inah.gob.mx/index.php/arqueologia/article/view/3504> (Accessed:
777 16 September 2021).
- 778 Chai, X. J. *et al.* 2013. Genetic diversity and the relationship of *Nibea japonica* and *Nibea*
779 *miichthioides* using mitochondrial DNA gene, *Biochemical Systematics and*
780 *Ecology*. Elsevier Ltd, 48(71), pp. 274–280. doi: 10.1016/j.bse.2013.01.001.
- 781 Chao, L., Espinosa-Pérez, H. 2021. *Cynoscion othonopterus*. *The IUCN Red List of*
782 *Threatened Species* 2021. Available at:
783 <https://www.iucnredlist.org/es/species/183682/130934237> (Accessed: 20 April
784 2021).
- 785 Chapman, D. D. *et al.* 2011. Genetic Diversity Despite Population Collapse in a Critically
786 Endangered Marine Fish: The Smalltooth Sawfish (*Pristis pectinata*), *Journal of*
787 *Heredity*. Oxford Academic, 102(6), pp. 643–652. doi:
788 10.1093/JHERED/ESR098.
- 789 Cheng, Y. *et al.* 2011. Genetic diversity and population structure of miiuy croaker
790 populations in East China Sea revealed by the mitochondrial DNA control region
791 sequence, *Biochemical Systematics and Ecology*. Elsevier Ltd, 39(4–6), pp. 718–
792 724. doi: 10.1016/j.bse.2011.06.009.
- 793 Chong, J. P., Roe, K. J. 2018. A comparison of genetic diversity and population structure
794 of the endangered scaleshell mussel (*Leptodea leptodon*), the fragile papershell
795 (*Leptodea fragilis*) and their host-fish the freshwater drum (*Aplodinotus*
796 *grunniens*), *Conservation Genetics*. Springer Netherlands, 19(2), pp. 425–437.
797 doi: 10.1007/s10592-017-1015-x.
- 798 Cisneros-Mata, M. A. *et al.* 2021. *Totoaba macdonaldi* (*Totoaba*) *The IUCN Red List of*
799 *Threatened Species* 2021. Available at:
800 <https://www.iucnredlist.org/species/22003/2780880> (Accessed: 16 September
801 2021).
- 802 Cornuet, J.-M. *et al.* 2014. DIYABC v2.0 : a software to make approximate Bayesian
803 computation inferences about population history using single nucleotide
804 polymorphism , DNA sequence and microsatellite data, *Bioinformatics*
805 *Applications Note*. Journal of Environmental Studies and Sciences, 30(8), pp.
806 1187–1189. doi: 10.1093/bioinformatics/btt763.

- 807 Cornuet, J. M., Ravigné, V., Estoup, A. 2010. Inference on population history and model
808 checking using DNA sequence and microsatellite data with the software DIYABC
809 (v1.0), *BMC Bioinformatics*. BioMed Central, 11(1), pp. 1–11. doi: 10.1186/1471-
810 2105-11-401.
- 811 Costello, C. *et al.* 2012. Status and Solutions for the Worlds Unassessed Fisheries,
812 *Science*. American Association for the Advancement of Science, 338(6106), pp.
813 517–520. doi: 10.1126/SCIENCE.1223389.
- 814 Cuveliers, E. L. *et al.* 2011. Temporal genetic stability and high effective population size
815 despite fisheries-induced life-history trait evolution in the North Sea sole,
816 *Molecular Ecology*. John Wiley y Sons, Ltd, 20(17), pp. 3555–3568. doi:
817 10.1111/J.1365-294X.2011.05196.X.
- 818 DeMets, C. 1995. A reappraisal of seafloor spreading lineations in the Gulf of California:
819 Implications for the transfer of Baja California to the Pacific Plate and estimates
820 of Pacific-North America Motion, *Geophysical Research Letters*, 22(24), pp.
821 3545–3548. doi: 10.1029/95GL03323.
- 822 [DOF] Diario Oficial de la Federación. 2005. Acuerdo por el que se establece veda
823 temporal para la captura de curvina golfina (*Cynoscion othonopterus*), en las aguas
824 marinas y estuarinas de jurisdicción federal de la reserva de la biosfera Alto Golfo
825 de California y Delta del Río Colorado.
- 826 [DOF] Diario Oficial de la Federación. 2007. Norma Oficial Mexicana NOM-063-
827 PESC-2005, Pesca responsable de curvina golfina (*Cynoscion othonopterus*) en
828 aguas de jurisdicción federal del Alto Golfo de California y Delta del Río
829 Colorado. Especificaciones para su aprovechamiento., SAGARPA, pp. 1–6.
- 830 [DOF] Diario Oficial de la Federación. 2012. Acuerdo por el que se da a conocer el Plan
831 de Manejo Pesquero de curvina golfina (*Cynoscion othonopterus*) del norte del
832 Golfo de California.
- 833 [DOF] Diario Oficial de la Federación.. 2020. Acuerdo por el que se establece el
834 volumen de captura permisible para el aprovechamiento de curvina golfina
835 (*Cynoscion othonopterus*), en aguas de jurisdicción federal del Alto Golfo de
836 California y Delta del Río Colorado para la temporada de pesca 2020, pp. 2020–
837 2021.
- 838 [DOF] Diario Oficial de la Federación. 2021. Acuerdo por el que se establece el volumen
839 de captura permisible para el aprovechamiento de curvina golfina (*Cynoscion*

840 *othonopterus*), en aguas de jurisdicción federal del Alto Golfo de California y
841 Delta del Río Colorado para la temporada de pesca 2021.

842 Douglas, R. G. et al. 2001. Holocene Ocean - Climate Variations in Alfonso Basin, Gulf
843 of California, Mexico., West, GJ., Bujaloe., L.D. (Eds), Proceedings of the
844 eighteenth Pacific Climatic Workshop, Asilomar, Pacific Grove, CA, March 18-
845 21, 2001. Technical Report 68.

846 [EDF] Environmental Defense Fund-México. 2015. Resultados económicos de la
847 temporada de curvina golfina, 2015.

848 [EDF] Environmental Defense Fund-México. 2016. Resultados económicos de la
849 temporada de curvina golfina, Golfo de Santa Clara 2016. Available at:
850 <http://mexico.edf.org/recursos-de-oceanos>.

851 [EDF] Environmental Defense Fund-México. 2020. Monitoreo y seguimiento de la
852 curvina golfina en el Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado, para la
853 región de San Felipe y Cucapá en Baja California: Temporada 2020.

854 Enciso-Enciso, C. 2014. Evaluación de la pesquería de Curvina Golfina *Cynoscion*
855 *othonopterus* (GILBERT Y JORDAN, 1882) en el Alto Golfo de California.
856 Universidad Autónoma de Sinaloa.

857 Enciso-Enciso, C., Castro-González, J. J., Juárez-García, A. R. 2020. Recomendación de
858 la cuota de captura para el aprovechamiento de la curvina golfina (*Cynoscion*
859 *othonopterus*) en el Alto Golfo de California: Temporada de pesca 2020.

860 Enciso-Enciso, C., Zúñiga-Flores, J. J., Castro-González M.S. 2018. Biometrías de la
861 curvina golfina *Cynoscion othonopterus*, vinculantes en la evaluación y manejo de
862 la pesquería, *Ciencia Pesquera*, 26(2), pp. 47–57.

863 Erisman, B. E. et al. 2012. Spatio-temporal dynamics of a fish spawning aggregation and
864 its fishery in the Gulf of California, *Scientific Reports*, 2(284), pp. 1–11. doi:
865 10.1038/srep00284.

866 Erisman, Brand E. et al. 2014. The influence of gear selectivity and spawning behavior
867 on a data-poor assessment of a spawning aggregation fishery, *Fisheries Research*.
868 Elsevier, 159, pp. 75–87. doi: 10.1016/J.FISHRES.2014.05.013.

869 Erisman, B. E. et al. 2020. Balancing conservation and utilization in spawning aggregation
870 fisheries: A trade-off analysis of an overexploited marine fish, *ICES Journal of*
871 *Marine Science*. Oxford University Press, 77(1), pp. 148–161. doi:
872 10.1093/icesjms/fsz195.

- 873 Erisman, B. E. *et al.* 2021. Relationships among somatic growth, climate, and fisheries
874 production in an overexploited marine fish from the Gulf of California, Mexico,
875 *Fisheries Oceanography*. John Wiley y Sons, Ltd, 30(5), pp. 556–568. doi:
876 10.1111/FOG.12537.
- 877 Excoffier, L. 2004. Patterns of DNA sequence diversity and genetic structure after a range
878 expansion: lessons from the infinite-island model, *Molecular Ecology*. John Wiley
879 y Sons, Ltd, 13(4), pp. 853–864. doi: 10.1046/J.1365-294X.2003.02004.X.
- 880 Excoffier, L., Lischer, H. E. L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to
881 perform population genetics analyses under Linux and Windows, *Molecular*
882 *Ecology Resources*. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x.
- 883 Excoffier, L., Smouse, P. E., Quattro, J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred
884 from metric distances among DNA haplotypes: Application to human
885 mitochondrial DNA restriction data, *Genetics*. Oxford Academic, 131(2), pp. 479–
886 491. doi: 10.1093/genetics/131.2.479.
- 887 Frankham, R. 2005. Genetics and extinction, *Biological Conservation*, pp. 131–140. doi:
888 10.1016/j.biocon.2005.05.002.
- 889 Frankham, R., Bradshaw, C. J. A., Brook, B. W. 2014. Genetics in conservation
890 management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and
891 population viability analyses, *Biological Conservation*, 170, pp. 56–63. doi:
892 10.1016/j.biocon.2013.12.036.
- 893 Franklin, I. R. 1980. Evolutionary change in small populations, *Conservation Biology and*
894 *Evolutionary-Ecological Perspective*, (Chapter 6), pp. 135–150.
- 895 Fu, Y. X. 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth,
896 hitchhiking and background selection, *Genetics*. Oxford Academic, 147(2), pp.
897 915–925. doi: 10.1093/genetics/147.2.915.
- 898 Gandra, M. *et al.* 2021. Reduced Global Genetic Differentiation of Exploited Marine Fish
899 Species, *Molecular Biology and Evolution*. Oxford Academic, 38(4), pp. 1402–
900 1412. doi: 10.1093/MOLBEV/MSAA299.
- 901 Garcés-Rodríguez, Y. *et al.* 2018. Larval distribution and connectivity of the endemic
902 Sciaenidae species in the Upper Gulf of California, *Journal of Plankton Research*,
903 40(5), pp. 606–618. doi: 10.1093/plankt/fby033.
- 904 Gherard, Katie E *et al.* 2013. Fishery-Dependent Estimates of Growth, Development, and
905 Reproduction in Gulf Corvina (*Cynoscion othonopterus*), *Bulletin of the Southern*

- 906 California Academy of Sciences. Available at:
907 <http://scholar.oxy.edu/scas> Available at: <http://scholar.oxy.edu/scas/vol112/iss1/1>.
- 908 Gherard, Katie E. *et al.* 2013. Growth, Development, and Reproduction in Gulf Corvina
909 (*Cynoscion othonopterus*), *Bulletin, Southern California Academy of Sciences*.
910 Southern California Academy of Sciences, 112(1), pp. 1–18.
- 911 Gomez-Uchida, D. and Banks, M. A. 2006. Estimation of Effective Population Size for
912 the Long-Lived Darkblotched Rockfish *Sebastes crameri*, *Journal of Heredity*.
913 Oxford Academic, 97(6), pp. 603–606. doi: 10.1093/JHERED/ESL042.
- 914 Haffray, P. *et al.* 2012. Very high genetic fragmentation in a large marine fish, the meagre
915 *Argyrosomus regius* (Sciaenidae, Perciformes): Impact of reproductive migration,
916 oceanographic barriers and ecological factors, *Aquatic Living Resources*, 25(2),
917 pp. 173–183. doi: 10.1051/alr/2012016.
- 918 Han, Z. *et al.* 2015. Lack of genetic structure in endangered large yellow croaker
919 *Larimichthys crocea* from China inferred from mitochondrial control region
920 sequence data, *Biochemical Systematics and Ecology*. Elsevier Ltd, 61, pp. 1–7.
921 doi: 10.1016/j.bse.2015.04.025.
- 922 Han, Z. Q. *et al.* 2008a. Deep phylogeographic break among white croaker *Pennahia*
923 *argentata* (Sciaenidae, Perciformes) populations in North-western Pacific,
924 *Fisheries Science*, 74(4), pp. 770–780. doi: 10.1111/j.1444-2906.2008.01588.x.
- 925 Han, Z. Q. *et al.* 2008b. Genetic population structure of *Nibea albiflora* in Yellow Sea and
926 East China Sea, *Fisheries Science*, 74(3), pp. 544–552. doi: 10.1111/j.1444-
927 2906.2008.01557.x.
- 928 Hare, M. P. *et al.* 2011. Understanding and Estimating Effective Population Size for
929 Practical Application in Marine Species Management, *Conservation Biology*, pp.
930 438–449.
- 931 Hauser, L., Carvalho, G. R. 2008. Paradigm shifts in marine fisheries genetics: Ugly
932 hypotheses slain by beautiful facts, *Fish and Fisheries*, 9(4), pp. 333–362. doi:
933 10.1111/j.1467-2979.2008.00299.x.
- 934 Hedgecock, D. 1994. Does variance in reproductive success limit effective population
935 sizes of marine organisms? In: Genetics and evolution of aquatic organisms
936 (Beaumont A, ed), *Genetics and evolution of aquatic organisms* Ed. by A. Beaumont
937 A., (January 1994), pp. 122–134.

