

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

ESCUELA DE POSGRADO

DOCTORADO EN CIENCIAS AMBIENTALES



**Código de barras de ADN de los peces marinos
comerciales del Perú**

TESIS

**Para optar el grado académico de Doctora en Ciencias
Ambientales**

Mg. Mervin Lilia Guevara Torres

Tumbes, 2023

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

ESCUELA DE POSGRADO

DOCTORADO EN CIENCIAS AMBIENTALES



Código de barras de ADN de los peces marinos comerciales del Perú

Tesis aprobada en forma y estilo por:

Dr. Auberto Hidalgo Mogollón
ORCID 0000-0003-2921-4523

Presidente

Dra. Tessy Peralta Ortiz
ORCID 0000-0001-5907-7713

Miembro

Dr. Alberto Ordinola Zapata
ORCID 0000-0002-9644-0531

Miembro

Tumbes, 2023

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

ESCUELA DE POSGRADO

DOCTORADO EN CIENCIAS AMBIENTALES



Código de barras de ADN de los peces marinos comerciales del Perú

Los suscritos declaramos que la tesis es original en su contenido y forma

Mg. Mervin Lilia Guevara Torres
ORCID 0000-0003-3283-7887

Autora

Dr. Oscar Augusto Mendoza Neyra
ORCID 0000-0002-9637-6250

Asesor

Dra. Zoila Raquel Siccha Ramirez
ORCID 0000-0002-5597-3948

Co-asesora

Tumbes, 2023

ACTA DE SUSTENTACIÓN



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
Licenciada
Resolución del Consejo Directivo N° 155-2019-SUNEDU/CD
ESCUELA DE POSGRADO
Tumbes – Perú

"Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia, y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

ACTA DE SUSTENTACION DE TESIS

En Tumbes, a los quince días del mes de enero del dos mil veinticuatro, siendo las Siete..... horas y Treinta... minutos, en los ambientes de la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes, se reunieron el jurado calificador de la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes designado con resolución N° 200-2022/UNTUMBES-EPG-D, del 3 de mayo del 2022: Dr. Auberto Hidalgo Mogollón (presidente), Dra. Tessy Peralta Ortiz (secretaria), Dr. Alberto Ordinola Zapata (vocal), y además como asesor al Dr. Oscar Augusto Mendoza Neyra y coasesora a la Dra. Zoila Raquel Siccha Ramírez.

Se procedió a evaluar, calificar y deliberar la sustentación de tesis titulada: **CÓDIGO DE BARRAS DE ADN DE LOS PECES MARINOS COMERCIALES DEL PERÚ** para optar el grado académico de **DOCTORA EN CIENCIAS AMBIENTALES**, presentado por la:

Doctoranda: MERVIN LILIA GUEVARA TORRES

Concluida la sustentación y absueltas las preguntas, por parte del (la) sustentante y después de la deliberación el jurado según el artículo N° 65 del Reglamento de Tesis para Pregrado y Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes, declara a la Doctoranda **MERVIN LILIA GUEVARA TORRES**, ...APROBADA... con calificativo de SOBRESALIENTE

En consecuencia, queda apta, para continuar con los trámites correspondientes a la obtención del grado académico de Doctora en Ciencias Ambientales, de conformidad con lo estipulado en la ley universitaria N° 30220, el estatuto, Reglamento General, Reglamento general de grados títulos y reglamento de tesis de la Universidad Nacional de Tumbes

Siendo las ocho..... horas y cuarenta... minutos, del mismo día, se dio por concluido la ceremonia académica, procediendo a firmar el acta en presencia de Público asistente.

Tumbes, 15 de enero de 2024.

Dr. Auberto Hidalgo Mogollón
DNI N° 00250460
ORCID N° 0000-0003-2921-4523
Presidente

Dra. Tessy Peralta Ortiz
DNI N° 00239540
ORCID N°
Secretaria

Dr. Alberto Ordinola Zapata
DNI N° 00320333
ORCID N° 0000-0002-9644-0531
Vocal

Dr. Oscar Augusto Mendoza Neyra
DNI N° 00201786
ORCID N° 0000-0002-9637-6250
Asesor

C.c.
Jurado de Tesis (03),
Asesor
Interesado
Coasesor (es)
Archivo (Director EPG).

Dedicado a aquellos que exploran los misterios de los océanos y buscan comprender la diversidad de los peces del mar.



AGRADECIMIENTO

Quiero agradecer a Pro Ciencia, por el respaldo y compromiso con el avance de la ciencia y el impulso de las investigaciones; al Proyecto 023-2016: “Catalogando la biodiversidad marina del Perú, código de barras del ADN para el estudio, conservación y uso sostenible de los recursos. Al Instituto del Mar del Perú por brindar las facilidades necesarias para realizar este trabajo, por el apoyo logístico y acceso a los datos y muestras proporcionados, a su personal por su orientación y colaboración.

Agradezco a mis asesores y mentores, quienes me brindaron su experiencia y conocimiento especializado fundamentales para orientar esta investigación. Así mismo, quiero agradecer a todos los colegas y colaboradores que han contribuido con su experiencia en el desarrollo de esta investigación, sus aportaciones enriquecieron significativamente mi comprensión de la biodiversidad de los peces y su importancia ecológica. Agradezco sinceramente las conversaciones, las discusiones y el intercambio de ideas a lo largo de este proceso.

Con profunda gratitud.

Mervin Guevara Torres

ÍNDICE

ACTA DE SUSTENTACIÓN	iv
RESUMEN.....	xi
ABSTRACT	xiii
I. INTRODUCCIÓN	14
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	18
2.1. La pesca.	18
2.2. Principales recursos	19
2.3. La Biodiversidad y su importancia.....	20
2.4. Diversidad genética.....	21
2.5. Marcadores moleculares basados en ADN mitocondrial	22
2.6. Distribución de la diversidad marina.....	23
2.7. Código de barras de ADN	24
2.8. Gen de la citocromo oxidasa I.....	26
2.9. Código de barras de ADN en peces.	26
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	29
3.1. Lugar y periodo de ejecución de la investigación.	29
3.2. Tipo y diseño de investigación.	29
3.3. Población y muestra de estudio.	29
3.4. Métodos.	29
IV. RESULTADOS Y DISCUSIONES.....	39
4.1. Generación de códigos de barras de ADN	39
4.2. Evaluación de distancias genéticas y barcode gap.	70
4.3. Evaluación de métodos de delimitación de especies genéticas.....	72
V. CONCLUSIONES	78
VI. RECOMENDACIONES	80
VII. REFERENCIAS	81

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Condiciones de la PCR para la amplificación del gen COI.....	34
Tabla 2. Secuencia de <i>primers</i> utilizados.....	35
Tabla 3. Resumen de clasificación de especímenes colectados.....	39
Tabla 4. Nuevos ingresos a la base de datos BINS únicos.....	43
Tabla 5. Distancia intraespecífica del grupo de peces en los que se evaluó dos especímenes.....	45
Tabla 6. Grupo de individuos identificados hasta el nivel de género.....	47
Tabla 7. Parámetros genéticos poblaciones basado en código de barras para 8 especies de peces marinos.	75

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Puertos y regiones de desembarque de recursos hidrobiológicos	30
Figura 2.	Registro fotográfico de los peces marinos colectados.....	32
Figura 3.	Colección científica del Imarpe.....	33
Figura 4.	Amplicones de la PCR, visualizados en gel de agarosa	36
Figura 5.	Colección de ADN y tejidos.....	40
Figura 6.	Reporte de datos genéticos de especies depositadas en la plataforma Bold.....	41
Figura 7.	Diagrama de cajas porcentaje de identidad de asignación de especies.....	42
Figura 8.	Número secuencias de códigos de barras de ADN.....	43
Figura 9.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>P. adpersus</i>	46
Figura 10.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>Haliobacteres dispilus</i> , <i>Haemulopsis axillaris</i> , <i>Myctophum aurolaternatum</i> , <i>Mugil cephalus</i> , <i>Mugil curema</i> y <i>Selene peruviana</i>	49
Figura 11.	Árbol de interferencia bayesiana de delimitación de especies para <i>Scomberesox saurus</i> , <i>S. scombroides</i> ; <i>Micropogonias altipinnis</i> , <i>M. sp</i> , <i>Seriola peruana</i> , <i>S. sp</i> , <i>Centropomus armatus</i> , <i>C. robalito</i>	50
Figura 12.	Árbol de interferencia bayesiana de delimitación de especies para <i>Selene sp</i>	54
Figura 13.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Haliobacteres</i>	55
Figura 14.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>Haliobacteres</i>	55
Figura 15.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>Haemulopsis</i>	57
Figura 16.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Haemulopsis</i>	57
Figura 17.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>Scomberesox</i>	58
Figura 18.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Scomberesox</i>	59

Figura 19	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Umbrina</i> sp.....	60
Figura 20.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>Umbrina</i> sp.....	60
Figura 21.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Micropogonias</i>	62
Figura 22.	Árbol de interferencia bayesiana para <i>Stellifer</i>	62
Figura 23.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Pseudupeneus</i>	64
Figura 24	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Mugil</i>	65
Figura 25	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Selene</i>	66
Figura 26.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Seriola</i>	67
Figura 27.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Centropomus</i>	68
Figura 28.	Árbol filogenético NJ usando la distancia genética K2 para <i>Polydactylus</i>	69
Figura 29.	Distancia intraespecífica VS distancia al taxón más cercano y <i>DNA barcoding gap</i>	70
Figura 30.	Relación entre la distancia genética intraespecífica máxima y la distancia interespecífica mínima para cada espécimen.....	72
Figura 31.	Comparación de número de OTUs identificadas.	73
Figura 32.	Redes de haplotipos. Cada círculo representa un haplotipo observado, el tamaño del círculo es proporcional a la frecuencia de haplotipo.....	77

Código de barras de ADN de los peces marinos comerciales del Perú

Mg. Mervin Lilia Guevara Torres¹

Dr. Oscar Augusto Mendoza Neyra²

Dra. Zoila Raquel Siccha-Ramírez³

RESUMEN

La investigación fue llevada a cabo entre marzo de 2017 y diciembre de 2019, tuvo como objetivo aplicar el método de identificación molecular utilizando el Código de Barras de ADN para determinar las especies de peces comerciales desembarcados en el litoral peruano. Se colectaron un total de 722 peces marinos de diferentes zonas biogeográficas: Norte Tropical, Norte, Centro y Sur del litoral peruano. A partir de muestras de músculo de estos peces, se generaron 722 códigos de ADN utilizando un fragmento de 654 pb del gen de la subunidad I del citocromo C oxidasa mitocondrial (COI). Las especies identificadas abarcan 142 morfoespecies pertenecientes a 144 géneros, 55 familias y 29 órdenes de la clase Actinopterygii. Cada especie se asoció con un código de barras de ADN. Se logró obtener códigos BIN únicos para taxones como *Hysoblennius*, *Stellifer*, *Seriola peruana* y *Emblemaria hudsoni*, representando los primeros registros de estas especies en las bases de datos BOLD y GenBank. La validación de la identificación molecular se realizó al combinar los códigos de barras COI con secuencias de referencia de las especies confirmadas mediante identificación morfológica. Se observó un aumento en los valores de distancia genética utilizando los parámetros de Kimura 2 a medida que se ascendía en la jerarquía taxonómica. Los árboles de unión de vecinos se construyeron usando los códigos de barras del ADN, permitiendo agrupar los especímenes según su clasificación taxonómica a nivel de especie. Se reportan potenciales nuevas especies *Psenes* sp (LCT 1199), *Umbrina* sp (Pe Mar

¹Estudiante de la Escuela de doctorado en la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes

²Profesor de la Escuela de Posgrado la Universidad Nacional de Tumbes

³Especialista del Instituto del Mar del Perú

Tesis presentada para obtener el grado académico de Doctor en Ciencias Ambientales

Universidad Nacional de Tumbes

Escuela de Posgrado

Calle Universitaria Pampa Grande, Tumbes-Perú

e-mail: queing5@gmail.com / mguevara@imarpe.gob.pe

F0460), *Stellifer* sp (Pe Mar F0566, F0567 y F0601), *Myctophum* sp (Pe Mar F0149) y *P. adspersus* (Pe Mar F843). Estos resultados corroboran la eficacia del código de barras de ADN como herramienta molecular precisa para la identificación de especies de peces, contribuyendo a una mejora significativa en la identificación taxonómica.

Palabras clave: Peces marinos comerciales, litoral peruano, código de barras de ADN, COI.

ABSTRACT

The research was carried out between March 2017 and December 2019, with the aim of applying the molecular identification method using DNA Barcoding to determine the species of commercial fishes landed on the Peruvian coast. A total of 722 marine fishes were collected from different biogeographical zones: Tropical North, North, Central, and South of the Peruvian coast. From muscle samples of these fishes, 722 DNA barcodes were generated using a 654-base pair fragment of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene. These identified species encompass 142 morphospecies belonging to 144 genera, 55 families, and 29 orders of the class Actinopterygii. Each species was associated with a unique DNA barcode. Unique BIN codes were successfully obtained for taxa such as *Hysoblennius*, *Stellifer*, *Seriola peruana*, and *Emblemaria hudsoni*, representing the first records of these species in the BOLD and GenBank databases. Validation of molecular identification was performed by combining COI barcode sequences with reference sequences of species confirmed through morphological identification. An increase in genetic distance values using Kimura 2 parameters was observed as one ascended in the taxonomic hierarchy. Neighbor-joining trees were constructed using DNA barcodes, allowing the grouping of specimens based on their taxonomic classification at the species level. Potential new species are reported: *Psenes* sp (LCT 1199), *Umbrina* sp (Pe Mar F0460), *Stellifer* sp (Pe Mar F0566, F0567, and F0601), *Myctophum* sp (Pe Mar F0149), and *P. adspersus* (Pe Mar F843). These results confirm the efficacy of using DNA barcoding as a precise molecular tool for fish species identification, significantly enhancing taxonomic identification.

Key words: Commercial marine fishes, Peruvian coast, DNA barcoding, COI.

¹Student of the Doctoral School at the Graduate School of the National University of Tumbes.

²Professor at the Graduate School of the National University of Tumbes.

³Specialist from the Institute of the Sea of Peru.

Thesis presented to obtain the academic degree of Doctor of Environmental Sciences
National University of Tumbes
Graduate School
Pampa Grande University Street, Tumbes-Peru
E-mail: queing5@gmail.com / mguevara@imarpe.gob.pe

I. INTRODUCCIÓN

La diversidad biológica es la variedad de la vida que sostiene al planeta (Wilson, 1985). El bienestar de los humanos está íntimamente ligado al bienestar del medio ambiente y no cabe duda que la biodiversidad es esencial para la sobrevivencia y bienestar económico de la humanidad, haciéndose fundamental su mantenimiento para cumplir los objetivos de los tres pilares de la sostenibilidad: ambiental, social y económico (Grime, 1998; López et al., 2007; Nielsen et al., 2021). En las últimas décadas, el papel de la biodiversidad en el apoyo a una serie de servicios ecosistémicos críticos, ha ganado cada vez más atención y recientemente varios gobiernos han hecho compromisos internacionales para la conservación de la biodiversidad en el marco de la Agenda 2030 y el Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) (ONU, 2023).

La cumbre de la tierra celebrada por las Naciones Unidas en Rio de Janeiro en 1992, reconoció la necesidad de conciliar la preservación futura de la biodiversidad con el progreso humano según criterios de sostenibilidad o sustentabilidad promulgados en el Convenio Internacional sobre la Diversidad Biológica que fue aprobado en Nairobi el 22 de mayo de 1994, bajo este marco el año 2010 fue declarado como año Internacional de la Diversidad Biológica por la 61ª sesión de la Asamblea General de la Naciones Unidas.

El artículo 7° de la Ley N° 26839, Ley sobre la Conservación y Aprovechamiento Sostenible de la Diversidad Biológica del Perú, señala que la Estrategia Nacional de Biodiversidad Biológica constituye el principal instrumento de planificación para el cumplimiento de los objetivos de la ley. Mediante Decreto Supremo N°102-2001-PCM se aprueba la estrategia Nacional de la Biodiversidad Biológica del Perú, como documento formal y guía para la planificación y gestión de la biodiversidad biológica del país, este documento comprende seis objetivos estratégicos nacionales y trece metas, que en conjunto buscan detener la pérdida y deterioro de los componentes de la diversidad biológica, mejorar su gestión e incrementar oportunidades de uso sostenible.

La biodiversidad en Perú constituye una parte fundamental del capital natural del país y ha sido históricamente la base y sustento de su desarrollo. Esta riqueza ha

llevado a reconocer a Perú como uno de los diecisiete países megadiversos del planeta, al poseer en conjunto más del 70% de la biodiversidad global (Williams, 2001). Según Mostacero (2017), el Perú es uno de los países megadiversos más importantes del mundo y cuenta con más de 20 375 especies de flora, 523 mamíferos, 1 847 aves, 446 reptiles y 1 070 peces marinos.

