



— COLOQUIO EN —
BIOCIENCIAS
UNIVERSIDAD DE SONORA

4to COLOQUIO EN BIOCIENCIAS, 2024

DISTRIBUCIÓN Y RELACIONES FILOGENÉTICAS DE LAS POBLACIONES DEL PUPO MEXICANO (*AGOSIA NOV. SP.*) EN EL NOROESTE DE MÉXICO

Grijalva Grijalva Asael Alberto; Alejandro Varela Romero; José Manuel Grijalva Chon; Carlos Alonso Ballesteros Córdova; Francisco Javier García de León. Universidad de Sonora; Universidad de Sonora; Universidad de Sonora; Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste S.C. a216203661@unison.mx

Resumen

El pupo mexicano *Agosia nov. sp.*, es una carpa criptica nativa del noroeste de México que se distribuye en las cuencas de los ríos Sonora, Yaqui, Mayo, Fuerte y Sinaloa. *Agosia nov. sp.* no cuenta con una categoría en la NOM-059, a pesar de haberse considerado a sus poblaciones como amenazadas al incluirse dentro de la distribución de *A. chrysogaster* (Amenazada NOM-059). Nuestro objetivo es conocer su identidad específica, afinidad filogenética y variabilidad genética a lo largo de su distribución natural. Para lo cual se recolectan ejemplares a través de diversas artes de pesca, de los cuales se obtienen las secuencias de los genes mitocondriales *Cytb*, *COXI*, *ND2* y el nuclear *RAG1*. Las secuencias de *COXI* se utilizan para determinar la identidad específica por medio del análisis del código de barras de la vida, los genes *COXI*, *Cytb* y *RAG1* son utilizados para la elaboración de una filogenia bajo los criterios de máxima verosimilitud e Inferencia Bayesiana y el gen *ND2* se usa para el análisis de variabilidad y diferenciación genética. Se cuenta con un total de 174 individuos recolectados en 17 localidades de los ríos Sonora, Yaqui, Concepción y Gila de donde se ha extraído ADN de 108 individuos y obtenido 95 secuencias de cada uno de los genes mitocondriales y se esperan 45 secuencias del gen *RAG1*. Se espera que las poblaciones de *Agosia nov. sp.* revelen su identidad específica como una unidad evolutiva independiente, así como esclarecer como esa especie se relaciona con su especie hermana y otras especies cercanas a través del análisis de afinidad filogenética, además de examinar su variabilidad genética para entender que patrones genéticos y evolutivos se están llevando a cabo en sus poblaciones. En conjunto se busca establecer una base genética y evolutiva que ayude a probar su independencia de *A. chrysogaster*.



"El saber de mis hijos
hará mi grandeza"





— COLOQUIO EN —
BIOCIENCIAS
UNIVERSIDAD DE SONORA

DISTRIBUTION AND PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF POPULATIONS OF THE MEXICAN PUPO (*AGOSIA NOV. SP.*) IN NORTHWESTERN MEXICO

Abstract

The Mexican longfin dace, *Agosia nov. sp.*, is a cryptic carp native to northwestern Mexico, distributed in the Sonora, Yaqui, Mayo, Fuerte, and Sinaloa River basins. *Agosia nov. sp.*, does not have a NOM-059 category, despite its populations being considered threatened due to their inclusion within the distribution of *A. chrysogaster* (Threatened NOM-059). Our objective is to determine its specific identity, phylogenetic affinity, and genetic variability across its natural distribution. Specimens are collected using various fishing techniques, from which sequences of the mitochondrial genes *Cytb*, *COXI*, and *ND2* and the nuclear gene *RAG1* are obtained. *COXI* sequences are used to determine specific identity through DNA barcoding analysis, while *COXI*, *Cytb*, and *RAG1* are used to develop phylogeny using maximum likelihood and Bayesian inference criteria, and *ND2* is used for variability and genetic differentiation analysis. A total of 174 individuals were collected from 17 localities in the Sonora, Yaqui, Concepción, and Gila rivers, with DNA extracted from 108 individuals and 95 sequences obtained for each mitochondrial gene; 45 *RAG1* sequences are expected. *Agosia nov. sp.*, populations are expected to reveal their specific identity as an independent evolutionary unit, as well as clarify their relationship with their sister species and other closely related species through phylogenetic affinity analysis. Additionally, examining their genetic variability will help to understand the genetic and evolutionary patterns present in these populations. Altogether, this research seeks to establish a genetic and evolutionary basis to support their independence from *A. chrysogaster*.