- 938 Henriques, R. *et al.* 2014. Population connectivity and phylogeography of a coastal fish,
939 *Atractoscion aequidens* (Sciaenidae), across the Benguela Current region:
940 Evidence of an ancient vicariant event, *PLoS ONE*. Public Library of Science, 9(2).
941 doi: 10.1371/journal.pone.0087907.
- 942 Ho, S. Y. W. *et al.* 2011. Time-dependent rates of molecular evolution, *Molecular*
943 *Ecology*, 20(15), pp. 3087–3101. doi: 10.1111/J.1365-294X.2011.05178.X.
- 944 Hoban, S. M. *et al.* 2013. High variance in reproductive success generates a false signature
945 of a genetic bottleneck in populations of constant size: A simulation study, *BMC*
946 *Bioinformatics*. BioMed Central, 14(1), pp. 1–10. doi: 10.1186/1471-2105-14-309.
- 947 Jorde, P. E. 2012. Allele frequency covariance among cohorts and its use in estimating
948 effective size of age-structured populations, *Molecular Ecology Resources*, 12(3),
949 pp. 476–480. doi: 10.1111/j.1755-0998.2011.03111.x.
- 950 Jorde, P. E., Ryman, N. 1995. Temporal allele frequency change and estimation of
951 effective size in populations with overlapping generations, *Genetics*, 139(2), pp.
952 1077–1090.
- 953 Kimura, M. 1969. The number of heterozygous nucleotide sites maintained in a finite
954 population due to steady flux of mutations., *Genetics*, 61(4), pp. 893–903. doi:
955 10.1093/genetics/61.4.893.
- 956 Kocher, T. D. *et al.* 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals:
957 Amplification and sequencing with conserved primers, *Proceedings of the*
958 *National Academy of Sciences of the United States of America*, 86(16), pp. 6196–
959 6200. doi: 10.1073/pnas.86.16.6196.
- 960 Kumar, S. *et al.* 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across
961 computing platforms, *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), pp. 1547–1549.
962 doi: 10.1093/molbev/msy096.
- 963 Laconcha, U. *et al.* 2015. New Nuclear SNP Markers Unravel the Genetic Structure and
964 Effective Population Size of Albacore Tuna (*Thunnus alalunga*), *PLOS ONE*.
965 Public Library of Science, 10(6), p. e0128247. doi:
966 10.1371/JOURNAL.PONE.0128247.
- 967 Laikre, L. *et al.* 2008. Potentials for monitoring gene level biodiversity: using Sweden as
968 an example, *Biodiversity and Conservation* 2008 17:4. Springer, 17(4), pp. 893–
969 910. doi: 10.1007/S10531-008-9335-2.

- 970 Lankau, R. *et al.* 2011. Incorporating evolutionary principles into environmental
971 management and policy, *Evolutionary Applications*. John Wiley y Sons, Ltd, 4(2),
972 pp. 315–325. doi: 10.1111/J.1752-4571.2010.00171.X.
- 973 Larsson, L. C. *et al.* 2009. Temporally stable genetic structure of heavily exploited
974 Atlantic herring (*Clupea harengus*) in Swedish waters, *Heredity* 2010 104:1.
975 Nature Publishing Group, 104(1), pp. 40–51. doi: 10.1038/hdy.2009.98.
- 976 Leblois, R. *et al.* 2020. The Migraine project : A user- friendly software for likelihood-
977 based inferences of spatial structure and demographic history from genetic data To
978 cite this version : HAL Id : hal-02803141 The Migraine project : A “ user-friendly
979 ” software for likelihood.
- 980 Ledesma-Vázquez, J. 2002. A gap in the Pliocene invasion of seawater to the Gulf of
981 California, *Revista Mexicana de Ciencias Geológicas*, 19(3), pp. 145–151.
- 982 Leigh, J. W., Bryant, D. 2015. POPART: Full-feature software for haplotype network
983 construction, *Methods in Ecology and Evolution*. doi: 10.1111/2041-210X.12410.
- 984 Lynch, M. . Lande, R. 1998. The critical effective size for a genetically secure population,
985 *Animal Conservation*. John Wiley & Sons, Ltd, 1(1), pp. 70–72. doi:
986 10.1111/J.1469-1795.1998.TB00229.X.
- 987 Marandel, F. *et al.* 2019. Estimating effective population size of large marine populations,
988 is it feasible?, *Fish and Fisheries*. John Wiley & Sons, Ltd, 20(1), pp. 189–198.
989 doi: 10.1111/FAF.12338.
- 990 Mendivil-Mendoza, J. E. *et al.* 2018. Indicadores de sustentabilidad para la pesquería de
991 curvina golfina *Cynoscion othonopterus* en el Alto Golfo de California, *Revista de*
992 *biología marina y oceanografía*, 53(1), pp. 119–130. doi: 10.4067/s0718-
993 19572018000100119.
- 994 Mitchell, D. R. *et al.* 2014. Coastal Adaptations During the Archaic Period in the Northern
995 Sea of Cortez, Mexico, *Journal of Island and Coastal Archaeology*, 10(1), pp. 28–
996 51. doi: 10.1080/15564894.2014.881938.
- 997 Musick, J. A. *et al.* 2000. Marine, Estuarine, and Diadromous Fish Stocks at Risk of
998 Extinction in North America (Exclusive of Pacific Salmonids)., *Fisheries*, 25(11),
999 pp. 6–30. doi: 10.1577/1548-8446(2000)025<0006:meadfs>2.0.co;2.
- 1000 Niwa, H. S., Nashida, K., Yanagimoto, T. 2017. Allelic inflation in depleted fish
1001 populations with low recruitment, *ICES Journal of Marine Science*, 74(6), pp.
1002 1639–1647. doi: 10.1093/icesjms/fsx022.

- 1003 Nunziata, S. O., Weisrock, D. W. 2018. Estimation of contemporary effective population
1004 size and population declines using RAD sequence data, *Heredity*. Nature
1005 Publishing Group, 120(3), pp. 196–207. doi: 10.1038/s41437-017-0037-y.
- 1006 Ortiz, R. *et al.* 2016. Monitoreo biológico-pesquero de la curvina golfina en el Alto Golfo
1007 de California, *DataMares.InteractiveResourse*. doi: 10.13022/M3D01G.
- 1008 Ovenden, J. R. *et al.* 2015. Oceans eleven: A critical evaluation of the role of population,
1009 evolutionary and molecular genetics in the management of wild fisheries, *Fish and*
1010 *Fisheries*. Blackwell Publishing Ltd, 16(1), pp. 125–159. doi: 10.1111/faf.12052.
- 1011 Páez-Osuna, F. *et al.* 2016. Environmental status of the Gulf of California: A review of
1012 responses to climate change and climate variability, *Earth-Science Reviews*.
1013 Elsevier, 162, pp. 253–268. doi: 10.1016/J.EARSCIREV.2016.09.015.
- 1014 Panarari-Antunes, R. S. *et al.* 2012. Genetic divergence among invasive and native
1015 populations of *Plagioscion squamosissimus* (Perciformes, Sciaenidae) in
1016 Neotropical regions, *Journal of Fish Biology*, 80(7), pp. 2434–2447. doi:
1017 10.1111/j.1095-8649.2012.03290.x.
- 1018 Peñaranda-Gonzalez, L.V. 2013. Caracterización genético-poblacional basada en
1019 marcadores moleculares tipo microsatélites en la corvina golfina (*Cynoscion*
1020 *othonopterus*) del Alto Golfo de California. Universidad Autónoma de Baja
1021 California.
- 1022 Petit, R. J., El Mousadik, A., Pons, O. 1998. Identifying Populations for Conservation on
1023 the Basis of Genetic Markers, *Conservation Biology*, 12(4), pp. 844–855. doi:
1024 10.1111/j.1523-1739.1998.96489.x.
- 1025 Pollack, E. 1983. A new method for estimating the effective population size from allele
1026 frequency changes, *Genetics*, 104, pp. 531–548.
- 1027 Posada, D., Crandall, K. A. 2001. Intraespecific gene genealogies:, *Trends in Ecology and*
1028 *Evolution*, 16(00), pp. 37–45.
- 1029 Puchnick, A. L., Levy, J. A. 2006. Genetic structure of Brazilian populations of white
1030 mouth croaker *Micropogonias furnieri* (Perciformes: Sciaenidae), *Brazilian*
1031 *Archives of Biology and Technology*, 49(3), pp. 429–439. doi: 10.1590/S1516-
1032 89132006000400011.
- 1033 Rambaut, A. *et al.* 2018. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer
1034 1.7, *Systematic Biology*. Oxford University Press, 67(5), pp. 901–904. doi:
1035 10.1093/sysbio/syy032.

- 1036 Ray, N., Currat, M., Excoffier, L. 2003. Intra-deme molecular diversity in spatially
1037 expanding populations, *Molecular biology and evolution*. Mol Biol Evol, 20(1),
1038 pp. 76–86. doi: 10.1093/MOLBEV/MSG009.
- 1039 Riccioni, G. *et al.* 2010. Spatio-temporal population structuring and genetic diversity
1040 retention in depleted Atlantic Bluefin tuna of the Mediterranean Sea, *Proceedings*
1041 *of the National Academy of Sciences*. National Academy of Sciences, 107(5), pp.
1042 2102–2107. doi: 10.1073/PNAS.0908281107.
- 1043 Ríos-Medina, K. 2008. Análisis de diversidad y estructura genética de la corvina blanca
1044 (*Atractoscion nobilis*) de las costas de la Península de Baja California (México) y
1045 California (EE.UU.) como primera aproximación para evaluar el impacto de su
1046 programa de repoblación. UABC.
- 1047 Ríos-Medina, K. 2012. Diversidad genética de la corvina golfina (*Cynoscion*
1048 *othonopterus*) en la Reserva de la Biosfera del Alto Golfo de California y Delta
1049 del Río Colorado. Universidad Autónoma de Baja California.
- 1050 Ritter, E. W. 2018. Initial Archaeological Investigation At A Prehistoric Site Along Bahía
1051 San Luis Gonzaga/Ensenada de San Francisco, Baja California, *SCA Proceedings*,
1052 32, pp. 78–97.
- 1053 Rivera-León, V. E. *et al.* 2019. Long-term isolation at a low effective population size
1054 greatly reduced genetic diversity in Gulf of California fin whales, *Scientific*
1055 *Reports*, 9(1), pp. 1–12. doi: 10.1038/s41598-019-48700-5.
- 1056 Rodrigues, R. *et al.* 2008. Low levels of genetic diversity depicted from mitochondrial
1057 DNA sequences in a heavily exploited marine fish (*Cynoscion acoupa*, Sciaenidae)
1058 from the Northern coast of Brazil. Available at: www.sbg.org.br.
- 1059 Rodrigues, R. *et al.* 2014. Mitochondrial DNA reveals population structuring in *Macrodon*
1060 *atricauda* (Perciformes: Sciaenidae): A study covering the whole geographic
1061 distribution of the species in the southwestern Atlantic, *Mitochondrial DNA*, 25(2),
1062 pp. 150–156. doi: 10.3109/19401736.2013.792053.
- 1063 Rodríguez-García, O. *et al.* 2020. New features on spatial distribution, age and growth of
1064 the protected species *Totoaba macdonaldi* in the Gulf of California, *Biotechnia*, pp.
1065 61–72.
- 1066 Rodríguez, G. Q., Bracamonte, A. S. 2008. Pertinencia de las ANP como política de
1067 conservación y mejoramiento de la calidad de vida. Análisis de percepción en la
1068 Reserva de la Biosfera del Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado., pp.
1069 16–32.

- 1070 Rogers, A. R., Harpending, H. 1992. Population growth makes waves in the distribution
1071 of pairwise genetic differences, *Molecular Biology Evolution*, 9(3), pp. 552–569.
1072 doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040727.
- 1073 Román-Rodríguez, M. J. 2000. Estudio poblacional del chano norteño, *Micropogonias*
1074 *megalops* y la curvina golfina *Cynoscion othonopterus* (Gilbert) (Pisces:
1075 Sciaenidae), especies endémicas del Alto Golfo de California, México. Hermosillo.
- 1076 Rousset, F., Beeravolu, C. R., Leblois, R. 2018. Likelihood computation and inference of
1077 demographic and mutational parameters from population genetic data under
1078 coalescent approximations, *Journal de la Société Française de Statistique*, 159(3),
1079 pp. 142–166.
- 1080 Rowell, T. J. *et al.* 2017. Estimating fish abundance at spawning aggregations from
1081 courtship sound levels, *Scientific Reports*. Nature Publishing Group, 7(1), pp. 1–
1082 14. doi: 10.1038/s41598-017-03383-8.
- 1083 Rozas, J. *et al.* 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets,
1084 *Molecular Biology and Evolution*.
- 1085 Ruelas-Peña, J. H., Valdez-Muñoz, C., Aragón-Noriega, E. A. 2013. Analysis of the
1086 corvina gulf fishery as a function of management actions in the Upper Gulf of
1087 California, Mexico, *Latin American Journal of Aquatic Research*, 41(3), pp. 498–
1088 505. doi: 10.3856/vol41-issue3-fulltext-13.
- 1089 Ruzzante, D. E. *et al.* 2008. Climate control on ancestral population dynamics: Insight
1090 from Patagonian fish phylogeography, *Molecular Ecology*, 17(9), pp. 2234–2244.
1091 doi: 10.1111/j.1365-294X.2008.03738.x.
- 1092 Sadovy de Mitcheson, Y. *et al.* 2019. Emerging from the murk: threats, challenges and
1093 opportunities for the global swim bladder trade, *Reviews in Fish Biology and*
1094 *Fisheries*. Springer International Publishing, 29(4), pp. 809–835. doi:
1095 10.1007/s11160-019-09585-9.
- 1096 dos Santos, A. F. *et al.* 2017. The mitochondrial control region reveals genetic structure
1097 in southern kingcroaker populations on the coast of the Southwestern Atlantic,
1098 *Fisheries Research*. Elsevier B.V., 191, pp. 87–94. doi:
1099 10.1016/j.fishres.2017.03.008.
- 1100 Santos, S. *et al.* 2006. Population genetic structuring of the king weakfish, *Macrodon*
1101 *ancylodon* (Sciaenidae), in Atlantic coastal waters of South America: Deep genetic
1102 divergence without morphological change, *Molecular Ecology*, 15(14), pp. 4361–
1103 4373. doi: 10.1111/j.1365-294X.2006.03108.x.