En cuanto a la riqueza de especies, Perú se destaca a nivel mundial por la variedad y cantidad de su flora y fauna. A pesar de ser excepcionalmente diverso, ciertos aspectos de la biodiversidad peruana siguen siendo insuficientemente explorados. Por ende, los registros de especies continúan incrementándose de manera constante, descubriéndose cada año nuevas especies de plantas y animales (Rodríguez & Young, 2000).

El estudio de los peces marinos en Perú se inició en 1833 por científicos europeos. La obra más completa fue realizada por Hilderbrand (1946), quien describió 261 especies. Chirichigno & Cornejo (2001) identificaron 1 070 especies ícticas en las aguas marinas peruanas con valor comercial. La mayoría de estos registros fueron obtenidos por los buques de investigación del Instituto del Mar del Perú (Imarpe o por el desembarque de pesquerías artesanales. Además, Hooker (2009) reportó 11 nuevos registros de peces marinos para Perú en colectas realizadas entre 1989 y 2007.

La pesca es una de las actividades económicas más rentables en el país y es la principal en la explotación de especies silvestres. Desde la década de 1960, ha tenido un carácter fundamentalmente extractivo, lo que llevó a establecer medidas regulatorias para un mejor control y manejo sostenible de los recursos (Sociedad Nacional de Pesca [SNP], 2021). Sin embargo, persisten desafíos en la gestión de las actividades pesqueras y en la gobernanza de los ecosistemas marinos. Destacadamente, estos desafíos incluyen la captura ilegal de fauna marina (tortugas, delfines, lobos marinos, tiburones, etc.), subrayando la necesidad de promover la adopción de mejores prácticas pesqueras con la participación activa de actores locales (FAO, 2018).

Numerosas especies de peces, cuentan con planes de manejo (ordenamiento pesquero) que establecen cuotas de captura permisible, temporadas y zonas de pesca, tallas mínimas de captura y tolerancia máxima de ejemplares juveniles, todo

en favor de la sostenibilidad del aprovechamiento pesquero. Asimismo, se han elaborado otros planes, como el Plan de Acción Nacional para la Conservación y Ordenamiento de Tiburones, Rayas y Especies Afines en el Perú (D.S. N° 002-2014-PRODUCE) y el Plan de Acción para la Conservación de la Biodiversidad Marino Costera, que contribuirán a este propósito.

Invertir en la conservación de la biodiversidad en Perú representa el primer paso para resguardar sus riquezas naturales para el futuro. La conservación de ecosistemas tan complejos e intensamente aprovechados como los del mar peruano requiere una estrategia integral que promueva la sostenibilidad de las actividades extractivas artesanales o industriales (Rodríguez & Young, 2000). Una forma adecuada de contribuir a la sostenibilidad de los recursos es conocer su identidad. Por ende, la identificación correcta de las especies es crucial para su conservación, seguridad alimenticia y para comprender mejor los patrones de funcionamiento de los ecosistemas (Valentini et al., 2009; Velez-Zuazo et al., 2015).

Aunque el uso de métodos taxonómicos tradicionales ha disminuido, las técnicas basadas en el ADN, como el código de barras del ADN, actualmente proporcionan una resolución más allá de los límites de la información morfológica (Barcaccia et al., 2016; Puillandre, et al., 2011). Esta herramienta contribuye a determinar el estatus taxonómico de una especie mediante el análisis de una secuencia corta del ADN en un sitio específico del genoma, buscando así realizar la identificación molecular de especies de manera rápida, en concordancia con la identificación taxonómica tradicional (Rubinoff et al., 2006; Zou et al., 2012).

El análisis del ADN puede ayudar a determinar la existencia de especies potencialmente nuevas para la ciencia, en particular aquellas denominadas especies crípticas, especies endémicas y variedades únicas (Kochzius et al., 2010; Yuan et al., 2012). Así mismo, esta herramienta es muy valiosa para mejorar la protección de la vida marina y evitar el comercio ilegal de especies protegidas, pues permite identificar especies incluso a partir de material biológico incompleto, dañado o en estado inmaduro, facilitando la aplicación de leyes en la lucha contra la pesca ilegal de especies, estudios de ecología trófica, detección temprana de especies invasivas y ayudando a proteger a los consumidores contra el fraude alimenticio (Barbutto et al., 2010; Curatelli et al., 2014).

Dado que muchas especies de peces se comercializan actualmente con nombres comunes que varían según las regiones, e incluso dentro de ellas, enfocarse en la investigación taxonómica de los peces y registrar sus capturas proporcionará estadísticas pesqueras sólidas. Este estudio tuvo como objetivo identificar los peces marinos comerciales del litoral peruano haciendo uso del código de barras de ADN. Tal determinación puede ser fundamental para implementar mejoras en las herramientas de gestión, informando de manera precisa la cantidad de especies de peces reales capturadas anualmente. Esta información podría utilizarse para proponer nuevas medidas de conservación de las especies y complementar los datos sobre la biodiversidad marina del Perú.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. La pesca.

Un desafío para el control y la gestión de la pesca es la dificultad de observar y cuantificar directamente a los peces en el océano. Por eso, se requiere inferir el tamaño de las poblaciones con la mayor precisión posible (Samoilys & Carlos, 2000). La FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación) utiliza diversas fuentes para estimar de forma confiable el estado y las tendencias globales de los recursos pesqueros. Estas estimaciones se presentan cada dos años en el informe SOFIA (The State of World Fisheries and Aquaculture) (FAO, 2022).

A nivel global, se lleva a cabo la explotación comercial de aproximadamente 1500 poblaciones de peces, las cuales experimentan grados diversos de explotación (Jennings & Kaiser, 1998). Sin embargo, únicamente aproximadamente 500 de estas poblaciones cuentan con estimaciones exhaustivas de abundancia en la actualidad, siendo en su mayoría aquellas que han sido objeto de pesca durante largos períodos (Hilborn & Costello, 2018; Morais & Bellwood, 2020). Este contexto subraya el impacto devastador de la sobrepesca. La industria pesquera actualmente contribuye con más de 270 mil millones de dólares al producto mundial (Teh & Sumaila, 2013). En este escenario, los pescadores enfrentan desafíos para su subsistencia debido a la disminución de las poblaciones de peces, lo que genera una competencia intensa por recursos limitados. Se estima que el manejo deficiente de la pesca implica un costo económico global de 83 mil millones de dólares anuales (World Bank, 2017).

En su rol como agencia de la Organización de Naciones Unidas (ONU) competente en asuntos pesqueros, la FAO ha desarrollado el Código de conducta para la pesca responsable (FAO, 1995), así como las directrices sobre indicadores sostenibles, enfoque precautorio y enfoque por ecosistemas. Estas iniciativas han contribuido directamente a la incorporación de la diversidad biológica en la política y gestión pesquera.

La pesca en el Perú está regida por la Ley General de Pesca, promulgada en 1992 mediante el Decreto Ley 25977. Su objetivo es normar la actividad pesquera con miras a fomentar un desarrollo sostenible que sirva como fuente de alimentación, empleo e ingresos, garantizando un aprovechamiento responsable de los recursos hidrobiológicos en armonía con la preservación ambiental y conservación de la biodiversidad. El sector pesquero en el Perú reviste una importancia sustancial en la economía nacional, al ser una fuente significativa de divisas. Se estima que alrededor de 500 000 personas dependen directa o indirectamente de la pesca artesanal (Álvarez, 2003).

Durante las últimas dos décadas, la actividad pesquera ha experimentado un crecimiento notorio, evidenciado en el incremento tanto de pescadores como de embarcaciones, así como en la dedicación prolongada a las actividades extractivas. Actualmente, existen 116 puntos de desembarque que incluyen puertos, caletas y playas, distribuidos a lo largo de los 3 080 km de litoral peruano. La mayoría de los productos desembarcados por la pesquería artesanal son destinados al consumo humano directo en fresco y se comercializan en mercados locales y nacionales (Escudero, 1997; Soto et al., 2017).

El Ministerio de la Producción (Produce) con el respaldo del Instituto del Mar del Perú ha implementado diversas herramientas de gestión pesquera para promover la sostenibilidad de la pesca, como cuotas de pesca, vedas, tallas mínimas de captura y cierres extractivos temporales (Young & Lankester, 2013). No obstante, la política pesquera en el Perú mantiene un enfoque sectorial en lugar de considerar el ecosistema en su totalidad (ECLAC & OECD, 2016). Esta perspectiva sectorial contribuye a la persistencia de problemas en la pesca que continúan erosionando la sustentabilidad, con impactos negativos en términos ambientales y ecosistémicos, así como con una gobernanza débil y una supervisión ambiental deficiente.

2.2. Principales recursos.

La ictiofauna marina del Perú comprende aproximadamente 900 especies, distribuidas en 388 géneros y 138 familias. Esta diversidad exhibe un patrón decreciente de norte a sur, siendo más notable en la Provincia Panameña (norte) y disminuyendo hacia la Provincia Peruano Chilena (sur). Sin embargo, de esta vasta

diversidad, solo alrededor del 11% (80 especies) ejerce una contribución significativa a la pesca industrial y al consumo humano directo. La clasificación de las capturas se realiza según las principales pesquerías y zonas de pesca marítima, agrupándose en pesca pelágica, demersal y costera (FAO, 2014; Vildoso et al., 1999).

Entre las especies pelágicas, la anchoveta (*Engraulis ringens*), el jurel (*Trachurus murphyi*), la caballa (*Scomber japonicus*) y el dorado o perico (*Coryphaena hippurus*) destacan por su significativa contribución a los desembarques. En el ámbito demersal, la merluza peruana (*Merluccius gayi*) se posiciona como la especie de mayor relevancia en términos de captura, seguida por otras como el falso volador (*Prionotus stephanophrys*), el tollo (*Mustelus whitneyi*), el ayanque (*Cynoscion analis*) y la cabrilla (*Paralabrax humeralis*). Por último, en la categoría costera, el pejerrey (*Odontesthes regia*), la lisa (*Mugil cephalus*) y la lorna (*Sciaena deliciosa*) constituyen las especies con mayores volúmenes de captura (Estrella, 2007).

2.3. La Biodiversidad y su importancia.

La biodiversidad, según la definición del Programa Ambiental de las Naciones Unidas (PNUMA), abarca la variabilidad presente entre los organismos vivos provenientes de diversas fuentes, englobando no solo a los organismos terrestres, marinos y de otros ecosistemas acuáticos, sino también a los complejos ecológicos de los que son parte integral. Esta concepción incluye la diversidad dentro de las especies, entre especies y de ecosistemas, abarcando distintas escalas biológicas, desde la variabilidad en el contenido genético de individuos y poblaciones hasta el conjunto de comunidades de un paisaje o región (Grime, 1998; Martín-López et al., 2007; Moreno-Arias, 2007). La biodiversidad constituye la base de los ecosistemas, sustentando su funcionalidad y los servicios que brindan a la humanidad (Tilman et al., 2014). La subsistencia humana depende en su totalidad de especies animales y vegetales para alimentarse y en un porcentaje significativo, hasta un 80%, para obtener productos relacionados con la salud (Martín-López et al., 2007; Purvis et al., 2019).

En la actualidad, la comunidad internacional muestra un gran interés en la conservación de la biodiversidad. Tanto es así que la ONU declaró el año 2010 como el Año Internacional de la Diversidad Biológica y la década de 2011 a 2020 como el Decenio de las Naciones Unidas sobre la Diversidad Biológica, con el objetivo de evitar la erosión genética y proteger la diversidad genética. La biodiversidad y los ecosistemas marinos están intrínsecamente relacionados con una amplia gama de servicios cruciales para el desarrollo sostenible en los aspectos económico, social y ambiental, que mantienen un funcionamiento saludable del planeta y proporcionan servicios esenciales que respaldan la salud, el bienestar y la prosperidad de la humanidad (Nunes & Ghermandi, 2013).

Dada la gama de recursos que el océano proporciona, es lógico que la densidad poblacional sea más elevada en las zonas costeras e intermareales. Estos asentamientos humanos se benefician de manera directa o indirecta de los bienes y servicios provenientes de los ecosistemas marinos (Small & Cohen, 2004). Sin embargo, las presiones ejercidas sobre este ecosistema tienen un impacto negativo en su biodiversidad. Las amenazas múltiples y acumulativas han ocasionado la pérdida de especies y han minado el funcionamiento de numerosos sistemas marinos. Es fundamental tener en cuenta que la pérdida de biodiversidad es irreversible y representa posibles costos de oportunidad enormes en el futuro (Hemmelmann & Gómez, 2012; Nunes & Ghermandi, 2013).

2.4. Diversidad genética.

La biodiversidad se manifiesta en múltiples niveles que abarcan desde comunidades hasta individuos, encuentra su raíz en una variabilidad más fundamental: la diversidad genética. Esta última se define como las variaciones heredables que se presentan en cada organismo, determinando su interacción con el entorno y con otras especies (Baumung et al., 2004; Piñero et al., 2008). La totalidad de esta variabilidad o diversidad genética se origina a nivel molecular a través de mutaciones en el ácido desoxirribonucleico (ADN), lo que se traduce en la variabilidad intrínseca de los genes. Un gen puede presentar diversas secuencias de nucleótidos, dando lugar a formas alternativas del gen conocidas como alelos (Bennewitz et al., 2006).

Los alelos son las entidades fundamentales que definen la diversidad genética, conceptualizada como la amplia gama de alelos presentes en una población y su respectiva frecuencia relativa entre todos sus miembros (Dlugosch & Parker, 2008). La diversidad genética puede ser evaluada en distintas escalas, desde la variación a nivel individual (o dentro de individuos) al medir la diversidad de alelos dentro del ADN de un individuo, hasta la evaluación de la diversidad entre poblaciones, comparando la diversidad de alelos entre los genomas de todos los individuos que componen esas poblaciones (Berg et al., 2002).

La diversidad genética, siendo la materia prima para la selección natural y la base para posibles adaptaciones, se considera un indicador crucial de la salud de una población. Su presencia sugiere una población adaptable y resiliente, capaz de responder a cambios en su entorno a corto y largo plazo, mientras que su ausencia limitaría esta capacidad de respuesta frente a un entorno en constante cambio (Mitchell-Olds et al., 2007; Moreno-Arias, 2007).

2.5. Marcadores moleculares basados en ADN mitocondrial.

La evaluación de la diversidad en los organismos se ha basado tradicionalmente en el análisis de sus caracteres morfológicos. La similitud o diferencia en estos caracteres fenotípicos se ha utilizado para indicar el grado de diversidad de los organismos (Creer et al., 2016). Sin embargo, los caracteres morfológicos presentan una utilidad relativa, ya que están influenciados tanto por la carga genética como por el ambiente en el que se desarrollan (Kim & Byrne, 2006). Por ello, para comprender la diversidad a nivel genético, es necesario ir más allá de los caracteres morfológicos y analizar directamente el ADN, para lo cual se han desarrollado los marcadores moleculares. Estos marcadores corresponden a genes cuya expresión permite un efecto cuantificable u observable en las características fenotípicas y, además pueden detectarse fácilmente. La ventaja de los marcadores moleculares radica en su capacidad para ser evaluados desde los primeros estadios de desarrollo de un individuo, pudiendo obtenerse de todo el individuo o de una parte específica de él (Ferguson et al., 1995; Arif & Khan, 2009)

Las secuencias de ADN mitocondrial (ADNmt), según Shih et al. (2011), son apropiadas para evaluar la estructura genética y la filogeografía. El ADNmt presenta ventajas respecto al ADN nuclear: en cada célula existen varios cientos o miles de

mitocondrias, y por ende, miles de copias del ADNmt, mientras que en comparación, solo hay una copia del ADN nuclear. Adicionalmente, el ADNmt es haploide y su herencia es exclusivamente materna (Hoelzel et al., 1991). A diferencia del ADN nuclear, el ADNmt se degrada más lentamente y puede usarse para analizar ADN antiguo. Esta característica contribuye a que el efecto de deriva genética sea más notable en el ADNmt, permitiendo apreciar la diferenciación poblacional más fácilmente que en el ADN nuclear. Además, el ADNmt evoluciona hasta 10 veces más rápido que el ADN nuclear (Ewald, 2006; Shih et al., 2011).

Arif & Khan (2009) señalan que los distintos genes que conforman el genoma mitocondrial presentan tasas de mutación variadas, permitiendo evaluar la diversidad en diferentes niveles filogenéticos. Entre estos genes se incluyen los genes ribosomales 12S y 16S, que se encuentran en las regiones más conservadas del genoma mitocondrial y se han utilizado principalmente en niveles taxonómicos más bajos. Estos genes pueden considerarse confiables para evaluar tiempos de divergencia de hasta 100 millones de años (Medina & Walsh, 2000).

Brown (1985) menciona que el gen de la subunidad I de la citocromo oxidasa (COI) es uno de los genes codificadores de proteínas más conservados del genoma mitocondrial. Este gen presenta potencial para proporcionar información filogenética en niveles taxonómicos intermedios y bajos.

2.6. Distribución de la diversidad marina.

La biodiversidad marina es un recurso valioso que requiere una gestión adecuada y sostenible. Para ello, es necesario conocer cómo se distribuyen las especies marinas en el espacio y el tiempo. Los censos de especies son una herramienta básica para la biogeografía, la macroecología y la biología de la conservación, ya que permiten identificar patrones de riqueza de especies, rangos de distribución, riesgos de extinción y áreas prioritarias para la conservación (Gaston et al., 2000; Grenyer et al., 2006; Worm et al., 2005).

Mora et al. (2008), basándose en los datos de OBIS (Ocean Biodiversity Information System), indica que existen 15 716 especies de peces marinos descritas públicamente y se estima que hay un 21% más por describir. Sin embargo, la calidad de los datos taxonómicos varía según la escala espacial, siendo más baja

en resoluciones más finas. Actualmente, se han descrito 34 300 especies de peces (<https://www.fishbase.de/>). Estos esfuerzos para recopilar los registros de ubicación de los estudios marinos permiten obtener una visión global de la biodiversidad marina registrada y evidenciar las lagunas en ese conocimiento.

Los servicios eco sistémicos que proveen los océanos y sus habitantes son de vital importancia para el bienestar humano, pues contribuyen a la alimentación, la salud, el clima y otros aspectos (Muñoz-Sevilla & Le Bail, 2017; Robinson, 2009). Para asegurar la sostenibilidad de las actividades económicas que dependen de los recursos marinos, es necesario adoptar un enfoque integrado que combine la explotación responsable, la conservación efectiva y la planificación adecuada (Butchart et al., 2010, McKinley et al., 2018). No obstante, la calidad de los datos taxonómicos disponibles puede afectar la precisión de los análisis de diversidad y la eficacia de las medidas de conservación (Mora et al., 2008; Tarazona et al., 2003,).

2.7. Código de barras de ADN.

El concepto de código de barras de ADN se introdujo por primera vez en 2003, cuando el investigador Paul Hebert y sus colaboradores publicaron un artículo llamado “Biological identifications through DNA barcodes”, en la Universidad de Guelph, Ontario, Canadá (Hebert et al., 2003b).

El código de barras de ADN consiste en la utilización de un fragmento estandarizado de ADN para identificar especies biológicas, aprovechando la variación genética entre ellas. Aunque la genética se ha empleado desde hace tiempo para la clasificación taxonómica de especies (Caterino et al., 2000; Kocher et al., 1989), el código de barras de ADN ofrece la ventaja de simplificar y agilizar el proceso de obtención de datos mediante el uso de un marcador común (Hebert et al., 2003a). La aplicación de esta técnica se basa en que la variación dentro de las especies es menor que la variación entre ellas, lo que permite estimar la diversidad intraespecífica con un tamaño de muestra pequeño, siempre que la muestra incluya un grupo representativo de subpoblaciones (Hebert et al., 2003; Kochzius et al., 2010; Kress & Erickson, 2012). Para ello, es necesario tener en cuenta las variaciones geográficas y fenotípicas (Hebert & Gregory 2005). Se ha propuesto que el umbral entre los valores para las divergencias interespecíficas es

de aproximadamente el 2% de divergencia entre las secuencias de COI para las aves y del 3% para los peces (Ward, 2009).

El código de barras de ADN es una técnica que facilita el trabajo de los taxonomistas, ya que permite identificar especies a partir de cualquier etapa de su ciclo vital (Hebert et al., 2004). Además, el código de barras de ADN contribuye al estudio de la biodiversidad, al ofrecer información sobre aspectos ecológicos y evolutivos de las comunidades (Cowan et al., 2006; Kress et al., 2005). El método del código de barras de ADN consiste en dos fases: crear una base de datos de secuencias de ADN de especies conocidas y comparar la secuencia del espécimen desconocido para asignarle una identidad (Ratnasingham & Hebert 2007).

Si la muestra del espécimen no identificado tiene una divergencia nula o muy baja (uno o dos pares de bases) con respecto a un espécimen previamente identificado, se puede asumir con una alta probabilidad (alrededor del 98%) que pertenece a la misma especie que el espécimen identificado. En cambio, si la muestra del espécimen desconocido tiene una divergencia superior al 2% con respecto al espécimen conocido, se puede inferir que se trata de una especie distinta (Ward, 2009). Asimismo, Herber et al. (2004), sugieren la regla 10X, según la cual los individuos que presentan una divergencia 10 veces mayor que la variabilidad intraespecífica promedio del grupo, podrían ser especies crípticas.

Para construir una biblioteca integral de referencias de códigos de barras de ADN para las especies biológicas (bases de datos), se necesita elaborar un inventario de la biodiversidad en distintos niveles y dimensiones, lo que convierte a la sistemática molecular en una herramienta esencial para el desarrollo de programas de vigilancia de la biodiversidad en todo el mundo (Janzen, 2004). Estas bases de datos incluyen los códigos de barras de ADN asociados a taxones previamente identificados, y además exigen documentación pormenorizada (lugar y fecha de recolección, colector, imagen, etc.), identificación taxonómica validada del espécimen, y la presentación de secuencias en un formato específico. Asimismo, se requiere el resguardo de los especímenes en colecciones de museos e instituciones colaboradoras (Ward et al., 2009). Hay varias bases de datos de referencia según el grupo de organismos, como por ejemplo el Proyecto del Código de Barras Internacional de la Vida (iBOL).

2.8. Gen de la citocromo oxidasa I.

La subunidad I de la citocromo oxidasa (COI) es una enzima que participa en la última etapa de la cadena respiratoria mitocondrial, donde cataliza la transferencia de electrones y protones a través de la membrana interna de la mitocondria (Lunt et al., 1996; Saraste et al., 1991). El gen que codifica esta subunidad, el gen COI, es un gen mitocondrial que se ha conservado en su estructura y tamaño en todos los organismos aeróbicos que se han estudiado. Sin embargo, dentro de este gen hay regiones que presentan una variabilidad considerable en la secuencia de aminoácidos, lo que permite diferenciar entre especies y analizar sus relaciones evolutivas (Lunt et al., 1996). Por esta razón, el gen COI es un marcador molecular muy útil para la identificación y clasificación de especies.

2.9. Código de barras de ADN en peces.

Los peces constituyen uno de los grupos más relevantes de los habitantes de los océanos, con una enorme variedad de formas y que habitan en ambientes diversos desde las zonas intermareales hasta las profundidades abisales (Ruiz, 2013, Villéger et al., 2017). El número exacto de especies de este grupo es incierto, pero sin duda es el grupo más numeroso dentro de los vertebrados, según la Enciclopedia de la Vida (EOL) hay cerca de 32 000 especies de peces descritas que se clasifican actualmente en 483 familias y 57 órdenes. Los peces son un recurso alimentario esencial en todo el mundo y la sobrepesca ha causado que muchas poblaciones se reduzcan o estén en peligro. La Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) señala que la determinación de especies es un importante problema pesquero desde la década de 1960; los datos e informes recabados por la FAO muestran que aproximadamente el 35% de la captura pesquera no se identificó a nivel de especies, aunque este nivel varía según las regiones (Garibaldi, 2012). La identificación de especies de peces y el conocimiento taxonómico también varía mucho entre los taxones y las regiones del mundo. Las regiones que prestan mayor atención a la investigación taxonómica y al registro de capturas, obtienen estadísticas pesqueras sólidas que favorecen una política de gestión y conservación adecuada (Carreon- Martinez & Heath 2010, White & Last, 2012).

Un desafío importante para la regulación de la industria pesquera es la pesca ilegal no declarada y no documentada (INDNR), que consiste en capturar peces sin respetar las normas sobre la especie, el origen geográfico, la edad, la cantidad y el periodo de pesca (Petrossian et al., 2014). Otro desafío es el etiquetado falso de los productos pesqueros, que se usa para introducir el pescado de la pesca INDNR en el mercado legal o para engañar al consumidor (Bénard-Capelle et al., 2015; Günther et al., 2017).

Para abordar estos problemas regulatorios, se requieren métodos para identificar el pescado y sus productos, que se puedan aplicar tanto en auditorías rutinarias de la industria como en herramientas de fiscalización para sancionar las actividades ilegales (Keskin & Atar, 2013; Rodríguez et al., 2020).

El gen mitocondrial que codifica el citocromo C de la subunidad oxidasa I (COI) es un fragmento de 655pb que se ha utilizado, entre otras aplicaciones, para identificar peces marinos, desde las publicaciones de Hebert et al. (2003a). Ward et al. (2005) validaron la eficacia de los códigos de barras COI para identificar quimeras, tiburones, rayas y atunes. Ivanova et al. (2007) desarrollaron cocteles de cebadores de cola M13 y demostraron que son más efectivos que los cebadores convencionales, facilitando el trabajo con códigos de barras en muestras diversas. Cariani et al. (2017) presentaron los resultados del consorcio Elasmomed, en los que codificaron con éxito 882 individuos de peces condriictios mediterráneos, detectando errores de identificación morfológicos y confirmando la necesidad de una biblioteca integral de códigos de barra de ADN como una herramienta valiosa para la identificación confiable de peces. Además, se ratificó la utilidad del código de barras de ADN para identificar el contenido de estómago, filetes, aletas, huevos o larvas de peces comparando sus secuencias con las de referencia, mediante el uso de BOLD (Costa & Carvalho, 2007; Pegg et al., 2006; Ward et al., 2009). Los filetes o aletas a menudo requieren un análisis molecular porque los rasgos morfológicos utilizados para la identificación de especies generalmente están ausentes.

La identificación de las especies de peces a partir de sus huevos y larvas es un reto, ya que muchas veces no se pueden distinguir o no se han documentado sus rasgos distintivos (Puncher et al., 2015). Sin embargo, el estudio de la variación temporal en la cantidad y el estado de los huevos y larvas puede revelar aspectos

clave sobre el reclutamiento de las poblaciones pesqueras, su relación con los cambios ambientales a diferentes escalas y su papel en la estructura y el funcionamiento de los ecosistemas marinos. Estos conocimientos son fundamentales para desarrollar estrategias de gestión basadas en el ecosistema (García-Robledo et al., 2013; Richardson et al., 2009).

Para facilitar la identificación de las especies de peces, se ha creado la iniciativa Fish Barcode of Life (FISH-BOL), una red internacional de investigación que desde 2005 está construyendo una biblioteca de secuencias de ADN estandarizadas para todos los peces. El método consiste en analizar una región de 648 pares de bases del gen mitocondrial COI, que ofrece varias ventajas: permite identificar especies, detectar expansiones de rango geográfico, descubrir especies nuevas o desconocidas y aplicarse en casos donde los métodos tradicionales no son posibles (Ward et al., 2009; Ward, 2012).

El código de barras de la vida (BOLD; <http://www.barcodinglife.org>) es un sistema de datos que almacena secuencias de referencia del gen COI, un marcador molecular que permite identificar especies de peces a partir de muestras de cualquier tipo: enteros, fileteados, cocinados, procesados o incluso en forma de aleta, huevo, larva o contenido estomacal. Este método es especialmente útil cuando la taxonomía tradicional es difícil o imprecisa (Bickford et al., 2007; Teletchea, 2010). Según los datos de Fish-BoL, el BOLD contiene casi 50 000 secuencias de más de 7 000 especies de peces (Becker et al., 2011; Ward, 2012), lo que demuestra la eficiencia y fiabilidad del COI como marcador de especies y herramienta para el estudio de las redes tróficas marinas (Harms-Tuohy et al., 2016; Leray et al., 2011).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar y periodo de ejecución de la investigación.

Este estudio se desarrolló durante tres años, desde marzo del 2017 hasta diciembre de 2019, el trabajo se ejecutó en tres fases: la fase de colecta de especímenes que se realizó a lo largo del litoral peruano (zona norte tropical, norte, centro y sur), la fase de identificación taxonómica en el laboratorio de Taxonomía de la Sede Central de Instituto del Mar del Perú (Imarpe- Lima) y la fase del análisis molecular en el Área de Biología Molecular del Laboratorio Costero de Tumbes (Imarpe-Tumbes).

3.2. Tipo y diseño de investigación.

El diseño de la investigación es ex post facto, de tipo básico, por cuanto se enfoca en describir la identidad genética de los peces colectados, sin intervenir ni alterar las variables, y analizándolas en un momento específico. Los datos de identificación de los peces se obtuvieron entre los años 2017 a 2019, como parte del proyecto de investigación financiado por Concytec – FondecyT a través del Círculo de Investigación denominado “Catalogando la biodiversidad marina del Perú PeMar”.

3.3. Población y muestra de estudio.

El estudio abarcó el litoral marino del Perú, en el Océano Pacífico Suroriental. Se seleccionaron las especies de peces marinos con valor comercial que se podían muestrear. La muestra estuvo conformada por cinco individuos de cada especie de pez en cada zona de muestreo, y se les colocó en baldes de plástico de 20 litros con hielo granizado para su adecuada conservación.

3.4. Métodos.

3.4.1. Colecta de ejemplares de peces marinos.

La colecta de peces marinos se realizó en los departamentos de Tumbes, Piura, Ancash, Lambayeque, La Libertad, Lima e Ica (figura 1), teniendo en

cuenta los puntos de comercialización de especies marinas como puertos, desembarcaderos, terminales pesqueros y mercados. Asimismo, se aprovecharon las capturas realizadas por el Imarpe durante sus cruceros de evaluación de los recursos pesqueros con sus buques de investigación. Antes de cada salida de campo, se verificaron las condiciones meteorológicas (tabla de marea, oleajes anómalos o dirección de los vientos) y sociales (eventos festivos, manifestaciones, etc.) que pudieran afectar la colecta. En cada punto de muestreo, se evitó repetir la colecta de las mismas especies de peces, limitando el número de individuos por especie a cinco.



Figura 1. Puertos y regiones de desembarque de recursos hidrobiológicos en el litoral peruano y los puntos de colecta o muestreo.

3.4.2. Procedimiento de identificación taxonómica.

Las muestras biológicas se analizaron en el área de investigaciones en biodiversidad de la Sede Central del Imarpe. Se utilizaron criterios morfométricos (medidas de la longitud, el ancho y la base de diferentes

partes del cuerpo) y merísticos (número de radios de las aletas y de branquiespinas) para caracterizar cada espécimen. Se consultaron claves taxonómicas de referencia (Chirichigno, 1974; Chirichigno Cornejo, 2001; Chirichigno & Velez, 1998), la Guía de la FAO (Fischer et al., 1995) y páginas especializadas en internet como FishBase (www.fishbase.org), ITIS (www.itis.usda.gov), University of Michigan Museum of Zoology - Animal Diversity (<http://animaldiversity.ummz.umich.edu>) y FIGIS (www.fao.org/figis). Se registraron los datos de cada lote de muestras biológicas en fichas físicas específicas, con información sobre el nombre científico y común de la especie, el nombre del colector, el lugar, la fecha y el método de captura, así como la talla y el peso de cada ejemplar.

3.4.3. Registro fotográfico.

Para documentar los especímenes colectados, se les tomó una fotografía profesional de alta resolución a uno de sus lados del cuerpo, o por la parte dorsal en el caso de los peces planos (figura 2). Las fotografías fueron almacenadas en formatos digitales de alta calidad e incorporadas en la base de datos del BOLD System, lo que es un hito significativo en la gestión de datos, ya que esta plataforma es reconocida por su eficacia en la catalogación y análisis de información genética.

La inclusión de las imágenes en el BOLD System no solo sirve como un archivo visual detallado, sino que también establece un puente esencial entre la documentación fotográfica y la información genética asociada a cada espécimen. Esta integración de datos ofrece una plataforma completa y accesible para la comunidad científica, facilitando la colaboración y el intercambio de conocimientos en el ámbito de la taxonomía y la investigación biológica.