- 1104 Seyoum, S., Tringali, M. D., Bert, T. M. 2000. An analysis of genetic population structure
1105 in red drum, *Sciaenops ocellatus*, based on mtDNA control region sequences,
1106 *Fishery Bulletin*, 98(1), pp. 127–138.
- 1107 Song, N. *et al.* 2014. Genetic structure and historical demography of *Collichthys lucidus*
1108 inferred from mtDNA sequence analysis, *Environmental Biology of Fishes*, 97(1),
1109 pp. 69–77. doi: 10.1007/s10641-013-0124-8.
- 1110 Staff of the Bureau of Marine Fisheries. 1949. The Commercial Fish Catch of California
1111 for the 1947: With an Historical Review 1916-1947, *Fish. Bulletin*, (74), p. 268.
- 1112 Stopar, K. *et al.* 2010. Lack of genetic structure in the jellyfish *Pelagia noctiluca*
1113 (Cnidaria: Scyphozoa: Semaestomeae) across European seas, *Molecular*
1114 *Phylogenetics and Evolution*. Academic Press, 57(1), pp. 417–428. doi:
1115 10.1016/J.YMPEV.2010.07.004.
- 1116 Suchard, M. *et al.* 2018. Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using
1117 BEAST 1.10, *Virus evolution*. *Virus Evol*, 4(1). doi: 10.1093/VE/VEY016.
- 1118 Tajima, F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA
1119 polymorphism, *Genetics*. Oxford Academic, 123(3), pp. 585–595. doi:
1120 10.1093/genetics/123.3.585.
- 1121 Technelysium, South Brisbane, QLD, A. *ChromasPro* | *Technelysium Pty Ltd*. Available
1122 at: <http://technelysium.com.au/wp/chromaspro/> (Accessed: 27 September 2021).
- 1123 Turner, T. F., Richardson, L. R., Gold, J. R. 1999. Temporal genetic variation of
1124 mitochondrial DNA and the female effective population size of red drum
1125 (*Sciaenops ocellatus*) in the northern Gulf of Mexico, *Molecular Ecology*.
- 1126 Turner, T. F., Wares, J. P. , Gold, J. R. 2002. Genetic Effective Size Is Three Orders of
1127 Magnitude Smaller Than Adult Census Size in an Abundant, Estuarine-Dependent
1128 Marine Fish (*Sciaenops ocellatus*), *Genetics Society of America*, 162, pp. 1329–
1129 1339.
- 1130 Valenzuela-Quinonez, F. *et al.* 2014. Inferring past demographic changes in a critically
1131 endangered marine fish after fishery collapse, *ICES Journal of Marine Science*.
1132 Oxford University Press, 71(7), pp. 1619–1628. doi: 10.1093/icesjms/fsu058.
- 1133 Valenzuela-Quinonez, F. *et al.* 2016. Panmixia in a critically endangered fish: The totoaba
1134 (*Totoaba macdonaldi*) in the gulf of California, *Journal of Heredity*, 107(6), pp.
1135 496–503. doi: 10.1093/jhered/esw046.

- 1136 Vergara-Chen, C. *et al.* 2009. A mitochondrial DNA based phylogeny of weakfish species
1137 of the Cynoscion group (Pisces: Sciaenidae), *Molecular Phylogenetics and*
1138 *Evolution*, 53(2), pp. 602–607. doi: 10.1016/j.ympev.2009.06.013.
- 1139 Vignaud, T. M. *et al.* 2014. Genetic structure of populations of whale sharks among ocean
1140 basins and evidence for their historic rise and recent decline, *Molecular Ecology*.
1141 John Wiley & Sons, Ltd, 23(10), pp. 2590–2601. doi: 10.1111/MEC.12754.
- 1142 Waples, R., Naish, K. 2009. Genetic and Evolutionary Considerations in Fishery
1143 Management: Research Needs for the Future.
- 1144 Waples, R. S. 1989. A generalized approach for estimating effective population size from
1145 temporal changes in allele frequency, *Genetics*, 121(2), pp. 379–391.
- 1146 Waples, Robin S. 1989. Genetic estimates of contemporary effective population size: To
1147 what time periods do the estimates apply?, *Molecular Ecology*, 121(2), pp. 379–
1148 391. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02673.x.
- 1149 Waples, R. S. *et al.* 2018. Robust estimates of a high Ne/N ratio in a top marine predator,
1150 southern bluefin tuna, *Science Advances*. American Association for the
1151 Advancement of Science, 4(7), p. eaar7759. doi: 10.1126/SCIADV.AAR7759.
- 1152 Waples, R. S. , Yokota, M. 2007. Temporal estimates of effective population size in
1153 species with overlapping generations, *Genetics*. Oxford Academic, 175(1), pp.
1154 219–233. doi: 10.1534/genetics.106.065300.
- 1155 Wu, R. 2012. Population genetic structure and demographic history of small yellow
1156 croaker, *Larimichthys polyactis* (Bleeker, 1877), from coastal waters of China,
1157 *African Journal of Biotechnology*, 11(61), pp. 12500–12509. doi:
1158 10.5897/ajb12.1060.
- 1159 Zhao, L. *et al.* 2017. Phylogeography and population structure of - *Grypotus* (Richardson,
1160 1846) as revealed by mitochondrial control region sequences, *ZooKeys*,
1161 2017(705), pp. 143–158. doi: 10.3897/zookeys.705.13001.
- 1162

10. Pies de figura

Figura 1. Distribución geográfica conocida (a); modificada de Rowell et al. (2017) y producción histórica anual de la curvina golfina en el Alto Golfo de California (b); construido a partir de DOF (2012), Román-Rodríguez (2000), Ruelas-Peña et al. (2013), Mendivil-Mendoza et al. (2018) y EDF, 2020. La línea roja representa la cuota total permisible, por temporada de pesca, reportada en el Diario Oficial de la Federación para la curvina golfina.

Figura 2. Variación temporal de los índices de diversidad genética mitocondrial de la curvina golfina para las muestras obtenidas en el periodo 2008-2020. La diversidad haplotípica (h) representada en el eje de ordenadas principal y la diversidad nucleotídica (π_n) en el eje secundario de ordenadas. El marcador central corresponde a la media y las líneas a la desviación estándar.

Figura 3. Red de expansión mínima de haplotipos obtenida a partir de la región control del ADN mitocondrial (RC-ADNmt) de ejemplares de la curvina golfina. Los círculos representan a los haplotipos con tamaños proporcionales a su frecuencia en la muestra total.

Figura 4. Magnitud del cambio demográfico en la población de curvina golfina inferida en Migraine. Superficie de Máxima Verosimilitud (SMV) para los valores de diversidad genética ancestral ($\theta_{anc} = 2N_{anc}\mu$; eje de ordenadas) y actual ($\theta_{act} = 2N_{act}\mu$; eje de abscisas). Los ejes se muestran en escala logarítmica.

Figura 5. Análisis de componentes principales (C.P) de los seis escenarios en competencia mediante DIYABC. Las estadísticas de resumen basadas en 500,000 simulaciones muestran el ajuste entre los conjuntos de datos simulados para cada escenario y el conjunto de datos observados (circulo naranja).

Figura 6. Diagrama de horizonte bayesiano (DHB) que muestra el cambio del tamaño efectivo poblacional de hembras (N_{ef}) de la curvina golfina. El inicio del cambio demográfico en el tiempo se estimó usando una tasa mutacional de 1.7×10^{-5} cambios por sitio por generación. El eje de las abscisas muestra los años antes del presente y el eje de las ordenadas corresponde a los cambios de N_{ef} en el tiempo. La línea sólida azul es la media estimada y la superficie suavizada muestra los IMDP al 95%.

11. Lista de tablas

Tabla 1. Número de ejemplares de curvina golfina muestreados por año y lugar de procedencia del material biológico.

Año	Procedencia*	Localidad**	N
2008	Arribo	SF	93
2009	Arribo-Pescadería	SC-SF	110
2010	Arribo-Pescadería	SC-SF-AG	129
2011	Arribo-Pescadería	SC-SF-AG	100
2012	Arribo-Pescadería	SC-SF-AG	129
2013	Aseguramiento PROFEPA	AG	522
2017	Pescadería-Aseguramiento FGR	AG	143
2018	Pescadería	SC-AG	175
2019	Pescadería-Aseguramiento FGR	AG	198
2020	Pescadería	AG	118
Global		AG	1,717

*Las muestras se obtuvieron de diversas fuentes: Arribo comercial de la pesquería en playa (Arribo); toma de muestras en mercados locales (Pescadería) y aseguramientos realizados por la Procuraduría de Protección al Ambiente (Aseguramiento PROFEPA) o la Fiscalía General de la República (Aseguramiento-FGR).

**SC; Golfo de Santa Clara, Sonora., SF; San Felipe, Baja California., y AG; Alto Golfo de California, México.

Tabla 2. Estimaciones del tamaño efectivo de hembras, ancestral (N_{ef-anc}) y actual (N_{ef-act}), razón de cambio de N_{ef} ($N_{act/anc}$), tiempo (t) en años desde que empezó el cambio y la relación del tamaño efectivo poblacional actual (N_{e-act}) en comparación al tamaño censal (N_c), con los distintos métodos de inferencia utilizados en este estudio para la curvina golfina.

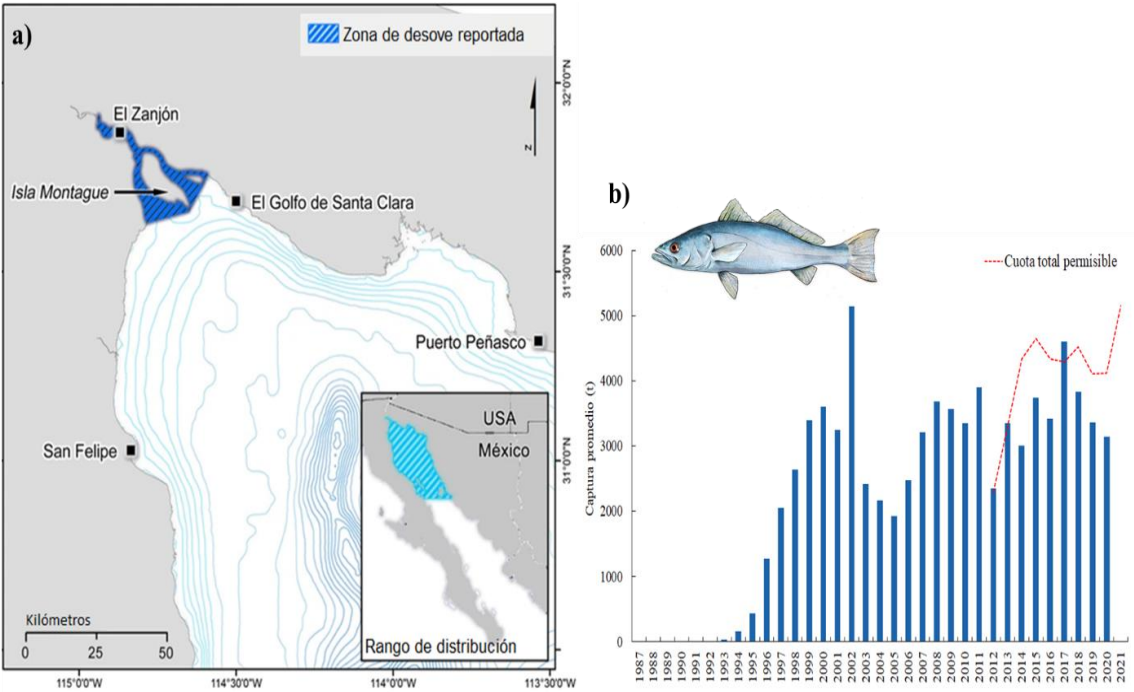
Método	N_{ef-anc}	N_{ef-act}	$N_{act/anc}$	t (años)	N_{e-act}/N_c
Frecuencia de haplotipos					
Cambio Temporal	-	225 (144 - 325)	-	-	0.00008
Diferencias pareadas					
Arlequin (IC _{95%})	0.1 (0 - 50)	249 (44 - 88,628)	2,547 (438 - 889,754)	330 (0 - 1,115,984)	0.00009
Superficie de máxima verosimilitud					
Migraine (IC _{95%})	18 (0 - 199)	886 (537 - 1,465)	50 (3 - 14,650)	279 (43 - 2,344)	0.00032
Cálculo bayesiano					
DIYABC (IMDP _{95%})	88 (51 - 130)	3,750 (3,470 - 4, 040)	42 (26 - 79)	208 (128 - 287)	0.00134
Diagrama de horizonte bayesiano					
Beast (IMDP _{95%})	646 (29 - 2,072)	782 (79 - 2,273)	1.2 (1 - 78)	247 (128 - 288)	0.00023