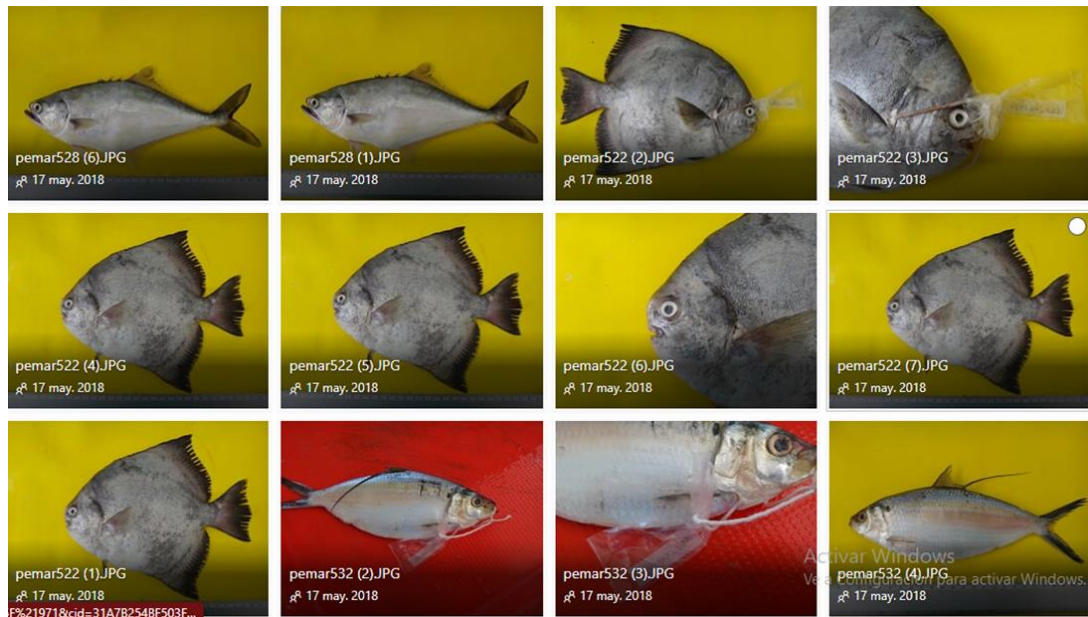


Figura 2. Registro fotográfico de los peces marinos colectados.

3.4.4. Obtención de muestras de tejidos.

Para obtener muestras de tejidos de los especímenes en fresco, se cortó un trozo de 1 cm³ de músculo de la parte inferior de la aleta dorsal, hígado o branquias por duplicado, haciendo uso de un bisturí. Las muestras se colocaron en microtubos de 2 ml con 1 ml de etanol al 96% y se rotularon con un código. Luego se almacenaron en frío y se transportaron al área de biología molecular del Laboratorio Costero de Tumbes para su posterior análisis molecular.

3.4.5. Rotulado y fijado de muestras biológicas.

Cada espécimen colectado fue etiquetado con un código alfanumérico único (código de muestra) y correlativo, por ejemplo, PeMar 01, Pe Mar 02 y así sucesivamente; estos fueron almacenados en frío (congelado) en bolsas de polietileno hasta su traslado al laboratorio de taxonomía en la sede central de Imarpe, se registró zona, estación de muestreo e identificación morfológica (orden, familia, género y especie). Posteriormente, los representantes *voucher* fueron fijados en una solución de formaldehído amortiguado (10%), enjuagados con agua y preservados en una solución de etanol al 75% y depositados en la colección de Imarpe (figura 3).



Figura 3. Peces preservados en la colección científica del Imarpe.

3.4.6. Análisis molecular.

A) Extracción y amplificación de ADN.

Las muestras obtenidas fueron procesadas para extraer el ADN, de acuerdo a los siguientes protocolos:

B) Extracción de ADN.

Para extraer el ADN de cada espécimen, se cortó un pequeño trozo de tejido y se trituró hasta obtener fragmentos más pequeños. Se colocaron en un tubo de 1,5 ml con 290 μ l de tampón de lisis y 10 μ l de proteinasa K (10 ng/ μ l) y se incubaron a 60 °C. Luego, se añadió 100 μ l de NaCl 5M y se mezcló por inversión. Se centrifugó a 10 000 rpm durante 10 min a temperatura ambiente usando una centrífuga (Centurion Scientific Ltd). Se transfirió el sobrenadante a otro tubo y se le agregó 600 μ l de etanol al 100% helado. Se guardó a -20 °C por una hora (este paso se puede postergar para el día siguiente). Se centrifugó nuevamente a 14 000 rpm por 30 min a 4 °C y se eliminó el etanol. Se lavó el precipitado con 1 ml de etanol al 70%, se centrifugó a 14 000 rpm por 5 min y se descartó el etanol. Se secó el ADN a 60 °C por 15 min. Se resuspendió en 50 μ l de TE y se almacenó a -20 °C hasta su uso.

C) Cuantificación de ADN.

Para verificar la calidad del ADN extraído, se realizó una cuantificación en el equipo Epoch de BioTek, con el programa Gen5. Se estableció como criterio de calidad que las muestras tuvieran una relación de absorbancia 260/280 entre 1,8 y 2,0. Las muestras se concentraron por evaporación hasta obtener 20ng/μl y se conservaron a -20 °C para su posterior amplificación.

D) Amplificación del fragmento del gen COI por PCR.

Se utilizó la técnica de PCR (tabla 1) para amplificar el gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (COI). Cada reacción consistió en 25 μl de mezcla que contenía 2,5 μl de *buffer* 10X, 0,25 μl de MgCl₂ (50 mM), 0,2 μl de *Taq* ADN Polimerasa (5 U/μl), 2,5 μl de dNTPs (8 mM), 0,6 μl de cada *primer* (5 μM), 16,35 μl de agua ultra pura y 2 μl de ADN extraído (tabla 2). Se emplearon reactivos de la marca GeneOn y un termociclador marca Applied Biosystems.

Tabla 1. Condiciones de la PCR para la amplificación del gen COI

Etapa	Temperatura (°C)	Tiempo	Ciclos
Desnaturalización inicial	95	2 min	1
Desnaturalización	95	45 s	30
Alineamiento	50, 52, 54	45 s	
Extensión	72	1 min	
Extensión final	72	5 min	1
Conservación	12	10 h	1

Tabla 2. Secuencia de *primers* utilizados.

<i>Primer</i>	Secuencia	Referencia
<i>Fish cocktail: C_FishF1t1 – C_FishR1t1</i>		
VF2_t1	TGTA AACGACGGCCAGTCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC	Ivanova et al. (2007)
FishF2_t1	TGTA AACGACGGCCAGTCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC	Ivanova et al. (2007)
FishR2_t1	CAGGAAACAGCTATGACACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA	Ivanova et al. (2007)
FR1d_t1	CAGGAAACAGCTATGACACCTCAGGGTGTCCGAARAAYCARAA	Ivanova et al. (2007)
<i>Primers de secuenciamiento</i>		
M13F (-21)	TGTA AACGACGGCCAGT	Messing (1983)
M13R (-27)	CAGGAAACAGCTATGAC	Messing (1983)
Fish F1	TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC	Ward et al. (2005)
Fish R1	TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA	Ward et al. (2005)
Fish F2	TCG ACT AAT CAT AAA GAT ATC GGC AC	Ward et al. (2005)
Fish R2	ACT TCA GGG TGA CCG AAG AAT CAG AA	Ward et al. (2005)

Electroforesis.

Para evaluar los productos amplificados, se realizó una electroforesis en un gel de agarosa al 1%. Se preparó el gel disolviendo 0,5 g de agarosa en 50 ml de solución TAE 1X. Luego, se migraron los amplicones (producto de la amplificación de ADN en la PCR) en el gel de agarosa (figura 4). Para ello, se mezcló 2 µl de cada amplicón con 1 µl de buffer de carga con reactivo intercalante Gelred (marca Biotium) y se depositó la mezcla en cada pocillo del gel. Además, se añadió en uno de los pocillos 2 µl de marcador de peso molecular 1 kb (marca GeneON) con 1 µl de buffer de carga con reactivo intercalante Gelred. Se colocaron los geles en la cámara de electroforesis (marca Biometra) y se aplicó un voltaje de 90 V durante 35 min. Finalmente, se visualizaron y fotografiaron los geles con un foto-documentador (marca Major Science).

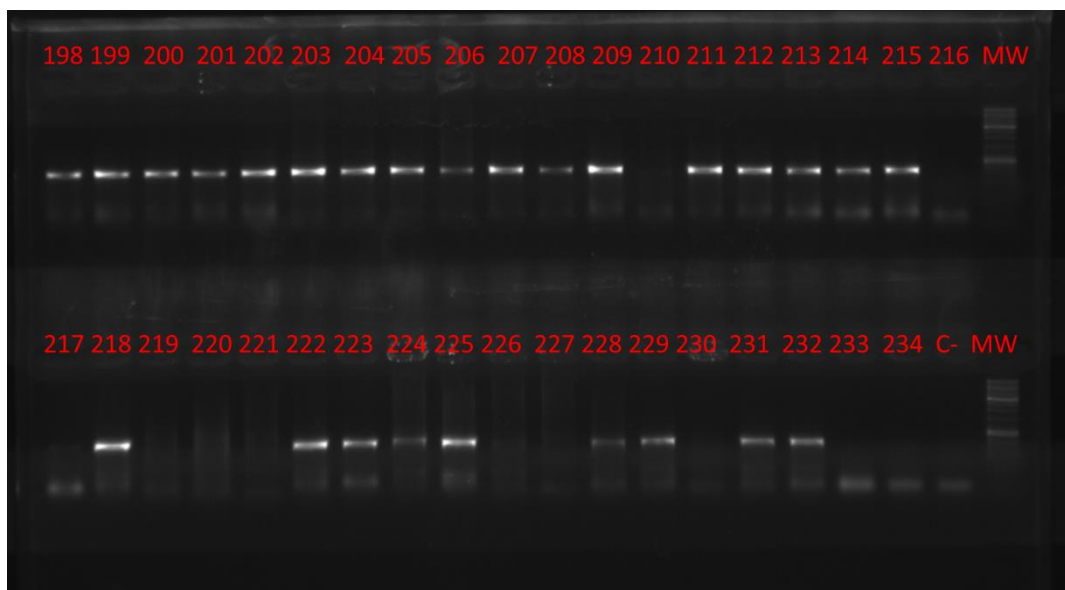


Figura 4. Amplicones migrados en gel de agarosa al 1%. Muestras PeMar 198 hasta PeMar 234. MW=marcador de peso molecular de 1 kb

Secuenciamiento Sanger.

Para secuenciar ambas hebras (sentido y anti sentido) del ADN amplificado por la PCR, se enviaron las muestras a las empresas MagroGen (<http://www.macrogen.com>) y Bio Basic Inc (<https://www.biobasic.com/dna-sequencing>). Se colocaron 20 μ l de cada muestra en una micro-placa de 96 pozos, que se rotularon con un código y se describieron en un meta data. La placa se selló y se almacenó a -20 °C. Se utilizaron los mismos *primers* que en la amplificación del gen COI, con una concentración de 5 μ M.

3.4.7. Análisis Bioinformático.

Alineamiento de secuencias de los productos amplificados

Para alinear, analizar y cortar las secuencias consenso de los productos amplificados a 652 pb, se utilizó el software Bioedit 7.0.5. Los electroferogramas se ensamblaron con el programa Geneious v.5.6 (Biomatters Ltd).

Se empleó la librería taxize (Chamberlain et al., 2020; Chamberlain & Szocs, 2013) de R para cargar las secuencias en formato fasta y automatizar las consultas con las bases de datos. Se usó la librería taxreturn (Piper, 2021)

para realizar consultas en Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>) del NCBI mediante la función BLAST, que busca similitudes entre secuencias. En la base de datos BOLD, se incluyeron todas las secuencias COI con una longitud mínima de 500 pb (Chamberlain, 2021).

Análisis de datos: Identificación de especímenes.

Para identificar los especímenes de peces marinos, se realizó un análisis filogenético basado en la composición media de nucleótidos y la divergencia de las secuencias de ADN. Se utilizó el modelo de distancia Kimura dos parámetros (K2P) (Kimura, 1980) y el método de Neighbor-Joining (NJ) para construir un árbol que mostrara el grado de relación entre las diferentes secuencias. La confiabilidad del árbol se estimó con 1000 réplicas de *bootstrap* (Efron, 1979, Felsenstein 1985).

Las secuencias se introdujeron en formato FASTA, siguiendo el formato de ">" seguido de la ID de la muestra, y de una barra ("|"), sin espacios antes del final de la muestra. Así se obtuvieron los números de códigos de registro y los códigos de barras correspondientes. Los códigos de barras de las especies validadas se generaron con la plataforma del FishBol.

Para asignar los BIN (número de índice del código de barras), se utilizó el sistema BOLD y se verificó su concordancia con la herramienta Informe de discordancia BIN (Ratnasingham & Hebert, 2013). Esta herramienta indica si un BIN contiene secuencias de la misma especie o de especies diferentes. Además, se realizaron tres análisis de agrupamientos distintos para delimitar las unidades moleculares (MOTUs) a partir de 722 secuencias COI de 652 nucleótidos cada una.

Para delimitar las especies en estudio, se aplicaron dos métodos: el bioinformático SPdel (<https://github.com/jolobito/SPdel>, consultado el 20 de marzo del 2021) y la taxonomía clásica. El método bioinformático se basó en tres modelos que detectan cambios en las tasas de diversificación o de sustitución en un árbol filogenético ultra métrico calibrado en el tiempo. El primer modelo fue el GMYC (*General Mixed Yule Coalescent*), que identificó el punto de transición entre el proceso de especiación y el de coalescencia

(Fujisawa & Barraclough, 2013). Los otros dos modelos fueron el PTP (Poisson Tree Processes) y su versión bayesiana (bPTP) (Zhang et al., 2013), que usan el número de sustituciones como criterio. Para generar el árbol ultra métrico, se usó el programa BEAST v2.6.2 (Drummond et al., 2012), con el modelo de sustitución nucleotídica GTR+IG, un reloj relajado logarítmico normal y un modelo de nacimiento y muerte. Se realizaron dos corridas independientes de 200 millones de generaciones MCMC, con un muestreo cada mil generaciones y un *burn-in* del 10%. Las corridas se ejecutaron en la plataforma CIPRES (<https://www.phylo.org>, consultado el 14 de marzo de 2021), con una duración de 82 horas cada una, 400 patrones y una partición de la *data*.

Mediante el programa LogCombiner v2.6.3, se combinaron los archivos *.log y *.tree de cada corrida realizada con BEAST v2.6.2. Para el archivo *.log combinado, se remuestreó cada 20 mil. Con el programa Tracer v1.6.0 (Rambaut et al., 2018), se evaluó la convergencia y el tamaño de muestra adecuado (mayor a 130). Con el programa TreeAnnotator v2.6.2 (Rambaut & Drummond 2013), se usó el archivo combinado de todos los árboles generados (*.tree) para obtener el árbol consenso, considerando probabilidad posterior cero (0), árbol de máxima credibilidad de clado y alturas de ancestros comunes. El resultado fue un archivo *.tre, que es el árbol ultra métrico que se usó en el programa SPdel para los análisis posteriores. En SPdel, se analizaron y compararon los cuatro métodos de delimitación de especies elegidos, y se obtuvieron las distancias genéticas intragrupal e intergrupales según el modelo Kimura 2 parámetros.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Generación de códigos de barras de ADN

Para el análisis de esta tesis se examinaron un total de 722 especímenes. Estos ejemplares fueron inicialmente identificados mediante taxonomía clásica, agrupándolos en 142 morfoespecies que a su vez se distribuyeron en 144 géneros, 55 familias y 29 órdenes pertenecientes a la clase Actinopterygii (tabla 3). Asimismo, se generó un total de 722 secuencias de códigos de barras de ADN correspondientes a estos especímenes.

La secuencia analizada consiste en una longitud de 652 pb de la región 5' del gen mitocondrial COI. Para la amplificación de la región objetivo, se utilizaron *primers* específicos: FishF1/FishR1, FishF2/FishR2, y LC01490FM13/HCO2198RM13. En términos de eficacia en la amplificación, se observó que los cebadores FishF1/FishR1 demostraron el mayor éxito, seguidos por los cebadores FishF2/FishR2. Estos resultados concuerdan con los hallazgos de estudios anteriores realizados por Ribeiro et al. (2012), Christiansen et al. (2018), y Habib et al. (2021), quienes usaron principalmente los cebadores FishF1/FishR1.

Tabla 3. Resumen de clasificación de especímenes colectados.

Categoría taxonómica	Cantidad
Órdenes	29
Familias	55
Géneros	114
Morfoespecies	142

Se logró la creación de un banco de ADN y de tejidos a partir de los especímenes colectados con éxito, los cuales se mantienen bajo conservación en las instalaciones del Laboratorio Costero de Tumbes del Imarpe. Estas muestras están meticulosamente organizadas y etiquetadas, siendo designadas con nombres como PeMar o LCT seguidos de números consecutivos. Están resguardadas en cajas de crioviales que contienen tanto

el ADN como el tejido de los peces capturados, y se encuentran almacenadas a una temperatura de -20°C para su preservación a largo plazo. Los vouchers correspondientes a estas muestras forman parte integral de las colecciones científicas tanto del Laboratorio Costero de Tumbes como del Imarpe en la Sede Central, y se encuentran disponibles para la comunidad científica interesada (figura 5).

La totalidad de secuencias obtenidas estará disponible en la plataforma BOLD (<http://www.boldsystem.org>), en el archivo del proyecto denominado “Catalogando la Biodiversidad del Mar Peruano – Peces” (figura 6). Este archivo integral reúne los vouchers, registros de colección, identificadores responsables de las muestras, fotografías, mapas de localización de colecta, cebadores empleados, electroferogramas y las secuencias consenso.



Figura 5. Colección de ADN y tejidos.

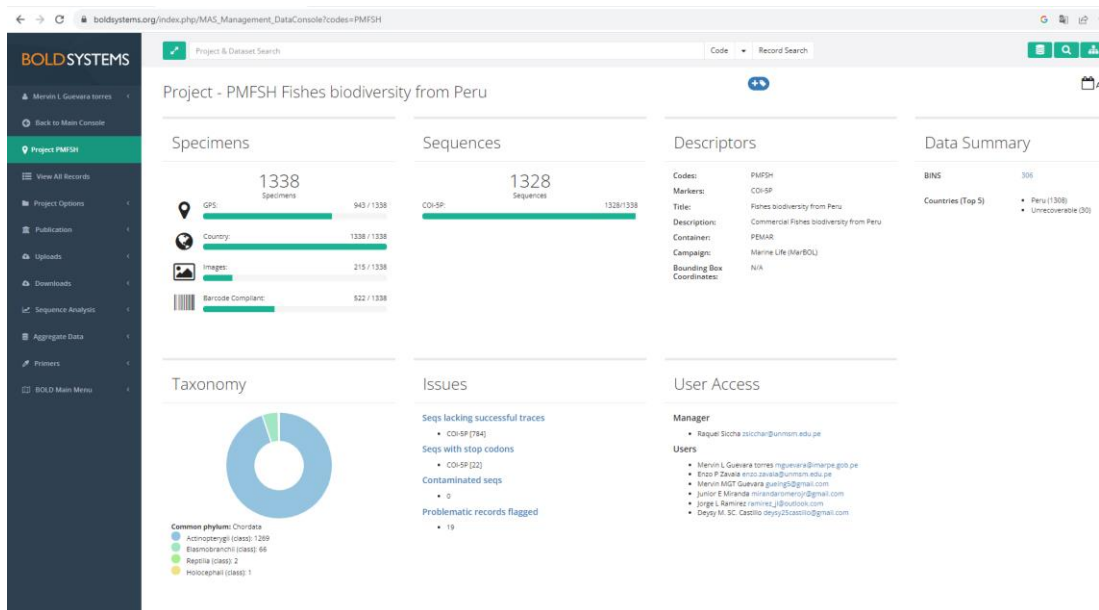


Figura 6: Reporte de datos genéticos de especies depositadas en la plataforma *Bold System*.

Para una validación adicional, las secuencias de códigos de barras del ADN se consultaron en las bases de datos del NCBI y BOLD (figura 7). La asignación de especies mediante la búsqueda en BOLD arrojó un 80% de las secuencias con un porcentaje de identidad superior al 95%. Por otro lado, al consultar la base de datos del NCBI, se obtuvo un 75% de las secuencias con un porcentaje de identidad superior al 95%. Vale la pena destacar, que se observa una mayor concordancia en la base de datos BOLD en comparación con la de GenBank, esto se debe a la rigurosidad en la incorporación de datos en BOLD, en comparación con GenBank; BOLD incluye elementos como fotografías, coordenadas geográficas, números de códigos de los vouchers de colección, electroferogramas y una longitud mínima de 500 pb por secuencia, lo que asegura la calidad de las mismas. Esta alta calidad es reflejada en la coherencia entre los datos consultados y la base de datos de referencia en BOLD (Mayordomo 2019).

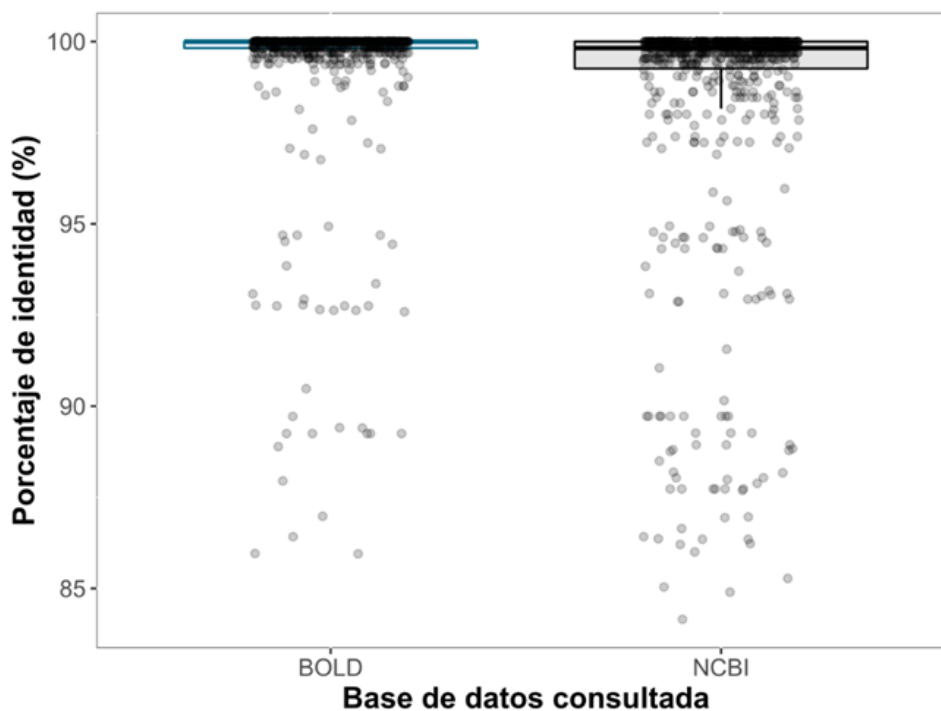


Figura 7. Diagrama de cajas del porcentaje de identidad de asignación de especies mediante códigos de barras de ADN obtenidos en las bases de datos de *BOLD* y *NCBI*.

El análisis reveló que 101 de las morfoespecies fue representada por una cantidad de secuencias de códigos de barras de ADN que osciló entre 1 y 5 ejemplares. Seguidamente, se identificó un conjunto de 27 morfoespecies que contaron con un rango de 6 a 10 secuencias cada una. En menor proporción, 14 morfoespecies contaron con más de 10 secuencias por especie (figura 8). Esta distribución de secuencias se alinea con las expectativas inherentes al análisis de códigos de barras de ADN, que recomienda la inclusión de 5 o más ejemplares por especie para resultados confiables (Herbert et al., 2003).

En 31 casos, no se pudo obtener la cantidad apropiada de especímenes debido a diversas particularidades en el muestreo, como su presencia estacional, la rareza de su detección, o su presencia en hábitats de difícil acceso (ambientes de gran profundidad, arrecifes rocosos u oceánicos). Es fundamental considerar que la dinámica de la riqueza de especies de peces evoluciona con el transcurso del tiempo. Por ejemplo, durante circunstancias ambientales específicas como los episodios de El Niño Oscilación del Sur (ENOS), se observa que las especies

correspondientes a la Provincia Panameña dejan de registrarse en el centro-sur, mientras que otras especies más comunes en la Provincia Peruano-Chilena persisten de manera regular (Gárate & Pacheco, 2004).

Por otro lado, surgieron dificultades en la amplificación y secuenciación del ADN de algunos individuos, debido a inconvenientes en el proceso de fijación de los tejidos. Esto repercutió en la capacidad para amplificar el fragmento del código de barras; por lo que, se optó por incluir especies con solo uno o dos especímenes colectados en estas circunstancias particulares.

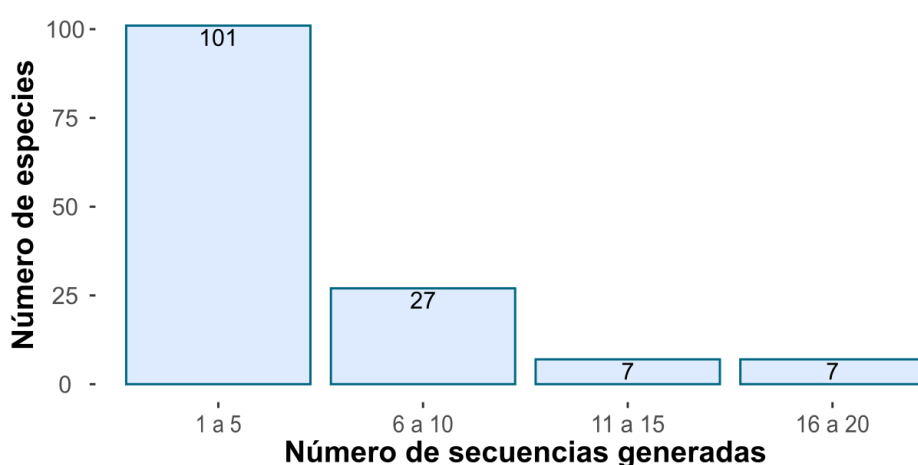


Figura 8. Número secuencias de códigos de barras de ADN generados por especie.

En la plataforma BOLD este estudio registró cuatro BINs únicos correspondientes a las especies *Hypsoblennius*, *Stellifer*, *Seriola peruana* y *Emblemaria hudsoni*. (tabla 4)

Tabla 4. Nuevos ingresos a la base de datos BINs únicos.

BIN	TotalMiembros	Taxa	Cantidad en el proyecto
BOLD:AEE2091	5	<i>Hypsoblennius</i>	2
BOLD:AEE6690	1	<i>Stellifer</i>	1
BOLD:AEE7581	7	<i>Seriola peruana</i>	7
BOLD:AEE8125	3	<i>Emblemaria hudsoni</i>	3

En la lista de especies analizadas, se identificaron aquellas que presentaban únicamente un espécimen. Estas especies incluyen: *Auchenionchus variolosus*, *Bodianus diplotaenia*, *Bregmaceros bathymaster*, *Centropomus armatus*, *Chilara taylori*, *Coryphaena equiselis*, *Emblemaria hudsoni*, *Etropus crossotus*, *Euthynnus lineatus*, *Fistularia corneta*, *Fodiator rostratus*, *Haemulopsis nitidus*, *Hemicaranx leucurus*, *Medialuna ancietae*, *Micropogonias sp*, *Mugil curema*, *Myctophum sp*, *Nexilosus latifrons*, *Normanichthys crockeri*, *Opisthonema bulleri*, *Orthopristis chalceus*, *Pomadasys panamensis*, *Porichthys margaritatus*, *Prolatilus jugularis*, *Psenes sp*, *Sardinops sagax*, *Scomberomorus sierra*, *Seriola peruana*, *Synodus scituliceps*, *Trachipterus jacksonensis* y *Umbrina sp*. Debido a que cada una de estas especies contaba con solo una secuencia de ADN, no fue posible llevar a cabo una comparación genética significativa entre individuos. Las secuencias y los tejidos continúan en almacenamiento para análisis posteriores.

Así mismo, se identificaron quince agrupaciones con dos individuos cada una. Estos clados estuvieron compuestos por *Pontinus furcirhinus*, *Baldwinella eos*, *Pinguipes chilensis*, *Epinephelus labriformes*, *Brotula clarkae*, *Fodiator acutus*, *Hirundichthys marginatus*, *Cilus gilberti*, *Coryphaena hippurus*, *Paralichthys adpersus*, *Benthoosema panamense*, *Lampadema speculigera*, *Hypsoblennius sp*, *Leptonotus blainvilleanus* y *Ophichthus remiger*. Al realizar la comparación genética se encontró que la distancia intraespecífica varió entre 0,0 y 17,24% (tabla 5).

Es importante señalar que la distancia intraespecífica refleja las relaciones o variaciones dentro de una misma especie, por tanto, para que una identificación basada en códigos de barras de ADN sea precisa, es fundamental que la distancia genética intraespecífica se mantenga por debajo del 4%, de acuerdo con las investigaciones de Hebert et al. (2003b) y Hebert et al. (2004).

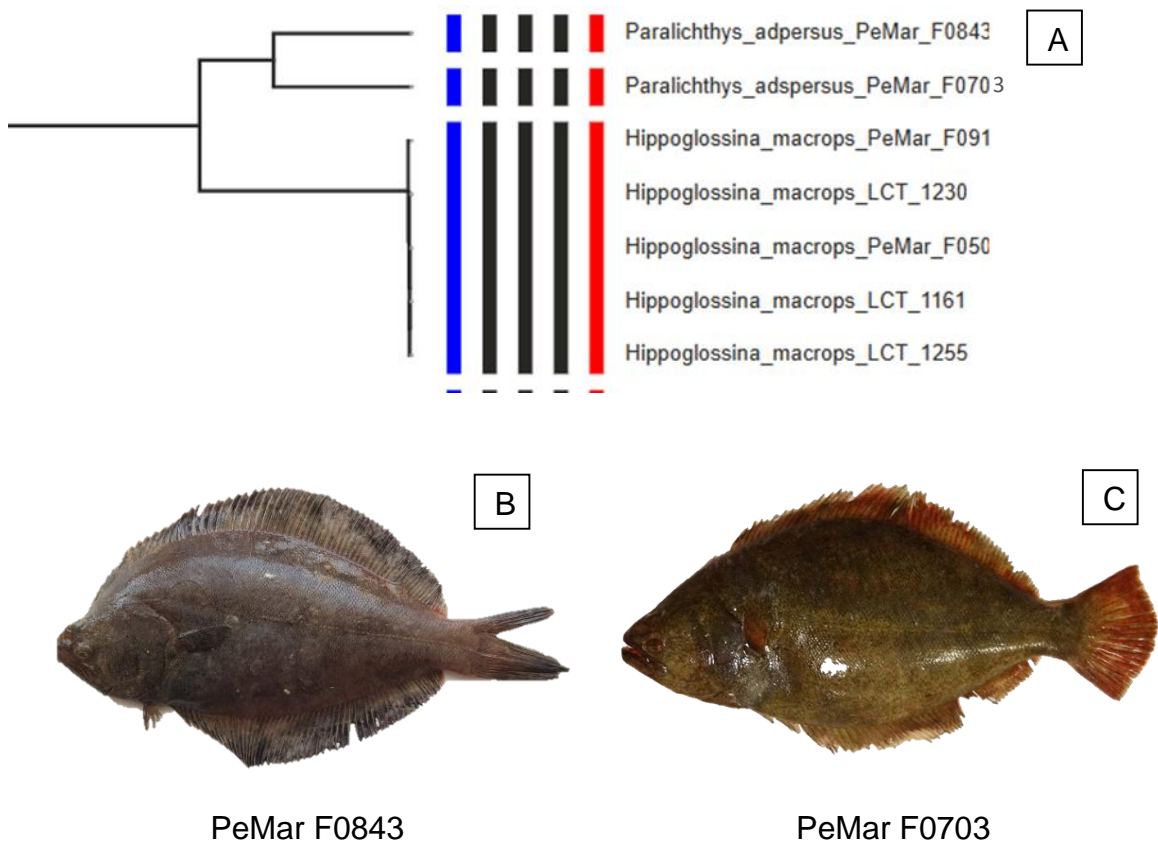
Tabla 5. Distancia intraespecífica del grupo de peces en los que se evaluó dos especímenes.

N°	Especie	Distancia intraespecífica (%)
1	<i>Ophichthus remiger</i>	0,000
2	<i>Pinguipes chilensis</i>	0,000
3	<i>Coryphaena hippurus</i>	0,202
4	<i>Epinephelus labriformis</i>	0,202
5	<i>Hirundichthys marginatus</i>	0,202
6	<i>Hypsoblennius sp</i>	0.202
7	<i>Pontinus furcirhinus</i>	0.202
8	<i>Baldwinella eos</i>	0.405
9	<i>Benthoosema panamense</i>	0.405
10	<i>Brotula clarkae</i>	0.405
11	<i>Fodiator acutus</i>	0.405
12	<i>Cilus gilberti</i>	0.406
13	<i>Leptonotus blainvilleanus</i>	0.406
14	<i>Lampadena speculigera</i>	0.610
15	<i>Paralichthys adspersus</i>	17.240

En el caso específico de *Paralichthys adspersus*, se presentó una distancia intraespecífica notablemente elevada del 17,24%. Aunque se ha clasificado a ambos individuos como pertenecientes a la misma especie, un análisis del cladograma y de todos los métodos de soporte moleculares utilizados (GYMC, PTP y bPTP) contradicen esta identificación morfológica (figura 9).