1201

1202

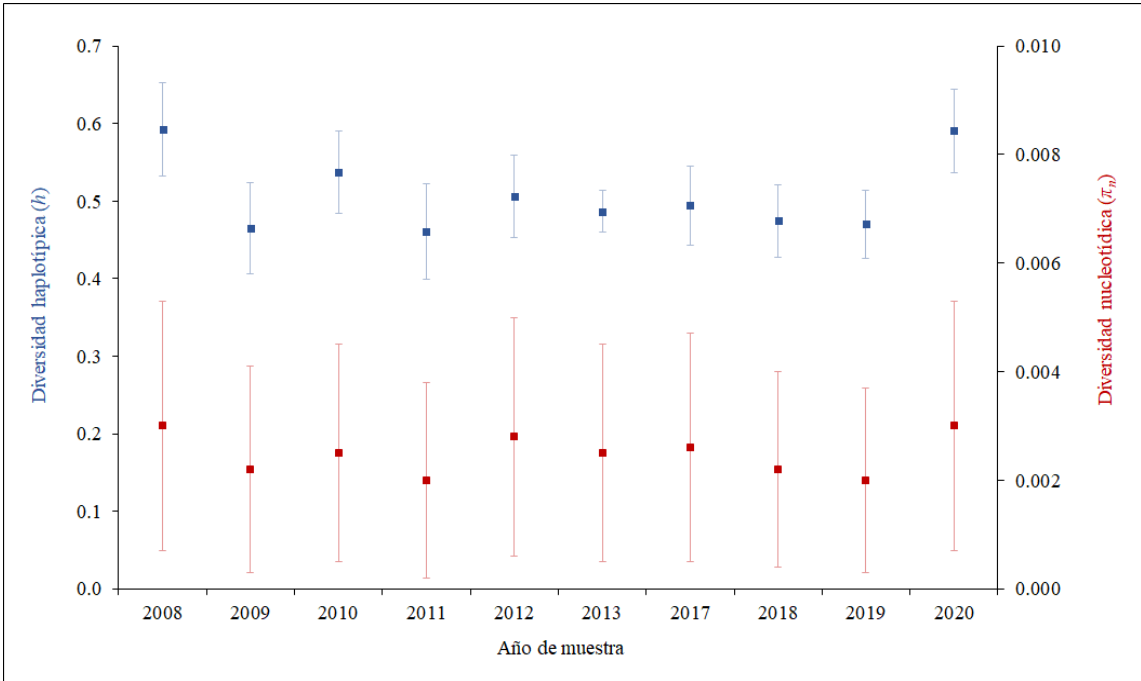
1203 12. Lista de figuras

1204 Figura 1.



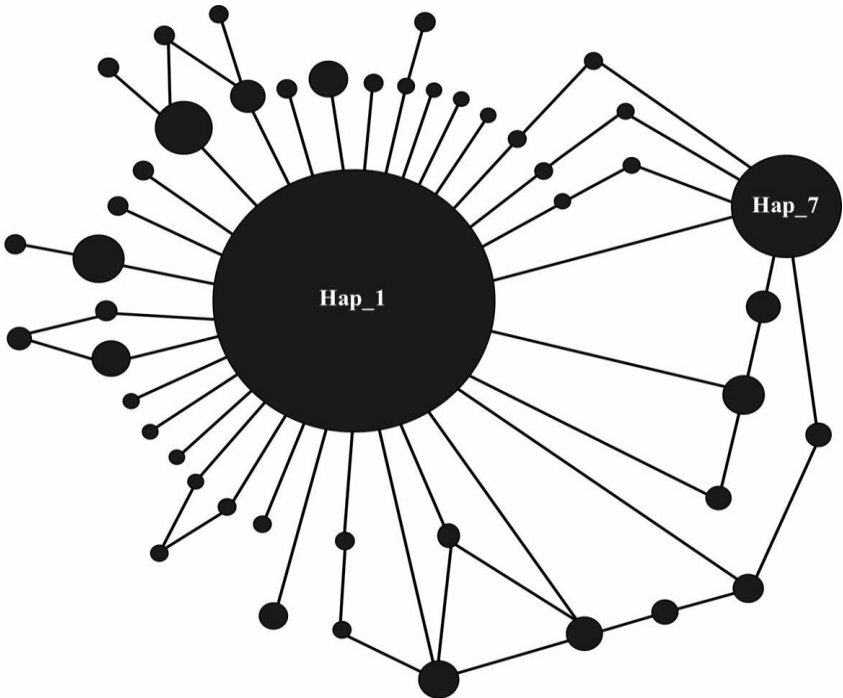
1205

1206 Figura 2.



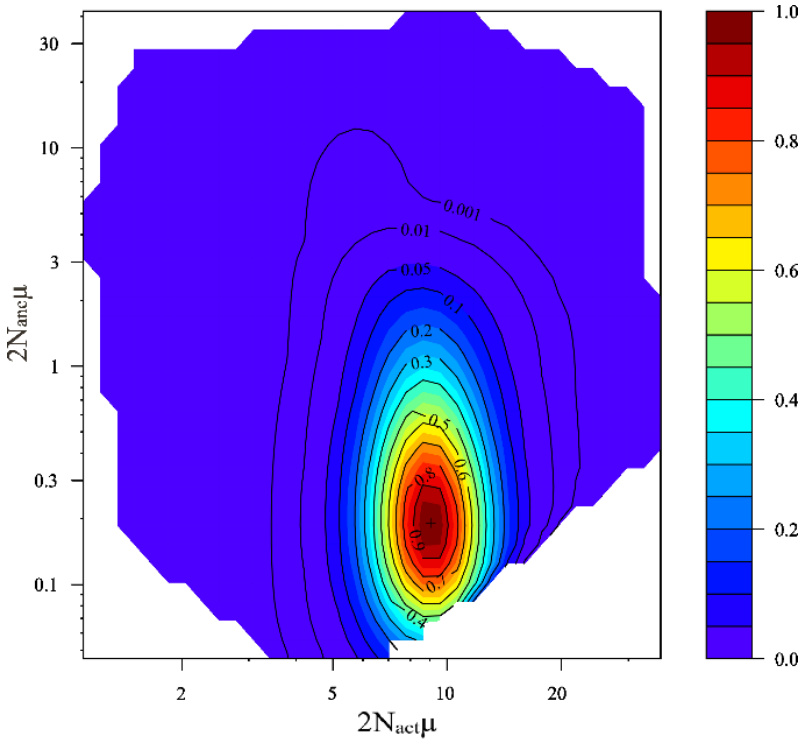
1207

1208 **Figura 3**



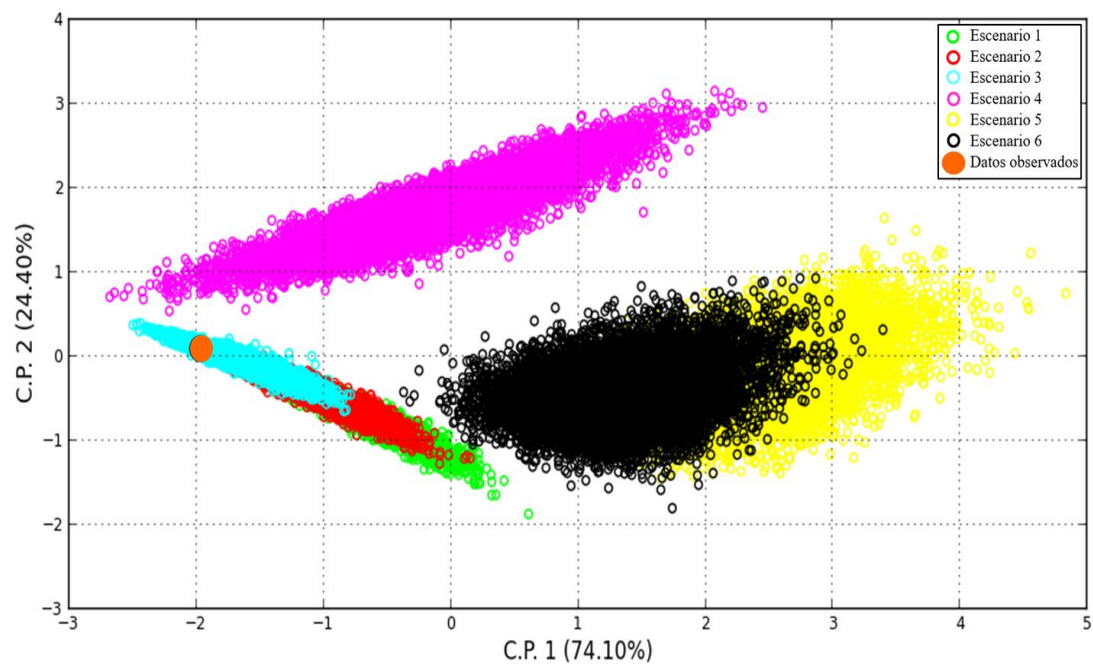
1209

1210 **Figura 4**



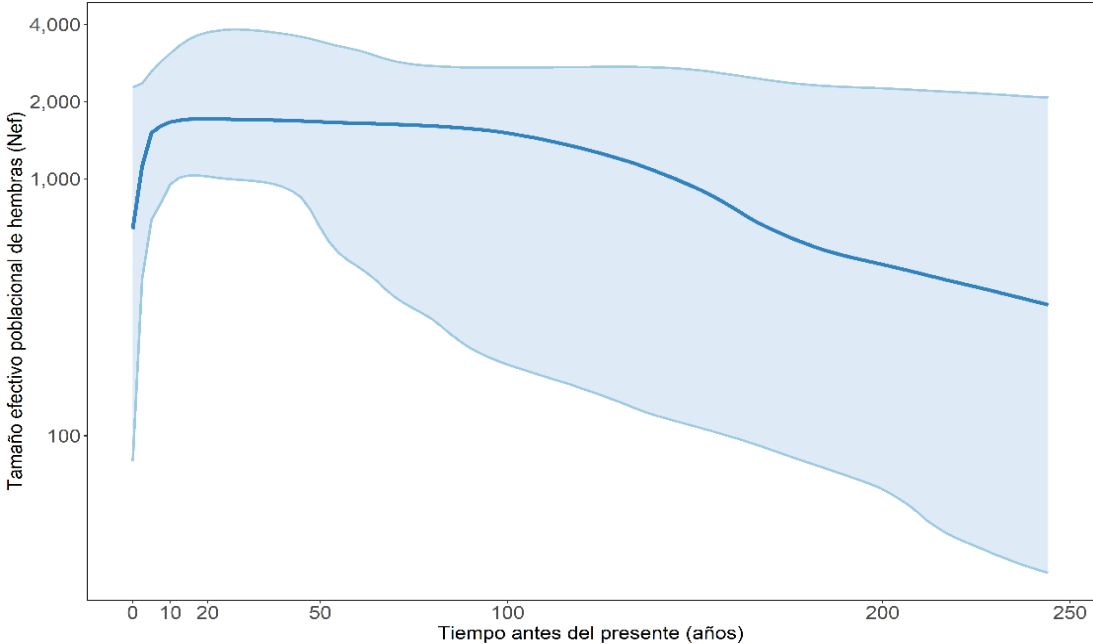
1211

1212 **Figura 5**



1213

1214 **Figura 6**



1215

1216 13. Material suplementario (Anexos)

1217 13.1 Anexo A

1218 Resumen de los estadísticos básicos de la diversidad genética, la frecuencia relativa de los
 1219 haplotipos identificados y el criterio para seleccionar el modelo de sustitución de mejor
 1220 ajuste con las características del conjunto de secuencias de la RC-ADNmt obtenidas de
 1221 curvina golfina para el periodo 2008-2020.

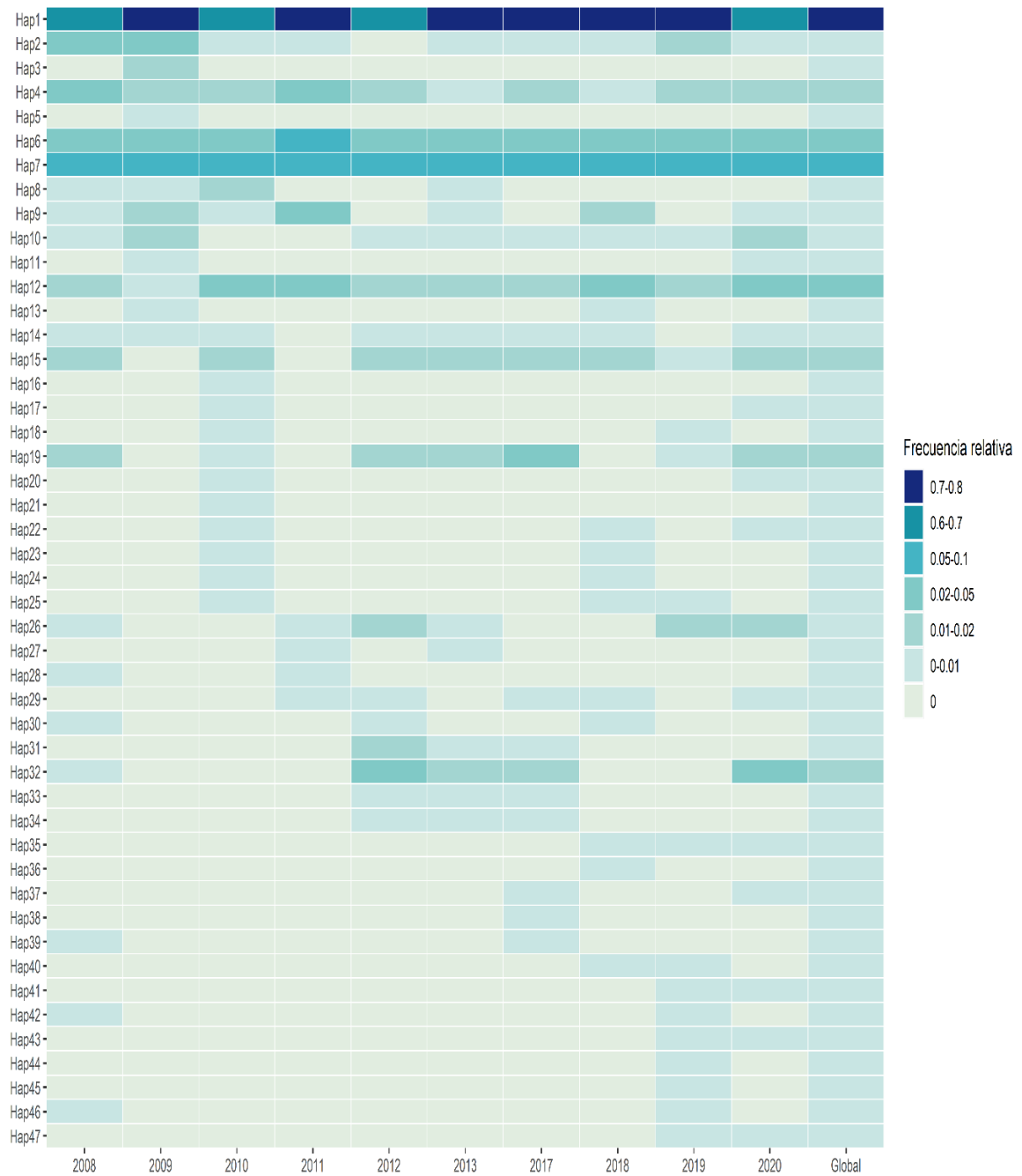
Tabla A1. Resumen de los estadísticos descriptivos de la diversidad genética de la RC-ADNmt de *C. othonopterus* en el periodo comprendido de 2008 a 2020.