De este modo, se puede inferir que los individuos han sido catalogados erróneamente como pertenecientes a la misma especie. La distancia genética del 17,24% es comparable a los valores que se esperarían entre diferentes familias, según lo indican las investigaciones de Ward et al. (2005), quienes reportaron un valor del 15,46% entre individuos de la misma familia. Pereira et al. (2011) señalaron una distancia de 19,49%, mientras que Ribeiro et al. (2012) encontraron

una de 19,00%. Con base en dichos valores en comparación con el encontrado en esta tesis, se pudo confirmar que ocurrió un error de identificación taxonómica a nivel morfológico, por lo que al hacer un análisis BLAST para ambas secuencias, se encontró que la secuencia Pe Mar F0703 correspondió a *P. adpersus* con un 100% de similitud, mientras que la secuencia Pe Mar F0843 mostró una similitud del 98,92% con *P. adpersus*. Estos hallazgos, junto con los algoritmos de delimitación de especies, sugieren que la secuencia Pe Mar F0843 posiblemente representa una nueva especie. De esta manera, se confirma que el código de barras de ADN desempeña un papel esencial en la identificación precisa de las especies. Por tanto, podría ser necesario revisar y ajustar la clave de identificación de peces para garantizar la precisión en la asignación de los individuos.



*Morfoespecies de *Paralichthys adpersus*.

Figura 9. A) Árbol de inferencia bayesiana con el agrupamiento de MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies para *Paralichthys adpersus* B) y C) fotografías de los morfotipos PeMar F0843 y PeMar F0703

Al analizar los datos en su totalidad, se logró identificar a nivel morfológico algunos individuos hasta el nivel de género, como es el caso de siete agrupaciones taxonómicas: *Psenes sp*, *Micropogonias sp*, *Myctophum sp*, *Umbrina sp*, *Seriola sp*, *Hypsoblennius sp* y *Stellifer sp*. (tabla 6).

Tabla 6. Grupo de individuos identificados hasta el nivel de género

Especie	Distancia intraespecífica (%)
<i>Seriola sp</i>	0,081
<i>Hypsoblennius sp</i>	0,202
<i>Stellifer sp</i>	4,867
<i>Psenes sp</i>	NA
<i>Micropogonias sp</i>	NA
<i>Myctophum sp</i>	NA
<i>Umbrina sp</i>	NA

Tres de estos grupos presentan más de dos individuos, lo que permitió calcular su distancia intraespecífica, mientras que los restantes apenas contaron con un solo individuo, haciendo inviable la obtención de dicho valor. La distancia intraespecífica en este conjunto varió entre 0,08 y 4,87%.

Para los individuos restantes se encontró concordancia entre la taxonomía clásica y los métodos de delimitación de especies. Sin embargo, se encontraron 14 casos donde los métodos de delimitación de especies, o bien dividieron las morfoespecies en diferentes especies (*Halichoeres dispilus*, *Haemulopsis axillaris*, *Mugil cephalus*, *Mugil curema*, *Selene peruviana*, *Myctophum aurolaternatum*) (figura 10) o bien las agrupaban como una sola (*Scomberesox saurus* con *S. scombroides*); *Micropogonias altipinnis* con *Micropogonias sp*, *Seriola peruana* con *Seriola sp* y *Centropomus armatus* con *C. robalito*) como se aprecia en la figura 11, los peces identificados morfológicamente como especies diferentes, se agruparon en el clado del mismo género, formando un MOTU en cada caso. Esto significa que los ejemplares tuvieron una alta similitud genética y que probablemente fueron de la misma especie. Para confirmar o descartar este resultado se necesitaría más

información derivada de estudios morfológicos, moleculares y ecológicos adicionales.

Esta discrepancia entre la clasificación nominal y los métodos de delimitación de especies sugiere que estos métodos detectaron diferencias en los individuos que podrían indicar que fueron en realidad más diferentes de lo que originalmente se pensaba y deberían priorizarse para un estudio más detallado, y registrar con detalle las características ecológicas que pudieran estar dando paso a una especiación, por ejemplo, en el género *Haemulopsis*.

El árbol derivado de la inferencia bayesiana se empleó como base para llevar a cabo los diversos análisis de delimitación, representa gráficamente las relaciones evolutivas entre las especies, basándose en la probabilidad de que compartan un ancestro común (Maddison, 1997). Cada unidad de taxonomía operativa molecular (MOTU, por sus siglas en inglés) resultantes se evaluó de manera independiente.

Se identificaron seis posibles nuevas especies de *Psenes* sp LCT_1199, *Umbrina* sp_ Pe Mar _ F0460, *Stellifer* sp1 Pe Mar _ F0566, F0567 y *Stellifer* sp2 Pe Mar F0601, *Myctophum* sp Pe Mar F0149 y *P. adspersus* Pe Mar F0843, mediante el análisis taxonómico y molecular. El árbol filogenético basado en el método de unión de vecinos (Neighbor joining - NJ) reveló diferencias genéticas superficiales dentro de las especies y profundas entre las especies. Según Ratnasingham & Hebert (2013), el método BIN del BOLD utiliza un umbral de 2,2% de distancia genética para agrupar las secuencias en hipótesis de especie preliminares; sin embargo, este umbral no es aplicable a todas las especies y debe ser evaluado críticamente.

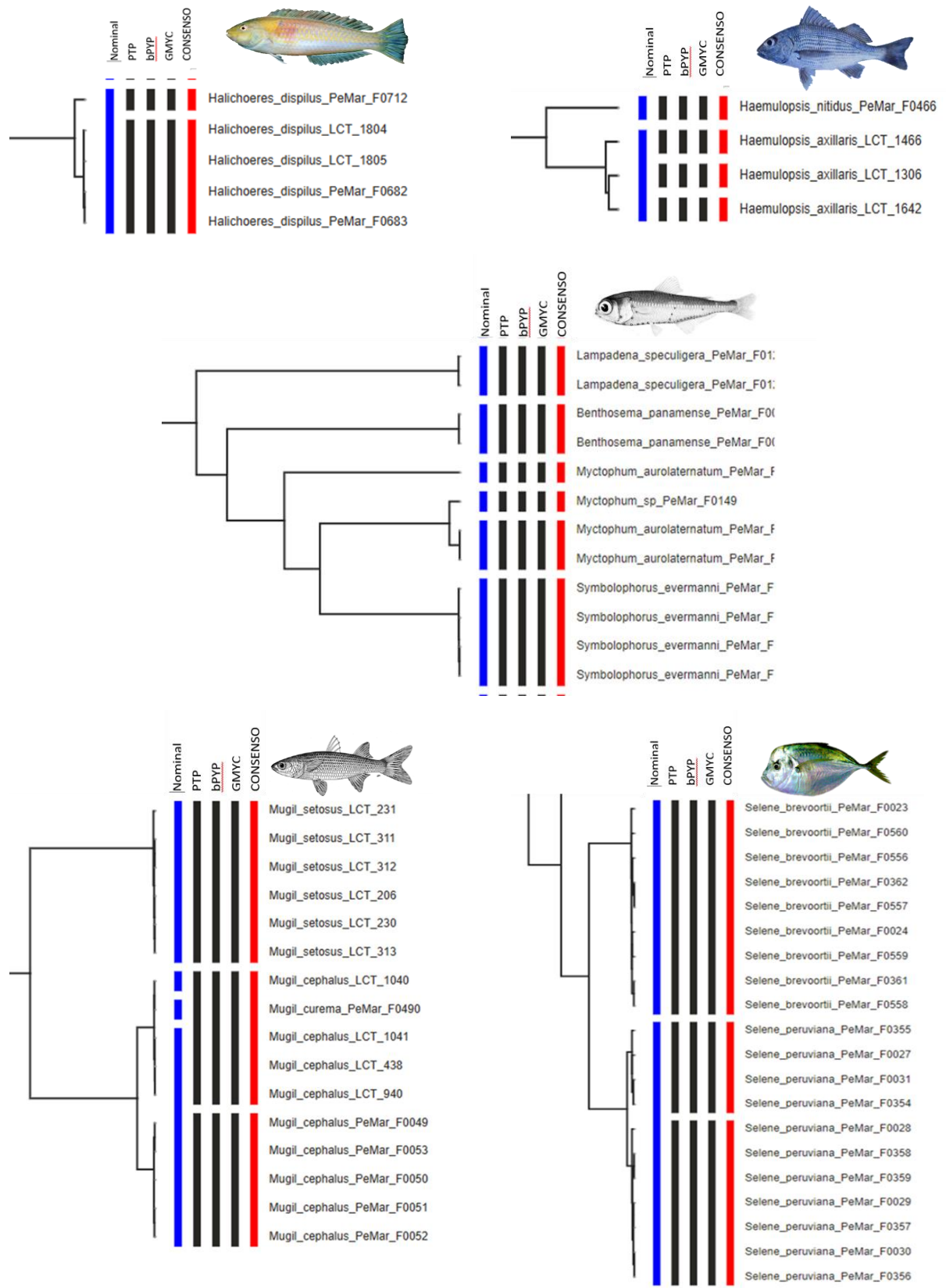


Figura 10. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la división de *Halichoeres*, *Haemulopsis*, *Myctophum*, *Mugil* y *Selene*.

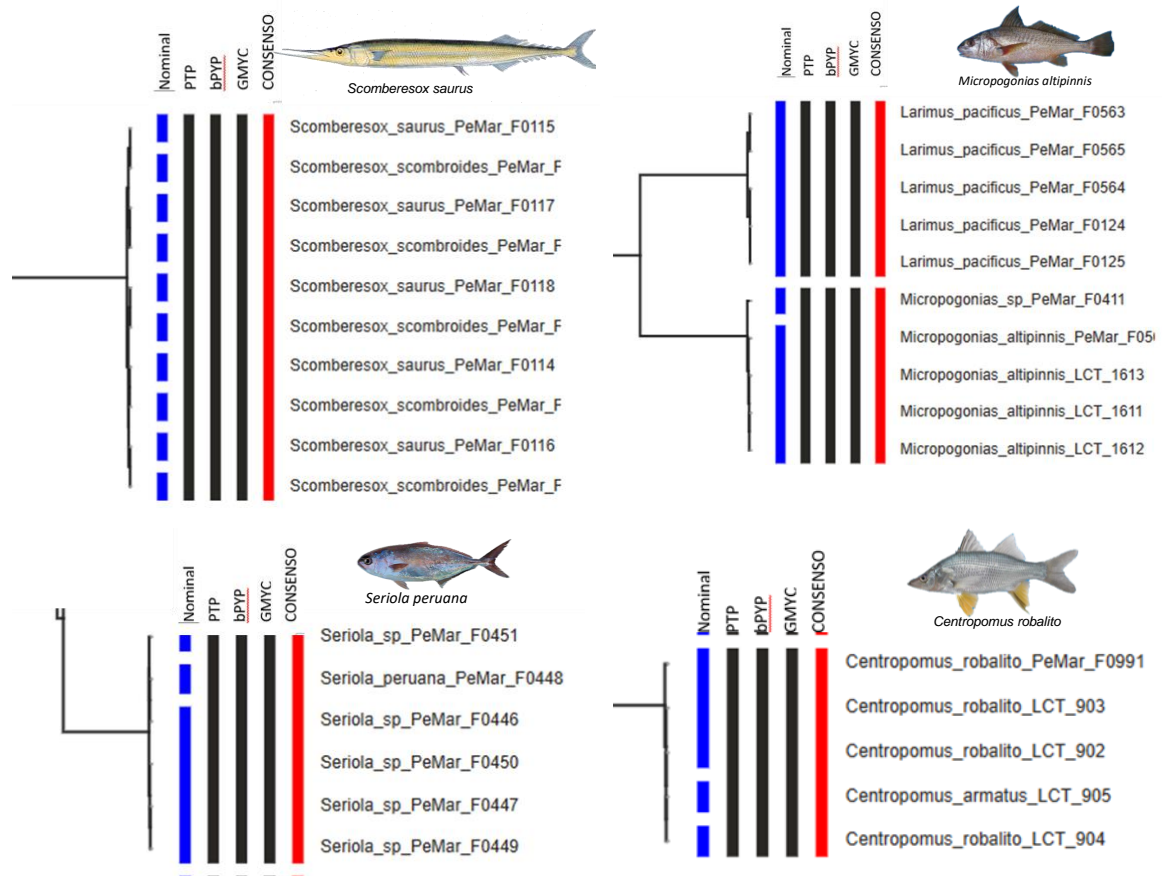


Figura 11. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la agrupación de *Scomberesox*, *Micropogonias*, *Seriola* y *Centropomus*.

Los análisis genéticos realizados a cinco individuos del clado de *Abudefduf troschelii*, pez marino conocido comúnmente como castañeta manchada, revelaron una alta homogeneidad genética intraespecífica y permitieron asignarlos a un solo MOTU mediante los métodos de delimitación de especies. Este pez se distribuye a lo largo de las costas rocosas del Pacífico oriental, desde el sur de California hasta el centro de Perú, y ocasionalmente se encuentra en zonas más al sur, como Pucusana (Chirichigno & Cornejo, 2001). Los resultados genéticos obtenidos en este estudio apoyan las clasificaciones taxonómicas tradicionales. Sin embargo, cabe señalar que el tamaño de la muestra podría ser insuficiente para representar la diversidad genética de esta especie, debido a su amplia distribución geográfica.

El clado de *Odontesthes regia*, conocido como pejerrey, se caracterizó por una baja variabilidad genética a nivel intraespecífico. Los métodos de delimitación de especies identificaron un único MOTU, revelando una cohesión monofilética en la que la distancia intraespecífica fue de 0,83%. En una investigación previa realizada por Gonzales-Castro et al (2019), se encontraron distancias intraespecíficas oscilando entre 0,1 y 0,65% en especies del género *Odontesthes* del Océano Atlántico Suroeste (SWAO), cifra inferior a los resultados encontrados en esta tesis en la que se ha registrado que la diversidad haplotípica alcanzó un valor de 1, en consonancia con Deville (2016), quien informó valores de 0,985, y con Gonzáles-Castro et al. (2019), cuyos valores oscilaron entre 0,2 y 0,83. Estos resultados sugieren una alta diversidad genética en el género *Odontesthes*, una característica que podría estar relacionada con su notable adaptabilidad a diversos entornos (Bernatchez, 2016). *Odontesthes regia* tiende a habitar zonas arenosas cerca de la costa, en estuarios, playas y fondos fangosos. Su distribución abarca desde la costa norte del Pacífico peruano hasta la región de Aysén, en el sur de Chile (Crichingno et al., 2014); durante los episodios de El Niño, desaparece de las costas peruanas. Dada su importancia comercial en el Perú, con desembarques relativamente estables, se ha establecido una talla mínima de captura de 16 cm según el RM N°209-2001-PE del 2021. A pesar de la relevancia económica de las especies de *Odontesthes* en el ámbito marino, los estudios de taxonomía molecular en este grupo han sido limitados.

Se analizaron 7 individuos de *Merluccius gayi peruanus*, merluza perteneciente a la Familia Merlucciidae. Todos los especímenes recolectados conformaron un único clado con una sólida robustez del 98% en el análisis de *bootstrap*. La distancia genética intraespecífica se calculó en un 0,005%, cifra que coincide con los resultados obtenidos en estudios previos, como el de Ordinola (2020) que encontró un valor de 0,001 en especímenes de merluza vinculados al ambiente del manglar. *M. gayi* se encuentra principalmente en la zona norte del Perú, desde Tumbes y Paita hasta Huarmey en dirección sur. Su distribución geográfica está influida por las variaciones climáticas. La especie desempeña un papel crucial en la comunidad de peces bentónicos demersales de la costa peruana debido a su alta abundancia y biomasa. Este pez depredador, que se alimenta de eufásidos y peces demersales, ostenta una relevancia ecológica destacada. Su importancia económica es

innegable, ya que sus masivas concentraciones de biomasa han permitido su explotación en las pesquerías peruanas durante varias décadas (Goicochea & Leonart, 2008; Orrego & Mendo, 2012).