Año	N	N_h	H_r	h	π_n	ts	tv	S	D	F_s
2008	93	19	18	0.592 ± 0.060	0030 ± 0.0023	16	1	16	-2.00	-1.94E+01
2009	110	14	12	0.465 ± 0.059	0022 ± 0.0019	11	2	13	-1.95	-1.28E+01
2010	129	20	15	0.537 ± 0.053	0025 ± 0.0021	17	3	19	-2.18	-2.24E+01
2011	100	11	10	0.461 ± 0.061	0021 ± 0.0018	11	1	12	-1.94	-8.40E+00
2012	129	16	13	0.506 ± 0.054	0028 ± 0.0022	16	4	19	-2.10	-1.30E+01
2013	522	32	14	0.487 ± 0.027	0025 ± 0.0020	26	7	32	-2.21	-3.40E+38
2017	143	18	13	0.494 ± 0.051	0026 ± 0.0021	17	6	22	-2.26	-1.75E+01
2018	175	20	13	0.475 ± 0.047	0022 ± 0.0019	19	2	21	-2.25	-2.33E+01
2019	198	21	13	0.470 ± 0.044	0020 ± 0.0018	18	1	17	-2.06	-2.62E+01
2020	118	23	19	0.590 ± 0.054	0030 ± 0.0023	17	3	19	-2.09	-2.65E+01
Global	1717	47	15	0.499 ± 0.015	0026 ± 0.0021	32	9	39	-2.12	-3.40E+38

N =tamaño de muestra, N_h = número de haplotipos, H_r = riqueza haplotípica con un tamaño mínimo de muestra de 93, h = diversidad haplotípica, π_n =diversidad nucleotídica, ts = número de sustituciones, tv = número de transversiones, S = sitios polimórficos, D = D de Tajima y F_s = F_s de F. Tanto para D como para F_s todos los valores fueron negativos y significativos ($p < 0.01$).

1222

1223



1224

1225

1226

1227

1228

Figura A1. Mapa de calor que compara la frecuencia relativa de los 47 haplotipos de la curvina golfina descritos para el periodo 2008-2020. En la paleta de color el tono azul intenso denota frecuencias altas y los tonos azules tenues corresponde a las frecuencias más bajas.

1229

Tabla A2. Ajustes de máxima verosimilitud para 24 modelos de sustitución nucleotídica. Se considera que los modelos con las puntuaciones del criterio de información bayesiano (BIC) más bajos describen mejor el patrón de sustitución. Para cada modelo, también se presenta el valor del criterio de información de Akaike (AICc), el valor de probabilidad máxima (lnL), sitios invariantes y el valor de Gamma. Negrita: modelo seleccionado en el presente estudio.

Modelo	Parámetros	BIC	AICc	lnL	Invariante	Gamma
T92+G	3434	46698.477	8436.635	-761.341	n/a	0.253
T92	3433	46701.591	8450.878	-769.476	n/a	n/a
T92+I	3434	46704.337	8442.495	-764.271	0.435	n/a
T92+G+I	3435	46705.901	8432.930	-758.475	0.545	0.883
HKY+G	3436	46710.010	8425.911	-753.952	n/a	0.229
HKY	3435	46717.962	8444.991	-764.506	n/a	n/a
K2+G	3433	46719.701	8468.987	-778.530	n/a	0.284
HKY+I	3436	46720.125	8436.026	-759.010	0.435	n/a
HKY+G+I	3437	46720.493	8425.265	-752.616	0.564	0.853
TN93+G	3437	46721.379	8426.152	-753.059	n/a	0.206
K2	3432	46724.152	8484.567	-787.334	n/a	n/a
K2+I	3433	46727.726	8477.013	-782.543	0.435	n/a
TN93	3436	46730.417	8446.318	-764.156	n/a	n/a
K2+G+I	3434	46731.042	8469.200	-777.623	0.513	0.918
TN93+G+I	3438	46731.774	8425.418	-751.679	0.583	0.884
TN93+I	3437	46732.193	8436.965	-758.466	0.435	n/a
GTR+G	3440	46749.237	8420.624	-747.255	n/a	0.170
JC+G	3432	46749.757	8510.172	-800.136	n/a	0.286
JC	3431	46754.148	8525.692	-808.909	n/a	n/a
JC+I	3432	46757.745	8518.160	-804.130	0.435	n/a
GTR+G+I	3441	46760.508	8420.766	-746.312	0.598	0.857
JC+G+I	3433	46761.113	8510.400	-799.237	0.511	0.921
GTR	3439	46764.069	8446.584	-761.248	n/a	n/a
GTR+I	3440	46765.159	8436.546	-755.216	0.435	n/a

1230

1231

Tabla A3. Diferenciación por pares entre clases anuales en el periodo 2008-2020 para la población de la curvina golfina. F_{ST} por pares calculados en el AMOVA por encima de la diagonal y en *itálicas*. Valores de p mostrados por debajo de la diagonal.

p F_{ST}	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2017	2018	2019	2020
2008	—	-0.00275	-0.00186	-0.00287	-0.00226	-0.00087	-0.00386	0.00135	-0.00137	-0.00470
2009	0.69369	—	-0.00005	-0.00288	0.00270	-0.00078	0.00008	-0.00132	-0.00175	-0.00233
2010	0.52252	0.37838	—	-0.00316	0.00155	-0.00108	-0.00175	-0.00451	-0.00103	-0.00276
2011	0.70270	0.73874	0.76577	—	0.00074	-0.00152	-0.00146	-0.00221	0.00005	-0.00251
2012	0.66667	0.18018	0.24324	0.36937	—	-0.00212	-0.00594	0.00399	0.00074	-0.00499
2013	0.47748	0.55856	0.58559	0.66667	0.79279	—	-0.00316	-0.00012	-0.00132	-0.00292
2017	0.77477	0.45045	0.67568	0.6036	0.99099	0.99099	—	0.00022	-0.00206	-0.00531
2018	0.27928	0.56757	0.99099	0.69369	0.11712	0.39640	0.46847	—	-0.00172	-0.00129
2019	0.6036	0.58559	0.63964	0.39640	0.31532	0.81982	0.80180	0.75676	—	-0.00259
2020	0.95495	0.70270	0.76577	0.60360	0.95495	0.92793	0.99099	0.61261	0.74775	—

*Todos los valores de F_{ST} fueron no significativos.

Tabla A4. Índices de diversidad genética mitocondrial reportada para especies de sciánidos de importancia comercial. Se indica su estado de conservación en la lista roja de la IUCN, el tamaño de muestra (N), el número de haplotipos (N_h), los índices de diversidad haplotípica (h) y nucleotídica (π_n) y la referencia del estudio consultado.

Especie	IUCN*	N	N_h	h	π_n	Referencia
<i>Cynoscion othonopterus</i>	VU	1,717	47	0.50	0.0025	Este estudio
<i>Cynoscion othonopterus</i>	VU	92	23	0.69	0.0040	Ríos-Medina. 2012
<i>Cynoscion acoupa</i>	LC	297	83	0.89	0.0030	Rodrigues et al., 2008
<i>Cynoscion nebulosus</i>	LC	280	60	0.85	0.0060	Anderson y Karel, 2009
<i>Cynoscion guatucupa</i>	NE	92	31	0.82	0.0040	Alonso y Fernandez, 2015
<i>Cynoscion reticulatus</i>	LC	120	55	0.99	0.0160	Enríquez-Paredes, no publicado
<i>Cynoscion reticulatus</i>	LC	42	31	0.99	0.0160	Ríos-Medina. 2012
<i>Cynoscion xanthulus</i>	DD	61	16	0.79	0.0084	Enríquez-Paredes, no publicado
<i>Totoaba macdonaldi</i>	VU	2,453	243	0.97	0.0120	Enríquez-Paredes, no publicado
<i>Aplodinotus grunniens</i>	LC	126	11	0.73	0.0036	Chong y Roe, 2018
<i>Menticirrhus americanus</i>	LC	224	113	0.84	0.0048	dos Santos et al., 2017
<i>Larymichtys polyactis</i>	NE	127	125	1.00	0.0130	Wu, 2012
<i>Atractosion aequidens</i>	VU	104	32	0.85	0.0050	Henriques et al., 2014
<i>Collichthys lucidus</i>	NE	151	55	0.89	0.0340	Song et al., 2014
<i>Atractosion nobilis</i>	LC	59	32	0.96	0.0100	Ríos-Medina, 2008
<i>Nibea albiflora</i>	NE	65	37	0.97	0.0080	Han et al., 2008b
<i>Pennahia argentatus</i>	NE	132	113	1.00	0.0260	Han et al., 2008a
<i>Sciaenops ocellatus</i>	LC	209	134	0.98	0.0300	Seyoum et al., 2000
<i>Miichthys miiuy</i>	DD	76	65	0.99	0.0097	Cheng et al., 2011
<i>Plagioscion squamosissimus</i>	LC	57	7	0.69	0.0236	Panarari-Antunes et al., 2012
<i>Macrodon ancylodon</i>	LC	130	43	0.91	0.0185	Santos et al., 2006
<i>Macrodon atricauda.</i>	NE	266	85	0.80	0.0025	Rodrigues et al., 2014
<i>Nibea miichthioides</i>	NE	20	5	0.79	0.0028	Chai et al., 2013
<i>Micropogonias furnieri</i>	LC	149	5	0.39	0.0117	Puchnick y Levy., 2006
<i>Argyrosomus japonicus</i>	EN	20	9	0.81	0.0045	Chai et al., 2013
<i>Johnius grypotus</i>	LC	137	60	0.86	0.0045	Zhao et al., 2017

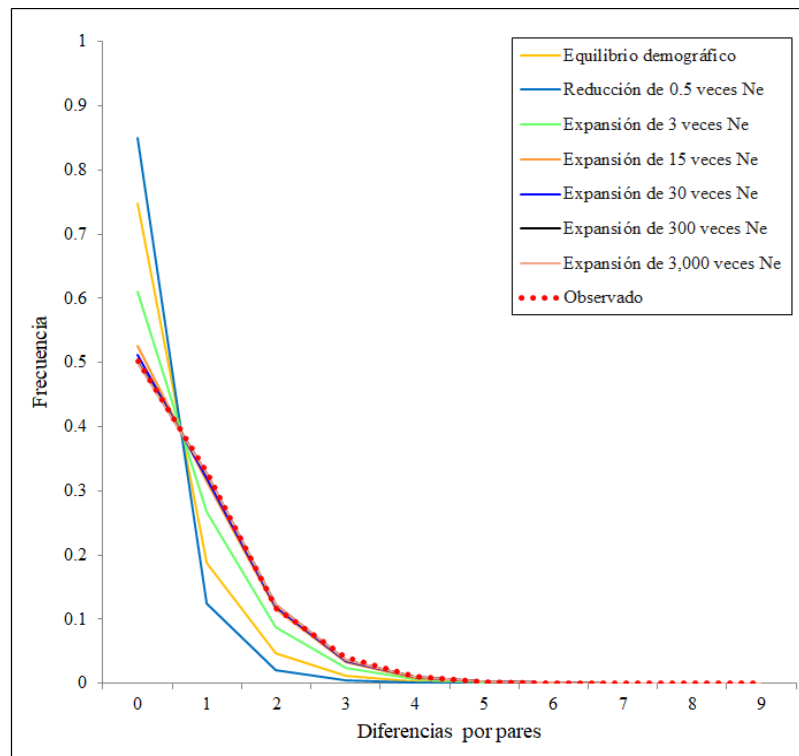
*IUCN: Not Evaluated (NE), Data Deficient (DD), Least Concern (LC), Near Threatened (NT), Vulnerable (VU), Endangered (EN), Critically Endangered (CR), Extinct in the Wild (EW) and Extinct (EX). Todos los estados de conservación se muestran con sus siglas en inglés.

1234 13.2 Anexo B

1235 Como análisis exploratorio para conocer la historia demográfica de la curvina golfina se
1236 realizaron diversas simulaciones de la distribución de diferencias pareadas (DDP) entre
1237 haplotipos empleando DnaSP (Fig. B1). Se probaron escenarios de equilibrio
1238 demográfico, reducción y expansión poblacional, con distintas magnitudes de cambio de
1239 N_e ($N_{act/anc}$).

1240 El análisis de DDP preliminar soporta un escenario de expansión para la curvina golfina,
1241 dado que es el escenario con mejor ajuste con el conjunto de datos observados. Sin
1242 embargo, con este análisis no fue posible diferenciar entre una expansión de 15 y 3,000
1243 veces el cambio de N_e .

1244 **Figura B1.** Análisis DDP con diferentes escenarios demográficos y la distribución observada para la
1245 curvina golfina en el periodo 2008-2020 realizado en DNAsp.



1246

1247 Los resultados anteriores evidenciaron un escenario de expansión poblacional para la
 1248 curvina golfina, sin embargo, la magnitud del cambio y la temporalidad aún no están bien
 1249 definidas, por tal motivo se procedió a reevaluar el escenario utilizando Arlequin, que
 1250 ofrece mayor soporte estadístico en las estimaciones. El análisis se realizó con 10,000
 1251 permutaciones.

Tabla B1. Distribución de frecuencias del número de diferencias pareadas esperadas bajo una expansión demográfica súbita descrito para la población de la curvina golfina a partir de la secuencia de la RC-ADNmt. Se indican los valores de la prueba de bondad de ajuste de la suma de desviaciones cuadradas (SDC) y el índice de irregularidad de Harpending (r) con el valor de p asociado para probar la significancia estadística de la prueba.

Diferencias	Observadas	Simuladas a partir del modelo de Expansión	Media de las modeladas mediante método Bootstrap
0	738,537	782,217	742,028
1	482,425	361,554	481,766
2	172,156	221,516	186,590
3	61,072	82,234	50,409
4	15,480	20,957	10,392
5	2,918	4,045	1,728
6	478	595	241
7	120	65	29
8	0	4	3
SDC		0.000017	($p = 0.74$)
r		0.081299	($p = 0.66$)

1252

Tabla B2. Parámetros demográficos estimados bajo el enfoque de la prueba de DDP. Se muestran los parámetros de diversidad escalada a la tasa de mutación (θ) y el parámetro de tiempo (τ), con los valores estimados, la media y los IC al 95% con el método de percentiles.

Parámetro	Estimados	Percentil Inferior	Percentil Superior	Media
τ	0.844	0	2.967	1.102
θ_{anc}	0.001	0	0.515	0.074
θ_{act}	2.547	0.447	907.549	78.337
Diferencias promedio	0.740	0.192	1.875	0.787
Sitios polimórficos	39	8	23	14.892

1253

1254 **13.3 Anexo C**

1255 La simulación mediante algoritmos de superficie de máxima verosimilitud (SMV) fue
1256 precedida por diversos análisis exploratorios (Tab. C4.), mediante los cuales se definieron
1257 las condiciones adecuadas para utilizar este enfoque. Primero, la comparación entre el
1258 modelo exponencial y discreto para explicar el cambio en el tamaño poblacional
1259 proporciono resultados muy parecidos. Aunque en exploraciones posteriores el modelo
1260 exponencial mostro menor varianza con respecto al discreto, específicamente en la
1261 estimación del tamaño ancestral.

1262 Migraine se basa en el modelo de sitios infinitos (Infinite Sites Model; ISM por sus siglas
1263 en inglés, Kimura, 1969) para el análisis de datos de secuencias. Sin embargo, existen dos
1264 razones por las cuales los conjuntos de secuencias pueden no ajustarse al ISM: i) los sitios
1265 pueden mostrar más de dos estados nucleotídicos, o ii) las comparaciones por pares de
1266 sitios pueden no cumplir con la prueba de los cuatro gametos (Rousset *et al.*, 2018). Por
1267 lo que se generaron dos conjuntos de datos, en el primero se eliminaron sistemáticamente
1268 los sitios incompatibles para todos los individuos (resultando en un fragmento de 296-pb;
1269 n=1,717; 31 haplotipos), para el segundo, se eliminaron los haplotipos con sitios
1270 incompatibles (resultando en un fragmento de 300-pb; n= 1,667; 35 haplotipos). Dicho
1271 procedimiento se efectuó en Nexus2GP (Rousset *et al.*, 2018; Leblois *et al.*, 2020).

1272 En conjunto, se determinó que, al usar el modelo exponencial y al eliminar sitios
1273 incompatibles, los resultados tienden a presentar menor variación. Adicionalmente, se
1274 identificó que al definir limites estrechos para la SMV de los parámetros explorados, los
1275 resultados tienden a ser más congruentes entre iteraciones.

Tabla C1. Resumen de los análisis exploratorios usando algoritmos de superficie de máxima verosimilitud (SMV) implementados en Migraine.

Modelo y edición de secuencias	Iteraciones	$2N_{anc}\mu$	$2N_{act}\mu$	$N_{act/anc}$
Modelo exponencial Sitios removidos	Iter1	1.02E-01	9.954	9.70E+01
	Iter2	1.26E-01	9.745	7.70E+01
	Iter3	5.46E-04	9.481	1.74E+04
	Iter4	4.35E-04	9.644	2.22E+04
	Iter5	9.32E-05	9.563	1.03E+05
	Iter6	9.31E-05	9.563	1.03E+05
Modelo exponencial Haplotipos removidos	Iter1	1.11E-02	10.74	9.68E+02
	Iter2	2.57E-03	10.82	4.22E+03
	Iter3	1.27E-02	10.79	8.52E+02
	Iter4	3.40E-06	10.40	3.06E+06
	Iter5	7.70E-07	11.46	1.49E+07
	Iter6	3.80E-07	10.87	2.86E+07
	Iter7	2.40E-07	10.92	4.61E+07
	Iter8	7.00E-08	10.84	1.47E+08
	Iter9	7.00E-08	10.89	1.47E+08
Modelo discreto Sitios removidos	Iter1	0.00E+00	8.850	4.32E+09
	Iter2	8.02E-03	8.888	1.11E+03
	Iter3	5.84E-03	8.786	1.51E+03
	Iter4	8.33E-04	8.716	1.05E+04
	Iter5	3.70E-03	8.595	2.32E+03
	Iter6	3.70E-03	8.595	2.32E+03
Modelo discreto Haplotipos removidos	Iter1	1.00E-08	8.765	6.02E+08
	Iter2	1.64E-04	8.588	5.25E+04
	Iter3	0.00E+00	8.923	5.36E+09
	Iter4	1.06E-04	8.803	8.28E+04
	Iter5	1.00E-06	8.920	8.90E+06
	Iter6	1.00E-06	8.921	8.90E+06

1276

1277 Con base en las simulaciones exploratorias, en la Tabla C1 se muestra la configuración

1278 final para el análisis bajo el enfoque de SMV realizado para conocer los tamaños efectivos,

1279 el evento demográfico que mejor describa los niveles de diversidad actuales y la magnitud
1280 del cambio que sufrió la población de la curvina golfina.

Tabla C2. Descriptivos y resultados de la simulación global con las secuencias de la RC-ADNmt de la curvina golfina en el análisis realizado en Migraine. Se muestran los valores de tamaño efectivo ancestral ($2N_{anc}\mu$), actual ($2N_{act}\mu$), el parámetro de tiempo en generaciones ($Dg/2N$) y el valor compuesto $N_{act/anc}$, asociados a cada iteración (No. iteraciones).

Configuración análisis	No. iteraciones	$2N_{anc}\mu$	$2N_{act}\mu$	$Dg/2N$	$N_{act/anc}$
Simulación global (2008-2020)	Result1	2.05	6	0.32	3
	Iter1	0.53	6	0.24	12
Modelo exponencial	Iter2	0.46	7	0.16	16
Sitios removidos	Iter3	0.43	8	0.12	18
SMV reducida	Iter4	0.30	8	0.10	27
	Iter5	0.26	9	0.09	33
	Iter6	0.19	9	0.08	48
	Iter7	0.18	9	0.08	50

1281
1282 Usando la misma configuración del análisis global, se realizó la estimación para cada
1283 temporada de pesca en el periodo de 2008-2020. En la tabla de resultados (Tab. C3) resalta
1284 la marcada fluctuación entre temporadas de pesca, especialmente para el parámetro
1285 $N_{act/anc}$, con amplios intervalos de confianza.

1286

Tabla C3. Resumen de los valores para el tamaño efectivo actual ($2N_{act}\mu$), ancestral ($2N_{anc}\mu$) y el valor compuesto $N_{anc/act}$ por temporada de pesca para la población de la curvina golfina, además de los intervalos de confianza inferior (*I.I*) y superior (*I.S*) al 95%. Nótese los intervalos de confianza notablemente amplios para el año 2017, marcado en negritas.

Año	$2N_{anc}\mu$	$2N_{act}\mu$	$N_{act/anc}$	<i>I.I</i>	<i>I.S</i>
2008	0.11	13	126	4	1,639
2009	0.21	9	44	3	NA
2010	0.01	16	1,246	6	2,654
2011	0.24	7	29	2	349
2012	0.01	20	3,282	5	NA
2013	0.02	10	675	12	1,234
2017	0.02	15	901	4	14,699
2018	0.06	64	958	201	1,417
2019	0.05	12	249	6	2,509
2020	0.01	6	582	6	6,606

1287

1288 Nota: El re-análisis de los genotipos multilocus (microsatélites) empleados por Arce-
1289 Valdés (2018) a través del programa Migraine, usando la tasa de mutación típica para
1290 estos marcadores (5×10^{-4}), resultó en una superficie de máxima verosimilitud (SMV) con
1291 valores compuestos de diversidad actual (θ_{act}) similares a los obtenidos con las secuencias
1292 mitocondriales (11.09 - 11.70 con microsatélites y 9.07 - 10.89 con secuencias de
1293 ADNmt). Estos resultados sugieren, sorprendentemente, que la tasa de mutación del
1294 marcador mitocondrial es similar a la de los marcadores microsatélites.
1295

1296 **13.4 Anexo D**

1297 Construcción de una tabla de vida para estimar la contribución parental relativa, el tiempo
 1298 generacional (G) y el factor de corrección para generaciones traslapadas (C) en la especie.
 1299 A partir de una revisión bibliográfica exhaustiva sobre la dinámica poblacional y la
 1300 estructura de edades de la curvina golfina, se construyó la tabla de vida que describe la
 1301 proporción de hembras sobrevivientes en cada clase de edad y la fecundidad promedio de
 1302 cada clase (Tabla. D.1). Esta información se ingresa al programa Factor C (Jorde, 2012)
 1303 para calcular la tasa de natalidad y la probabilidad de que cada hembra de cada grupo de
 1304 edad contribuya con la descendencia de dicho año (Clase de edad 0).

Tabla D1. Tabla de vida de la curvina golfina. Se indican en negritas los valores utilizados para el cálculo del tiempo generacional promedio (G) y el factor de corrección para generaciones traslapadas (C).

Edad	Mortalidad	Tasa de supervivencia (l_i)	Fecundidad $\times 10^3$ (b_i)	Tasa de nacimientos (b_i)	Probabilidad de paternidad (p_i)
0+	0	1	0	0	0
1+	0.99	0.01	0	0	0
2+	0.8	0.002	202	263.10305	0.52621
3+	0.76	0.00048	338	440.24174	0.21132
4+	0.64	0.00017	436	567.88579	0.09654
5+	0.49	0.00009	626	815.35897	0.07338
6+	0.45	0.00005	665	866.15609	0.04331
7+	0.45	0.00003	705	918.2557	0.02755
8+	0.45	0.00001	807	1051.10972	0.01051
9+	0.45	0.00001	859	1118.83921	0.01119

1305

1306 Construcción de la tabla de vida de la curvina golfina:

1307

- 1308 1. Las clases de edad, la talla y los valores de mortalidad asociada a cada clase de edad se
 1309 determinaron a partir de la comparación de valores reportados para la especie y otros
 1310 sciánidos (Román-Rodríguez, 2000; Hare *et al.*, 2011; Haffray *et al.*, 2012; Gherard *et al.*,
 1311 2013; Enciso-Enciso, 2014; Valenzuela-Quíñonez *et al.*, 2014; Bolser *et al.*, 2018).
 1312
- 1313 2. La proporción del número de organismos para las clases de edad de 2 a 9 años de edad
 1314 se obtuvo de la aproximación y reconstrucción del modelo de cohortes sintéticas de
 1315 curvina golfina reportada por Erisman *et al.* (2014; Fig. D1). A partir de la

reconstrucción anterior y usando un modelo exponencial se extrapolaron los datos para las clases de 1 y 10 años (Fig. D2), lo anterior a partir de la siguiente ecuación:

$$y = 79005e^{-0.621x}$$

Donde: “y” corresponde al número de peces y “x” representa a la clase de edad.

3. Consecuentemente, se obtuvieron los porcentajes de abundancia correspondiente a cada grupo. Lo anterior, al asumir una extracción anual promedio de 1.65 millones de individuos (100% de pesquería) de curvina golfina, de las clases de edad de 4-9 años (Gherard et al., 2013) y sabiendo que estos corresponden al 15.1% del total de la población simulada en Erisman et al. (2014), se re-calcularon las abundancias específicas por grupo de edad (1-9 años).

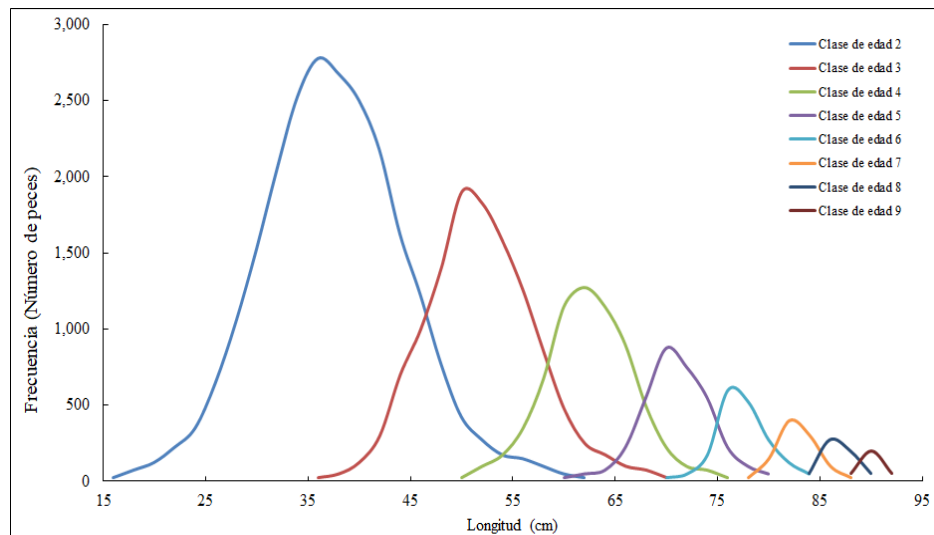
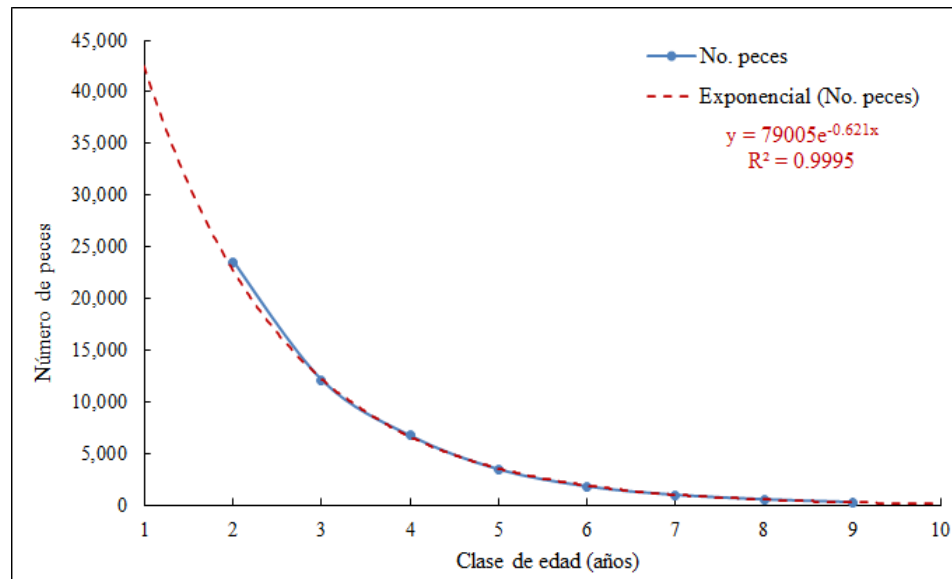


Figura D1. Aproximación y reconstrucción del modelo sintético de cohortes de una población de curvina golfina en ausencia de presión pesquera, modificado de Erisman et al. (2014).



1331

1332 **Figura D2.** Modelo exponencial usado para extrapolar el número proporcional de organismos de las clases
 1333 de edad de 1 y 10 años de la población simulada de curvina golfina a partir de la Figura D1.