Nexilosus latifrons, conocido como damisela, pertenece a la familia Pomacentridae, es un pez característico de las costas rocosas. Su distribución abarca el Pacífico sureste de Perú y el norte de Chile, incluyendo las Islas Galápagos. En este estudio, se logró capturar un solo individuo en la playa El Dorado en Chimbote, Ancash. La limitación de tener solo un ejemplar imposibilitó el cálculo de las distancias genéticas entre individuos. *N. latifrons* es la única especie en su género, siendo clasificada en la familia Pomacentridae (Worms, 2022). Su relevancia ecológica es sustancial debido a su capacidad de alimentarse de algas, un comportamiento que contribuye al reclutamiento coralino. Esta función es vital para el desarrollo de corales y otros componentes del hábitat, y mantiene funciones ecológicas cruciales, como la estructura física tridimensional, la provisión de alimento y el reciclaje de nutrientes (Brandl et al., 2019; Cole et al., 2008). Su papel ecológico demuestra la importancia de especies aparentemente pequeñas en la salud y dinámica de los ecosistemas marinos.

Leuroglossus stilbius, conocido como esperlan plateado, es un pez epipelágico a mesopelágico que habita en aguas profundas y sirve de alimento a diversos depredadores marinos. Se analizaron 4 ejemplares de esta especie, que formaron un clado monofilético con baja variación genética. Los métodos de delimitación de especies confirmaron un solo MOTU, coincidiendo con la identificación morfológica.

Se analizaron 7 ejemplares de *Acanthistius pictus*, una especie de pez conocida como cherlo o chomelo, que se encuentra en arrecifes rocosos someros del Pacífico Oriental, desde el sur de Ecuador hasta el centro de Chile (<https://fishbase.mnhn.fr/summary/Acanthistius-pictus.html>). Usando el gen COI como marcador molecular, se estimó una distancia genética intraespecífica de 0,096%, lo que indica una baja variación genética entre los individuos. Los ejemplares formaron un clado monofilético con alto soporte de *bootstrap*, lo que confirma la identificación morfológica y molecular de la especie.

El género *Selene* pertenece a la familia Carangidae, que incluye a los jureles, las palometas y los pámpanos; estos peces se caracterizan por tener cuerpos comprimidos lateralmente, aletas dorsales divididas y una línea lateral prominente y se distribuyen en las regiones tropicales y subtropicales de los océanos Atlántico, Pacífico e Índico (Froese & Pauly, 2023). En este caso se observó la diferenciación de dos especies *Selene brevoortii* y *Selene peruviana*, cada una agrupada en clados robustamente respaldados por altos índices de *bootstrap* (figura 12). Sin embargo, en el caso de *S. peruviana*, los métodos de soporte indican una identificación distinta a la establecida morfológicamente. Por ende, será necesario reevaluar la clave de identificación y llevar a cabo análisis moleculares adicionales para esclarecer este desacuerdo.

La diversificación genética de los peces *nb* se ha estudiado mediante el análisis de marcadores moleculares, como el ADN mitocondrial y los microsatélites nucleares (Sánchez- Gonzales & Orrico, 2019). Además, se han identificado varias especies crípticas dentro del género, es decir, especies que son morfológicamente similares, pero genéticamente distintas. Estos hallazgos tienen implicaciones para la conservación y el manejo de los recursos pesqueros de los peces afectando a la diversidad, la productividad y la resiliencia de los ecosistemas marinos.

Halichoeres dispilus (doncella, señorita, san Pedrano) es uno de los lábridos más comunes en el Pacífico Oriental Tropical, *H. dispilus* tiene un cuerpo relativamente delgado y son los únicos de este género que viven en la columna de agua y se alimentan principalmente de plancton (Allen & Robertson, 1994). En el clado se puede observar que el individuo PeMar F0712, que fue colectado en Ancash, región Casma, sector Tortugas, presentó una distancia genética de 1,4% (figura 13 y 14), un valor bastante alto si se compara con lo reportado por Weaver & Rocha (2007), quienes trabajando con el gen citocromo oxidasa b encontraron distancias genéticas de 0,1%. Esta secuencia deberá ser re-analizada para descartar posibles errores de edición; adicionalmente se sugiere coleccionar un mayor número de individuos y realizar análisis más detallados de morfología, morfometría, genética entre otros, considerando que el género *Halichoeres* parece estar compuesto por al menos trece linajes (Wainwright et al., 2018).

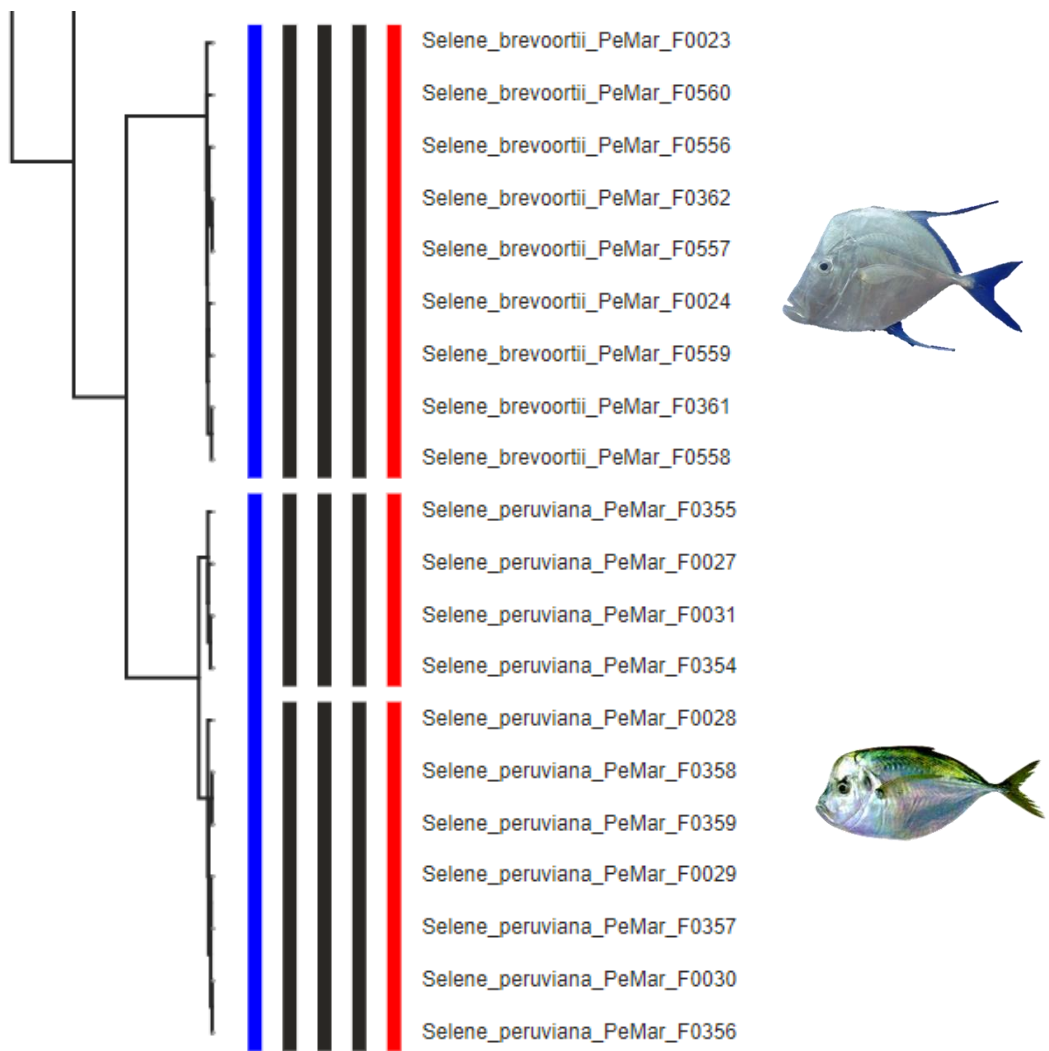
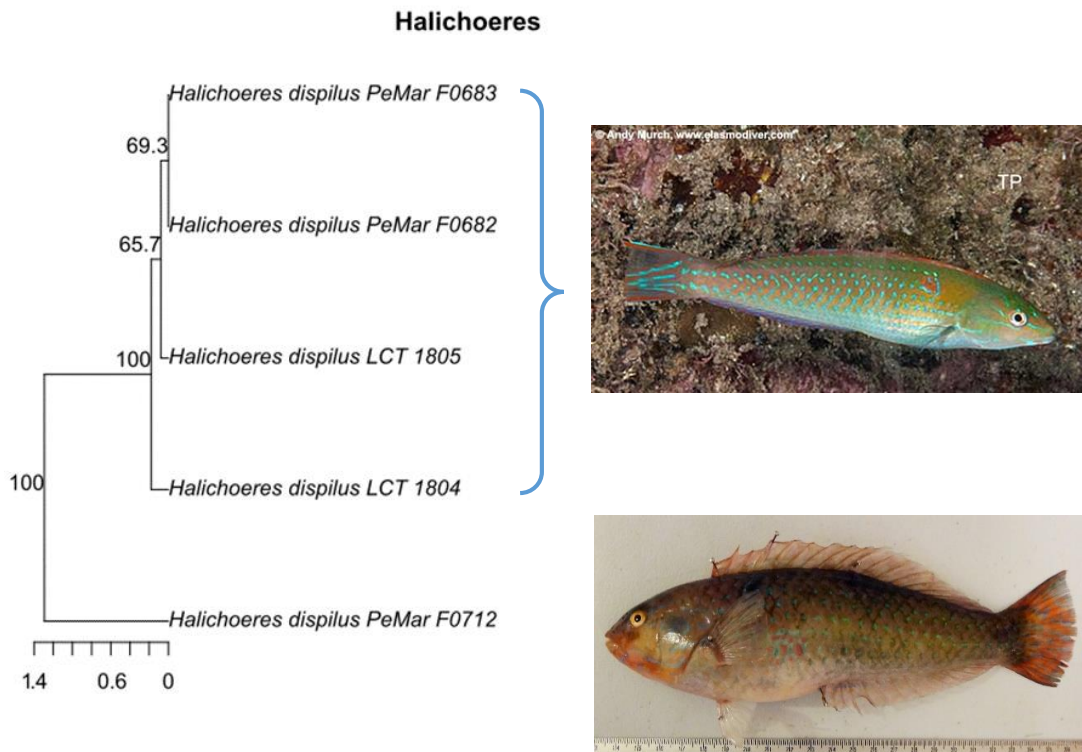


Figura 12. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la división del género *Selene*.



*La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentajes.

Figura 13. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Halichoeres*. Los valores de *bootstrap* se indican, si son mayores del 50%.

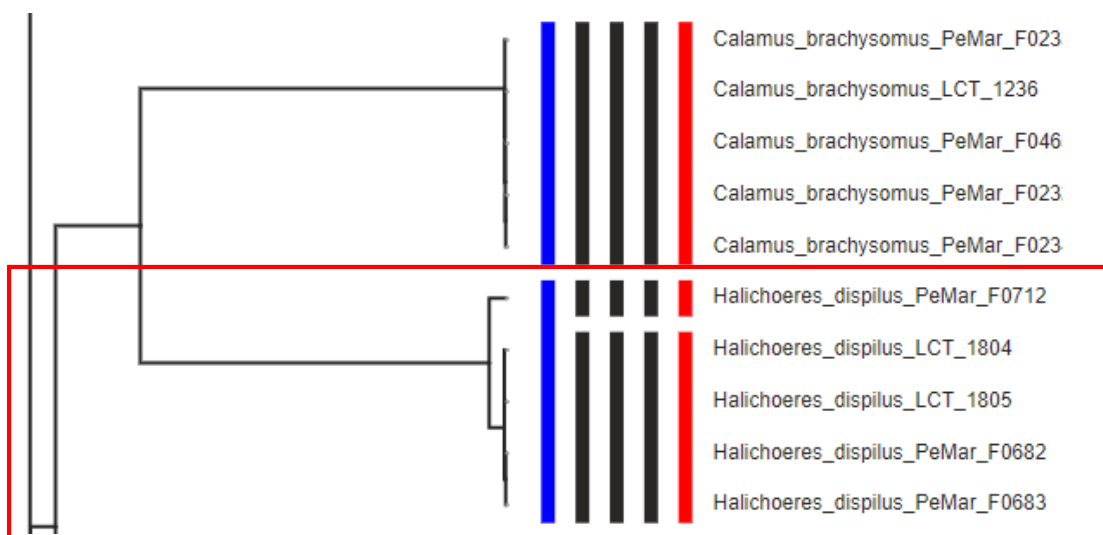


Figura 14. Árbol de Inferencia Bayesiana, se muestra el agrupamiento de MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies (*Halichoeres*).

Las especies *Haemulopsis* sp., *Scomberesox* sp., *Umbrina* sp., *Micropogonias* sp., *Stellifer* sp., *Pseudupeneus* sp., *Mugil* sp., *Selene* sp., *Seriola* sp., *Centropomus* sp., *Polydactylus* sp., *Myctophum* sp. y *Psenes* sp., formaron clados que presentaron los mayores conflictos.

Se colectaron cuatro ejemplares de *Haemulopsis*, tres de *H. axillaris* y uno de *H. nitidus*, en las localidades de Tumbes (La Cruz) y Piura (La Islilla). Se realizó un análisis filogenético mediante neighbor joining y se aplicaron tres métodos de delimitación de especies: PTP, bPTP y GMYC. Los resultados mostraron que los ejemplares de *H. axillaris* y *H. nitidus* forman dos clados bien diferenciados, con una distancia genética promedio de 1,4%, lo que apoya la validez de ambas especies. Sin embargo, dentro del clado de *H. axillaris* se observó una discrepancia entre la identificación morfológica y la molecular. Dos ejemplares (LCT1642 y LCT1306) fueron asignados a la misma especie por los tres métodos de delimitación, mientras que el tercer ejemplar (LCT1466) fue asignado a una especie diferente por los mismos métodos. Esta divergencia también se reflejó en el árbol filogenético, donde LCT1466 se separó del resto de *H. axillaris* (figura 15 y 16).

Estos hallazgos sugieren que podría existir una variación intraespecífica o una especiación incipiente dentro de *H. axillaris*, o bien un error de secuenciamiento o identificación del ejemplar LCT1466. Se recomienda realizar más análisis con un mayor número de muestras y marcadores moleculares para resolver esta incertidumbre y determinar el grado de diversidad genética y taxonómica de *Haemulopsis*.

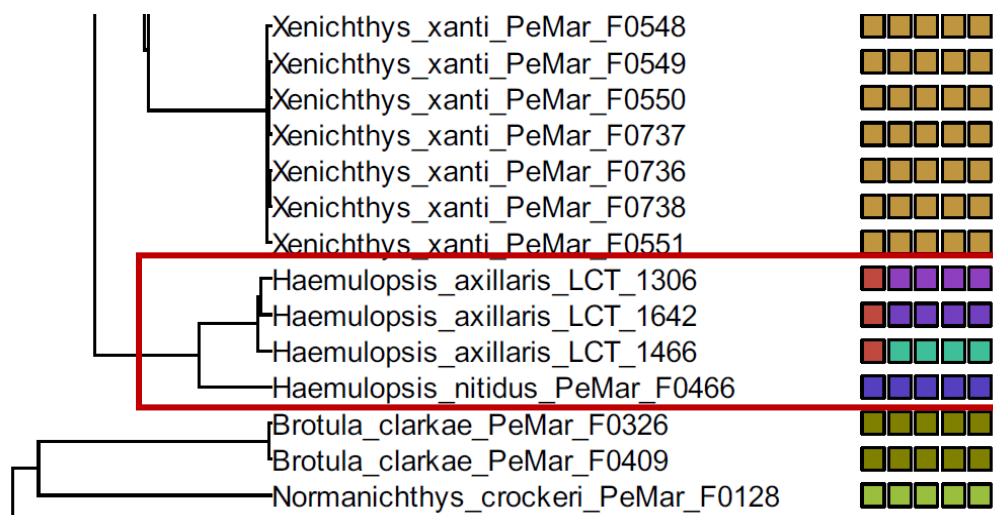


Figura 15. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la división de *Haemulopsis*.