1334

- 1335 4. La tasa de natalidad (b_i), se calcula en el programa Factor C y representa la contribución
 1336 relativa de gametos de cada clase de edad. Para este caso se utilizaron los datos de
 1337 producción promedio de huevecillos por clase de edad reportados para la especie
 1338 (Gherard et al., 2013; Román-Rodríguez, 2000).
- 1339 5. A partir de los valores de mortalidad natural y por pesca reportados para la especie
 1340 (Román-Rodríguez, 2000; Enciso-Enciso, 2014; Ruelas-Peña et al., 2013), se calculó
 1341 la mortalidad estimada (M) para cada clase de edad. Posteriormente, a partir de M se
 1342 calcularon los valores de supervivencia esperada para cada clase de edad, a través de
 1343 la siguiente relación: $1-M_i$, donde M es la mortalidad estimada y el subíndice “ i ”
 1344 corresponde a la clase de edad. En consecuencia, partiendo de 5 millones de ejemplares,
 1345 se simuló una población con un decaimiento modulado por M en cada grupo de edad
 1346 en específico. Finalmente, a partir de la población simulada se calculó la tasa de
 1347 supervivencia específica por grupo de edad (l_i).
- 1348 6. La tasa de nacimientos reportada también como b_i en la tabla de vida corresponde a los
 1349 valores ajustados por el programa Factor C, de manera que la suma $l_i*b_i=1$.
- 1350 7. La probabilidad de paternidad (p_i) se obtiene de multiplicar la tasa de nacimientos por
 1351 la tasa de supervivencia específica por clase de edad (l_i*b_i).

1352

1353

1354

1355

1356

1357 Varianza estandarizada en la frecuencia de haplotipos corregida por el tamaño de muestra:

1358

1359 1. Se calculó la varianza estandarizada de en los cambios de la frecuencia alélica (F) entre
1360 cohortes usando la ecuación 1 descrita en Turner et al. (1999):

1361

1362
$$F = \frac{1}{K} \sum_{i=1} \frac{(x_i - y_i)^2}{(x_i + y_i) / 2 - x_i y_i}$$

1363 Donde: K es el número de alelos (haplotipos), x_i y y_i son las frecuencias del alelo i en
1364 el año t y el año $t+1$, respectivamente.

1365

1366 2. Se eliminó la varianza atribuida al muestreo para obtener un valor de F corregido
1367 aplicando la ecuación 2 descrita en Turner et al. (1999):

1368

1369
$$F' = F - \frac{1}{2S_t} - \frac{1}{2S_{t+1}}$$

1370 Donde: S_t y S_{t+1} son tamaños de muestra en las clases anuales t y $t+1$,
1371 respectivamente, y los términos $1/2 S_t$ y $1/2 S_{t+1}$ representan la varianza esperada del
1372 muestreo en la población en cada año.

1373

1374 3. Una vez obtenidos C (factor de corrección por generaciones traslapadas) y G (tiempo
1375 generacional promedio), estos valores se usaron para calcular N_e con la ecuación 3
1376 descrita en Turner et al. (1999):

1377
$$N_e = \frac{C}{2G\bar{F}'}$$

1378 4. Para los valores por temporada de pesca se utilizó el valor de F' sin promediar, pero
1379 adicionalmente se estimaron los valores promedio globales.

1380

1381 5. Los intervalos de confianza al 95% de F' se calcularon usando la ecuación 15 descrita
1382 en Waples (1989).

1383
$$F' = \left[\frac{x_{0.975(n)}^2 F'}{n}, \frac{x_{0.025(n)}^2 F'}{n} \right]$$

1384 6. Los valores resultantes de la fórmula anterior se sustituyeron en la ecuación del inciso
1385 3 para calcular los IC al 95% para N_e .

1386

1387

1388

1389

1390

1391

Tabla D2. Estimaciones de N_{ef} por temporadas de pesca y global para la curvina golfina realizadas usando el método temporal basado en el cambio de las frecuencias de los haplotipos. Se indican los límites inferiores ($L.I$) y superiores ($L.S$) al 95% de cada estimación de N_{ef} .

Clase anual	F	N_{ef}	$L.I$	$L.S$
2008-2009	0.0154	96	49	159
2009-2010	0.0161	92	48	149
2010-2011	0.0195	76	39	124
2011-2012	0.0218	67	32	115
2012-2013	-0.0005	∞	∞	∞
2013-2017	0.0105	189	112	286
2017-2018	0.0115	128	70	204
2018-2019	0.0095	155	87	243
2019-2020	0.0141	104	58	163
<i>Global*</i>	<i>0.0131</i>	<i>117</i>	<i>74</i>	<i>169</i>
2009-2013	0.0042	472	270	730
2009-2017	0.0166	186	96	305
2013-2017	0.0105	189	112	286
<i>Global**</i>	<i>0.0105</i>	<i>225</i>	<i>144</i>	<i>325</i>

*Estimaciones por clases anuales consecutivas.

**Estimaciones espaciadas por cuatro años entre clases

1392 **13.5 Anexo E**

1393 El análisis exploratorio en DIYABC consistió en probar escenarios demográficos
1394 extremos para identificar al modelo que se ajusta más a los datos observados. Previo a la
1395 definición de los valores *a priori* de los parámetros con los que se llevaría a cabo el
1396 análisis, se llevaron a cabo 1×10^6 simulaciones usando diferentes modelos de mutación:
1397 T92+G (G = 0.25) de acuerdo a lo sugerido por ajuste al mejor modelo implementado en
1398 MEGA X, pero además con HKY+G+I (G = 0.4, I = 70%) y HKY+G (G = 0.25), HKY y
1399 JC. El comportamiento de los modelos se exploró usando tasas de mutación de entre 1.5
1400 $\times 10^{-8}$ y 1.5×10^{-5} cambios por sitio por generación e intervalos de entre 1 y 50,000
1401 generaciones.

1402 Las distribuciones *a priori* (Tab. E1), están basadas en estimaciones previas de N_e para la
1403 curvina golfina (Arce-Valdés, 2018) y valores reportados para otras especies de peces con
1404 historias de vida similares (Valenzuela-Quñonez *et al.*, 2014; Chapman *et al.*, 2011;
1405 Riccioni *et al.*, 2010).

1406 Finalmente, el mejor ajuste se obtuvo usando tasas de mutación de entre 1.9×10^{-5} y 1.5
1407 $\times 10^{-5}$ cambios por sitio por generación, intervalos de entre 1 y 500 generaciones y el
1408 modelo TN92+G. Con estos parámetros se contrastaron 6 escenarios con diferentes
1409 trayectorias demográficas y magnitudes de cambio.

1410

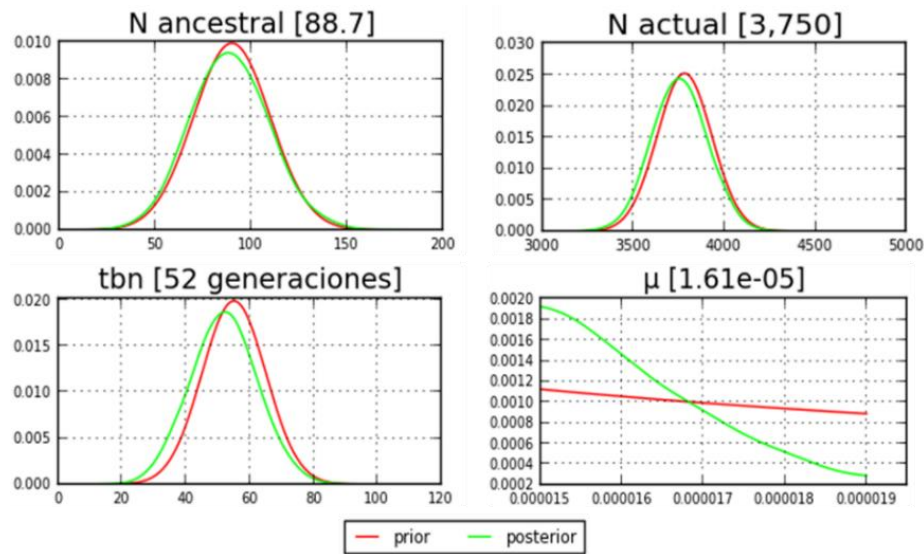
Tabla E1. Valores previos de los parámetros demográficos para los seis escenarios simulados en el análisis DIYABC. Se aplicó una distribución probabilística uniforme a todos los parámetros, además se indica la tendencia en cada uno de ellos y su soporte relativo.

Escenario	N_{ef-anc}	N_{ef-act}	Tbn^*	N_{ef-act} / N_{ef-anc}	Tendencia	Soporte
1	1 - 500	7,500 - 12,000	1 - 500	90	Expansión	00.00 %
2	1 - 500	5,500 - 7,500	1 - 500	70	Expansión	00.70 %
3	1 - 500	500 - 10,000	1 - 500	40	Expansión	99.22 %
4	10,000 -15,000	100 - 1,000	1 - 500	0.04	Reducción	00.00 %
5	10,000 -15,000	5,500 - 7,500	1 - 500	0.50	Reducción	00.00 %
6	5,000 -7,500	5,500 - 7,500	1 - 500	1	Estabilidad	00.00 %

* Distribución probabilística uniforme de tiempo en generaciones entre N_{ef-anc} y N_{ef-act}

1412

1413 Los parámetros se estimaron con base en los resultados obtenidos para el escenario de
1414 mayor soporte (Escenario 3). La Figura E1 muestra las distribuciones previas y posteriores
1415 de los parámetros demográficos de mayor interés; tamaños efectivos de la población
1416 (actual y ancestral), tiempo en generaciones y la tasa de mutación inferida para la RC-
1417 ADNmt de la curvina golfina.

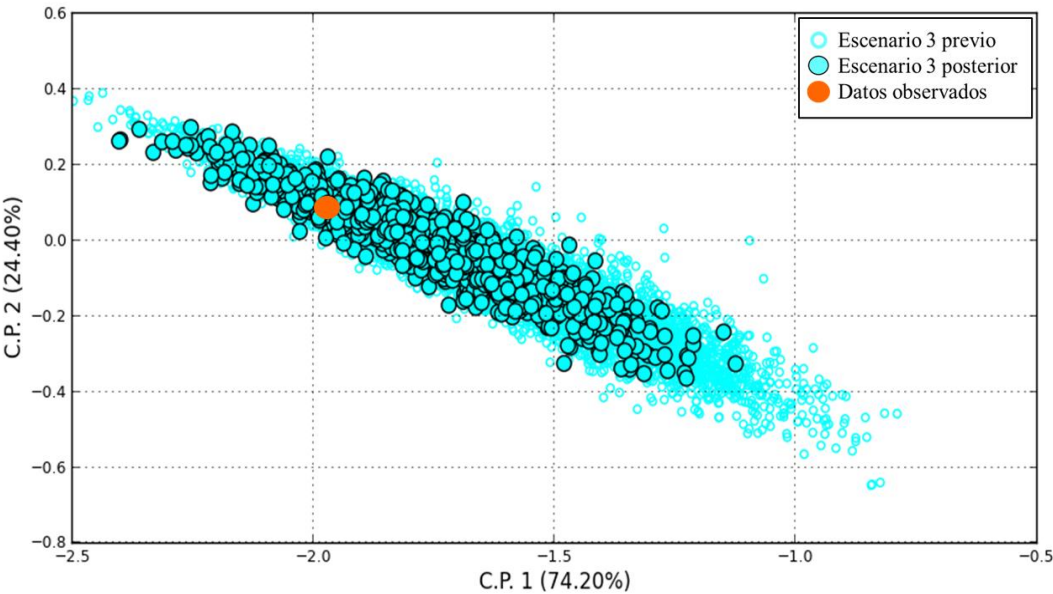


1418

1419 **Figura E1.** Estimación de distribuciones posteriores de parámetros puntuales de los tamaños efectivos (N
1420 ancestral y N actual), parámetro de tiempo en generaciones (tbn) y la tasa mutacional (useq), aplicando una
1421 transformación logit a los parámetros. La estimación está basada en el 1% del conjunto de datos simulados
1422 más cercano al conjunto de datos observado (500,000 simulaciones) del mejor escenario soportado

1423 (expansión de 40 veces) del análisis DIYABC. El eje de abscisas indica las unidades según corresponda y
1424 el eje de ordenadas muestra la probabilidad marginal.

1425 Se realizó la evaluación del modelo con los parámetros obtenidos para corroborar que el
1426 conjunto de datos genéticos observados, pueden obtenerse mediante la simulación de una
1427 expansión demográfica usando los parámetros estimados (Fig. E2, Tab. E2).



1428 **Figura E2.** Prueba de verificación del modelo aplicando un análisis de componentes principales (C.P) en el
1429 escenario mejor soportado (expansión de 40 veces N_e) en el análisis DIYABC. Las estadísticas de resumen,
1430 basadas en 500,000 simulaciones, muestran el ajuste entre los conjuntos de datos simulados (previo-
1431 posterior) y los datos observados.

1433

Tabla E1. Distribución posterior de los parámetros demográficos de la población de la curvina golfina del escenario con la probabilidad posterior más alta (Escenario 3) inferido en el análisis en DIYABC utilizando datos de la RC-ADNmt.

Parámetro	Mediana	Cuantil 0.025	Cuantil 0.975
N ancestral	8.87E+01	5.07E+01	1.31E+02
N actual	3.75E+03	3.47E+03	4.04E+03
t_{bn} (generaciones)	5.20E+01	3.20E+01	7.20E+01
μ	1.61E-05	1.50E-05	1.86E-05

1434

13.6 Anexo F

Se realizaron 3 reconstrucciones de DHB independientes, cada una con 500 millones de iteraciones. Después de descartar el 25% de las cadenas como periodo de calentamiento (burnin), se evaluaron individualmente en Tracer 1.7 para corroborar los valores de tamaño muestral efectivo (Effective Sample Size o ESS por sus siglas en inglés) para las distribuciones posteriores, encontrando valores de ESS >100 para cada una de ellas. Las tendencias demográficas de los análisis independientes fueron relativamente consistentes, sugiriendo expansión demográfica en los tres casos (Fig. F1).

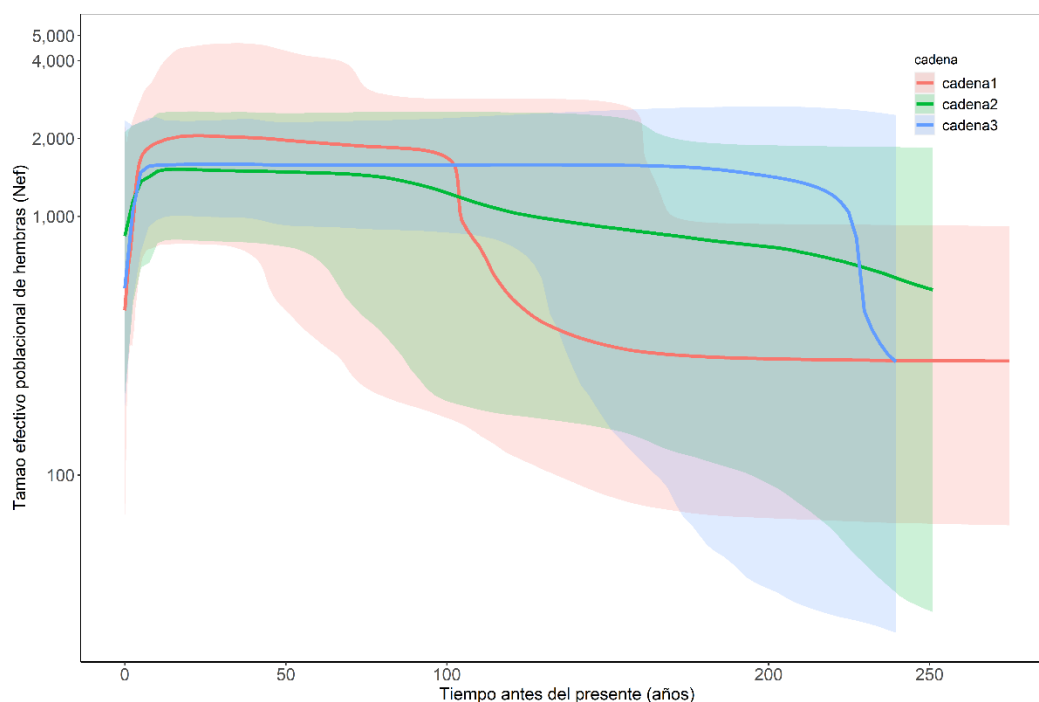
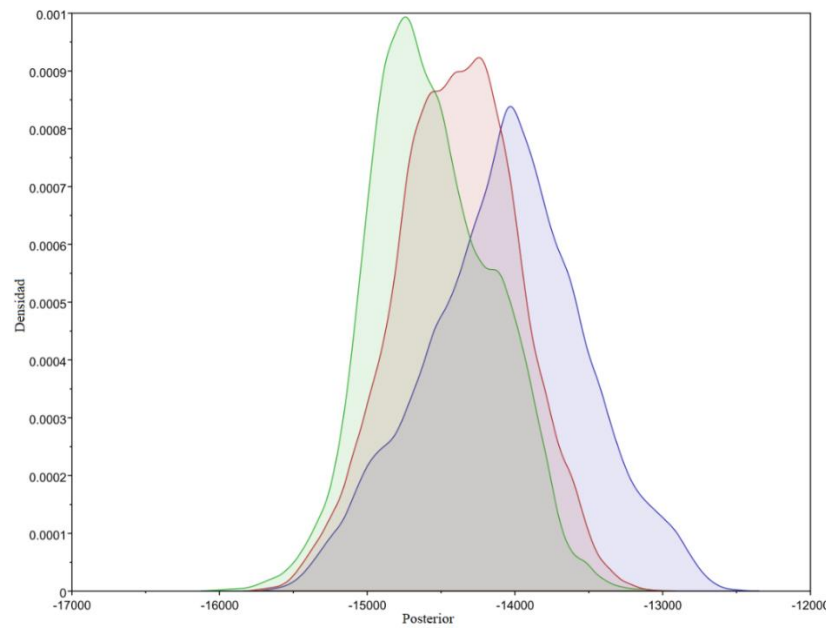
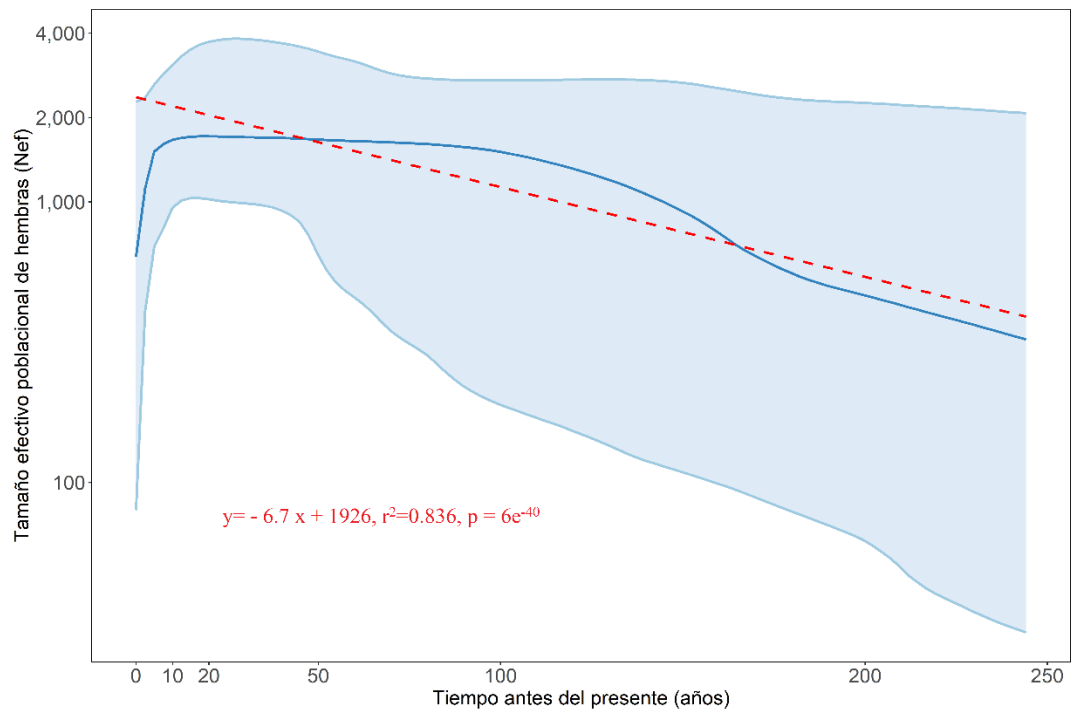


Figura F1. Resultado de las 3 reconstrucciones de DHB independientes realizadas en Beast con 500 millones de iteraciones. En el eje de las abscisas se muestra el tiempo en generaciones hacia el pasado y el eje de las ordenadas corresponde al cambio en N_{ef} . Las líneas negras corresponden al valor medio de la estimación y la superficie de color indica los IMDP al 95%.

1448 Considerando el nivel de convergencia observado (Fig. F2), se combinaron las tres
 1449 cadenas obteniendo valores de ESS >200 para todos los parámetros. De esta forma, el
 1450 DHB que aquí se reporta, incluyó un total de 1,125 millones de iteraciones.
 1451



1452 **Figura F2.** Gráfico de la distribución de la densidad posterior para las tres simulaciones independientes
 1453 construidas en Beast.
 1454
 1455 Al calcular la razón N_{act}/N_{anc} con los valores de los extremos de la escala temporal
 1456 analizada en el DHB, la magnitud de la expansión es de tan solo 1.2 veces el tamaño
 1457 ancestral. Sin embargo, la tendencia general de la población exhibe una expansión de al
 1458 menos 3.16 veces ($p=6e^{-40}$; Fig. F3).
 1459



1460

1461 **Figura F3.** DHB con un ajuste lineal para conocer la tendencia general de N_{ef} de la población de la curvina
 1462 golfina. En el eje de las abscisas se muestra el tiempo antes del presente y el eje de las ordenadas corresponde
 1463 al cambio en N_{ef} en el tiempo.
 1464

1465 **13.7 Anexo G**

1466 Se estimó el tamaño censal poblacional (N_c) de la curvina golfina a partir de los registros
1467 de pesca y datos disponibles sobre su abundancia en agregaciones de desove mediante
1468 datos de acústica (Tab. G1; Rowell *et al.* 2017).

1469

Tabla G1. Datos usados para el cálculo de la abundancia y biomasa total de la curvina golfina en las zonas de desove. Modificado de Rowell et al., 2017.		
Marea	Densidad (peces/1,000m ³)	Biomasa (kg)
27 de marzo de 2014		
Entrada	7.47	989,948
Salida	13.04	918,652
	Promedio entrada-salida	954,300
28 de marzo de 2014		
Entrada	11.73	1,714,109
Salida	15.97	2,145,287
	Promedio entrada-salida	1,929,698
27 de abril de 2014		
Entrada	11	2,071,420
Salida	10.13	2,133,627
	Promedio entrada-salida	2,102,524
28 de abril de 2014		
Entrada	0.43	43,958
Salida	8.07	764,502
	Promedio entrada-salida	404,230
	Total calculado	5,390,752

1470

1471 Los valores de abundancia y biomasa de la Tabla G1 se extrapolaron tomando en
1472 consideración las limitantes del muestreo señaladas por Rowell y colaboradores (2017),
1473 quienes asumen que las estimaciones: i) corresponden a las dos mareas de mayor densidad
1474 de peces y que representan aproximadamente el 50% de la pesca total de cada temporada,
1475 ii) se realizaron en la mitad del área total de desove y, iii) tan solo el 70% de peces
1476 detectados tiene la talla mínima legal (reproductores). Con base en lo anterior, la biomasa
1477 total de peces adultos (N_c) se calculó en 15,094.1 t. Finalmente haciendo una corrección
1478 de la biomasa con base al peso entero promedio reportado en los desembarques (2.7 kg;

DOF, 2020), la abundancia extrapolada resultó en 5,590,409 ejemplares reproductores de curvina golfina por temporada de pesca. Estos valores son congruentes con las estimaciones de biomasa que presentó el Grupo Técnico de Curvina Golfina para la temporada 2020 (Fig. G1), lo que correspondería a 17,560 t de adultos y una cuota de captura de 4,128 t (23% de la biomasa disponible), o bien 6,503,700 y 1,528,880 individuos, respectivamente.

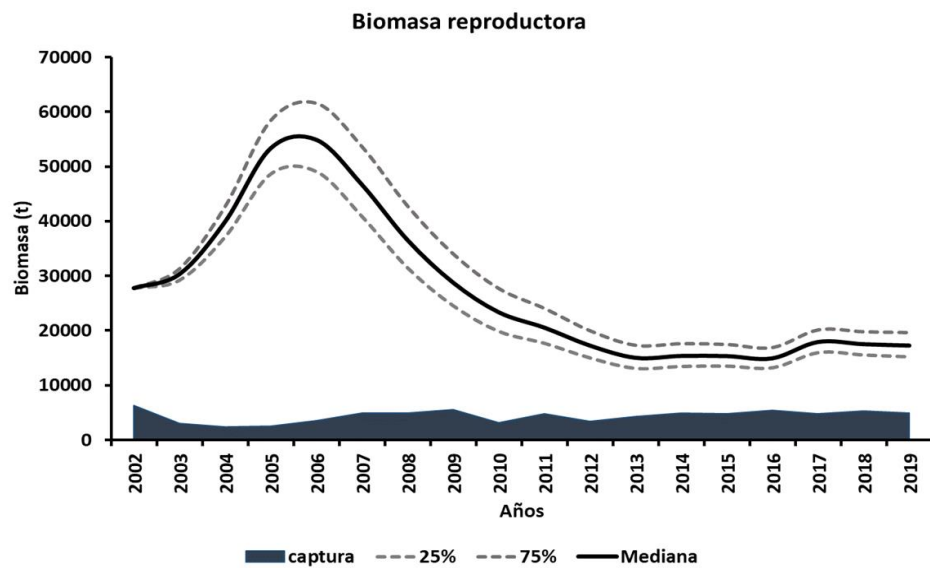


Figura G1. Estimación de la biomasa reproductora de curvina golfina para el periodo 2002-2019. Tomado de Enciso-Enciso y colaboradores (2020)

Consideraciones finales y trabajo a futuro

Los niveles de diversidad genética, así como el tamaño efectivo actual apoyan la idea de que la población silvestre de la curvina golfina es relativamente sana, es decir, su tamaño efectivo es lo suficientemente grande para mantener su potencial adaptativo a largo plazo. Todas las pruebas demográficas sustentan la ocurrencia de un cuello demográfico histórico, seguido de una expansión súbita y reciente en la escala temporal. Lo cual refuerza el supuesto de que la especie presenta fluctuaciones naturales, caracterizada por eventos de colonización y extinción. Siguiendo esta lógica, se podría argumentar que, el aparente colapso pesquero de los años 60s responde a las fluctuaciones naturales de la biomasa de la especie y no a afectaciones antropogénicas.

En contraste, la baja relación N_e/N_c y la aparente reducción de N_e tan reciente pudiera estar reflejando la sinergia entre las fluctuaciones naturales en su tamaño efectivo y un marcado sesgo en el éxito reproductivo de la especie. Características que asociadas a la estabilidad genética de la población sugieren que, a pesar de que curvina golfina sea un recurso muy abundante, se pudiera estar incrementando el nivel de parentesco entre sus reclutas y comprometiendo así su persistencia a largo plazo. En conjunto, los resultados mostrados refuerzan la vulnerabilidad de la especie y justifican su inclusión en las estrategias de gestión para este recurso.

Nuestros resultados se centraron en el análisis de muestras provenientes del arribo pesquero y representando un solo cohorte, para evitar sesgos metodológicos. Sin embargo, las características genéticas de curvina golfina están fuertemente influenciadas por el sesgo en el éxito reproductivo, con lo que será necesario conocer la dinámica entre los

reproductores y la progenie de la especie, para tal efecto se ha recomendado el uso de técnicas como captura-recaptura genética (Bravington *et al.*, 2016) usando microhaplotipos (Baetscher *et al.*, 2018), con lo que se tendrán aproximaciones más confiables del tamaño censal de adultos de la especie y mejorará la confiabilidad de la relación N_e/N_c . Además, también es necesario conocer la diversidad genética adaptativa que pudiera ser clave en la conservación, para lo cual se podrían implementar enfoques como RAD-seq (Candy *et al.*, 2015), ya que es una técnica que permite descubrir cientos o miles de marcadores genéticos polimórficos en todo el genoma en un único experimento simple y rentable, potenciando el alcance de estudios de ecología de la conservación.