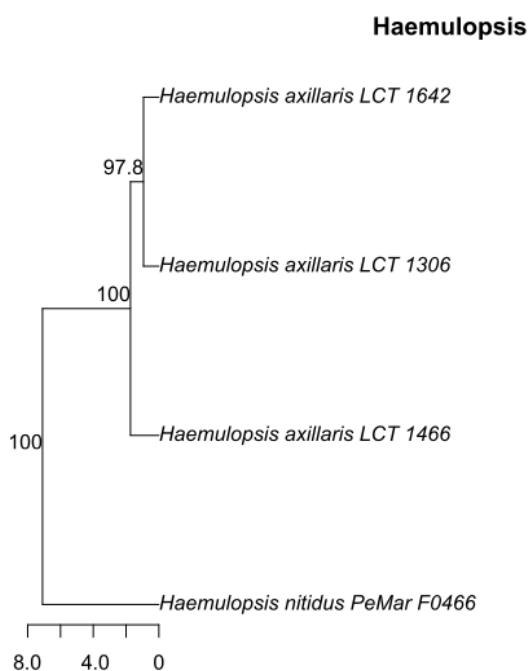


Figura 16. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Haemulopsis*. Los valores de *bootstrap* se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

Scomberesox son peces del orden Beloniformes que se caracterizan por su alta capacidad de migración, su vida epipelágica y su comportamiento gregario. Habitan en las aguas templadas de los océanos Atlántico, Indico y Pacífico, especialmente en el hemisferio sur, cerca del Ecuador y a lo largo de la costa sudamericana (Lovejoy et al., 2004). Su carne es muy valorada por su sabor y calidad. Por taxonomía clásica, se han reconocido dos especies dentro de este género: *S. saurus* y *S. scombroides*. Sin embargo, los análisis de bioinformática realizados sobre los ejemplares estudiados (figura 17 y 18) muestran que todos ellos pertenecen a una única especie. Esto podría deberse a un error en la clasificación taxonómica previa, o a que el marcador genético utilizado no es suficiente para diferenciar a las especies, lo que podría indicar un proceso de especiación incipiente. Se recomienda revisar los ejemplares colectados con más detalle para llegar a una conclusión más precisa.

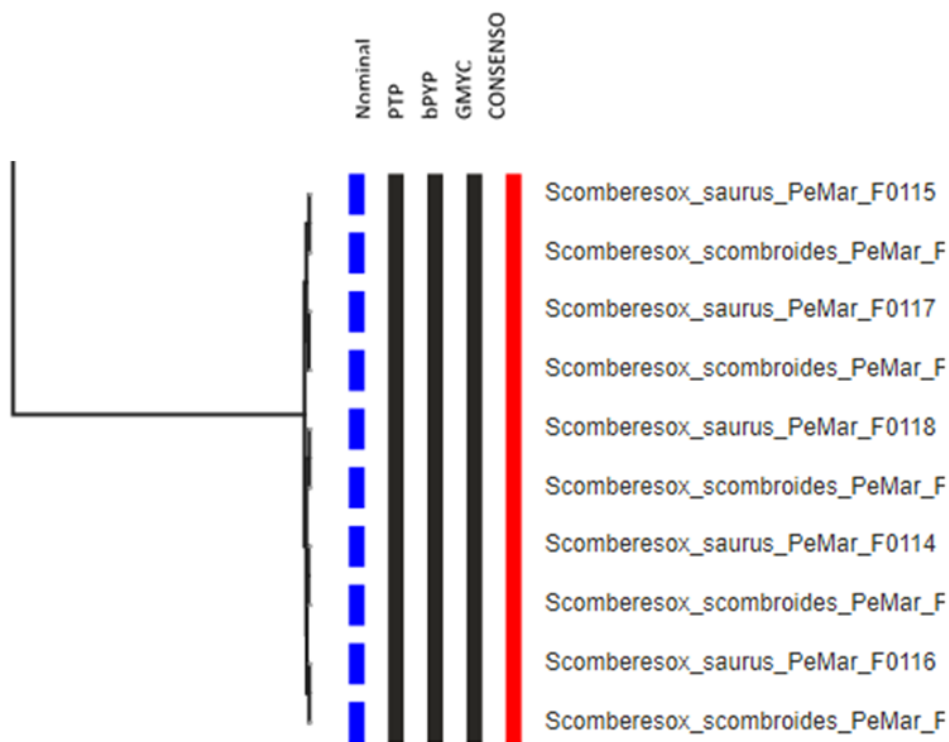


Figura 17. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la división de *Scomberesox*.

Scomberesox

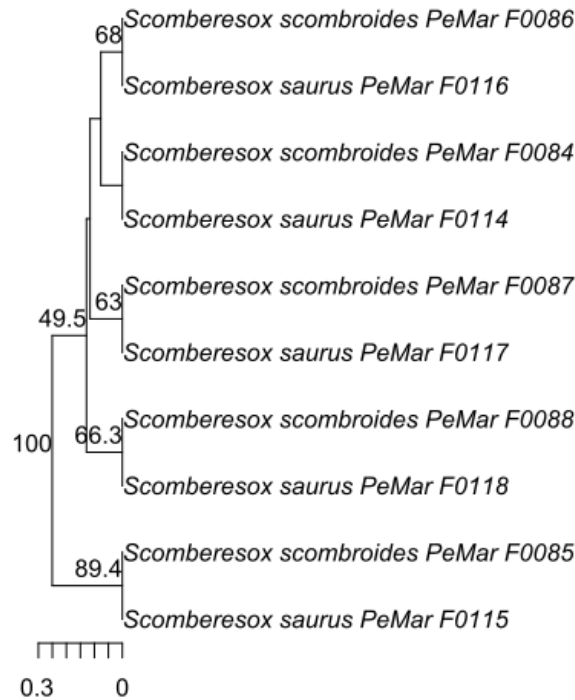


Figura 18. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Scomberesox*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

Umbrina es un pez demersal que habita en fondos arenosos desde el Golfo de California hasta Perú, perteneciente al orden Perciformes y con preferencia por climas tropicales y templado cálidos (Froese & Pauly, 2023). Se analizaron seis ejemplares del género *Umbrina*, encontrando dos grupos bien diferenciados con un alto índice de *bootstrap* (100%). El grupo mayor está formado por individuos de la especie *U. xanti*, que mostraron poca variación genética entre ellos. El otro grupo lo constituye el individuo Pemar F0460, que se separó del resto con una distancia genética del 8% respecto a *U. xanti*. Este valor es elevado para considerarlo a nivel de especie, por lo que se realizaron análisis adicionales. Con la herramienta Identification System del BOLD, usando la base de datos pública para secuencias animales como referencia, se determinó que la especie más cercana a Pemar F0460 es *U. roncador*, con una similaridad en la secuencia del 87,95%. Asimismo,

el análisis morfológico lo situó dentro del género *Umbrina*, pero sin definir la especie. Estos resultados sugieren que Pemar F0460 podría ser una nueva especie (figura 19 y 20).

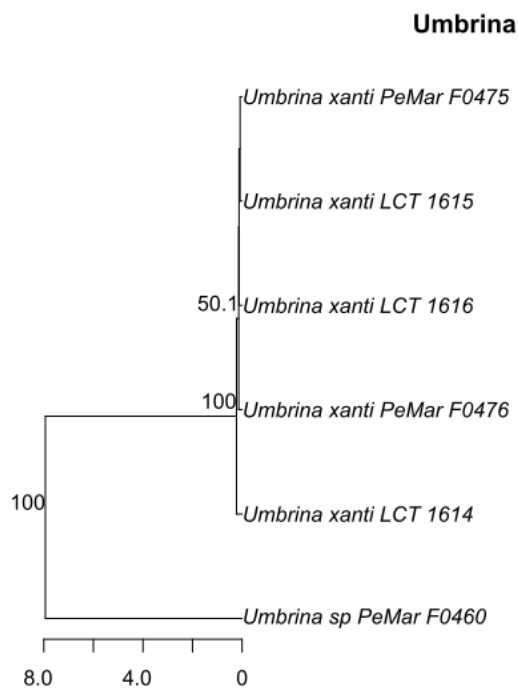


Figura 19. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Umbrina*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética en porcentaje.

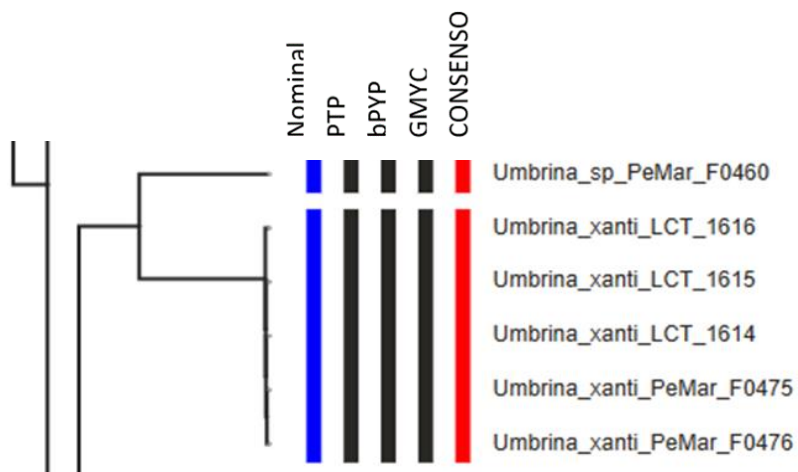


Figura 20. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la división de *Umbrina* sp.

Micropogonias, perteneciente al orden Perciformes, exhibe un caso similar al de *Halichoeres axillares* en las muestras que corresponden a *Micropogonias altipinnis*. Esto se confirmó por la baja distancia genética entre los individuos. Sin embargo, la distancia entre *Micropogonias* sp. y *M. altipinnis* es del 3,0% (figura 21). Este valor excede la media informada por Ward et al. en 2005 y por Ribeiro et al. en 2012, al compararlo con las distancias dentro de las especies. A pesar de esto, sigue estando dentro del límite superior del rango de distancia intraespecífica.

Es importante destacar que *M. altipinnis* es la única especie de *Micropogonias* reportada para el Perú según Chirichigno y Cornejo en 2001. En contraste, las otras dos especies del Pacífico Sudeste presentan un amplio rango de distribución. En los análisis de GMYC, PTP y bPTP, todos los individuos se agrupan en un clado único, a excepción de la especie nominal, debido a las diferentes designaciones taxonómicas. Con base en esto, se puede inferir que se trata de individuos de la misma especie con diferencias genéticas significativas, por lo que se debería diseñar nuevas claves de identificación taxonómica para confirmar morfológicamente la especie.

En el caso de *Stellifer* sp., es importante considerar que la muestra PeMar_F601, que pertenece al mismo clado que *Stellifer* sp., podría representar una especie distinta a las dos muestras identificadas previamente como especies hermanas, PeMar_F0566 y PeMar_F0567. Esto se debe a que los análisis genéticos no respaldan la consistencia del MOTU en el caso de PeMar_F601, como se evidencia en la cladograma (figura 22).

Por tanto, se hace necesario llevar a cabo una revisión exhaustiva y realizar un nuevo análisis de identificación para los individuos de esta especie. Sin embargo, es importante señalar que las claves taxonómicas disponibles para el género *Stellifer* presentan un alto grado de superposición en los caracteres morfológicos, lo que dificulta la correcta identificación y separación de especies basándose únicamente en datos morfológicos. Una vez más, esta herramienta genética demuestra su utilidad en la identificación de especies en situaciones en las que no es posible lograrlo mediante datos morfológicos.

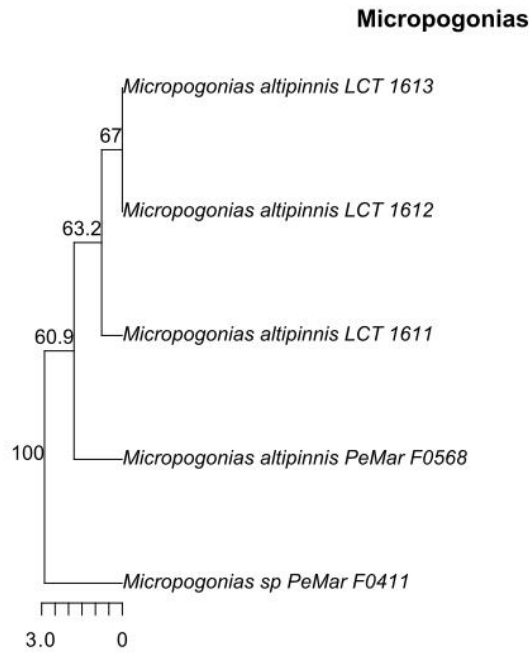


Figura 21. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Micropogonias*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

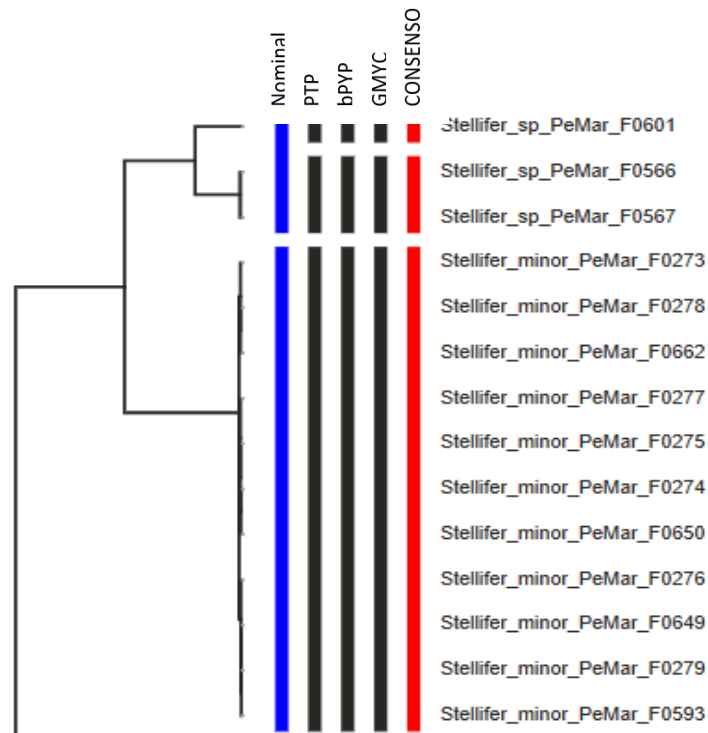


Figura 22. Árbol de interferencia bayesiana con MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies, en donde se aprecia la división de *Stellifer*.

Pseudupeneus es un género de peces marinos de la familia Mullidae, que se caracterizan por tener barbos hoioides y habitar en aguas tropicales y templadas de todos los océanos principales. Sin embargo, la taxonomía de este grupo es compleja y confusa, debido a la escasez de estudios moleculares que complementen los análisis morfológicos. Se analizaron 4 ejemplares de *Pseudupeneus*, denominándose taxonómicamente como *P. grandisquamis*, los análisis filogenéticos muestran dos clados bien sustentados por un alto índice de *bootstrap* (100%). El clado mayor incluye las especies del género *P. grandisquamis* (LCT 1387, LCT 1386, PeMar F0459) coincidiendo con la identificación nominal; el segundo clado incluye solo al individuo PeMar F0609, que se separa de los demás con una distancia genética de 15%, valor elevado para considerarse a nivel de especie, por lo que se realizaron análisis adicionales. Con la herramienta Identification del BOLD, usando la base de datos pública para secuencias animales como referencia, se determinó que la especie más cercana a Pemar F0609 fue *Polydactylus approximans*, con una similaridad en la secuencia del 99,69%.

Aunque inicialmente los 4 ejemplares fueron clasificados como *P. grandisquamis*, los análisis genéticos revelaron una separación significativa en la especie, indicando que el individuo PeMar F0609 es genéticamente diferente y está más cercanamente relacionado con *Polydactylus approximans* que con *P. grandisquamis* (figura 23). Este hallazgo resalta la importancia de combinar análisis morfológicos y moleculares para una identificación precisa y completa de las especies.

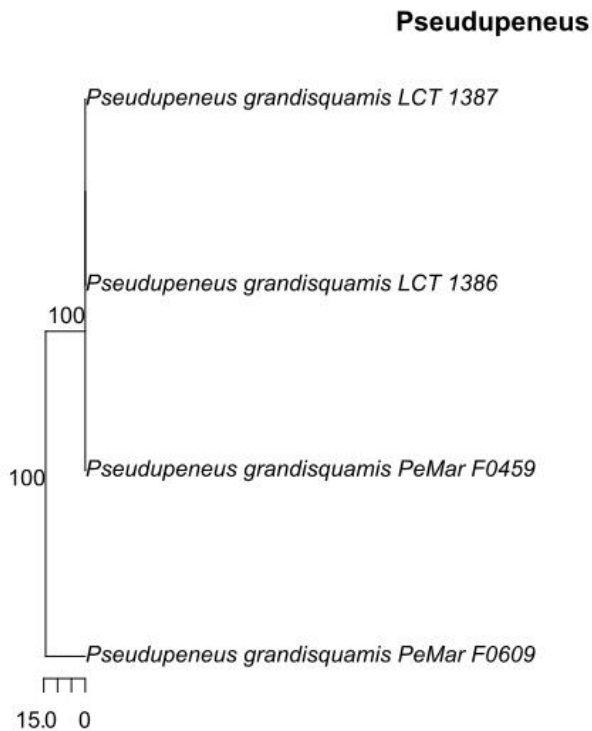


Figura 23. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Pseudupeneus*. Los valores de *bootstrap* se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

Según el análisis filogenético, *Mugil cephalus* se compone de dos clados bien sustentados por un alto valor de *bootstrap* (100%) (figura 24). El clado 1 (PeMar F0051, F0049, F0053, F0050; F0052) y el clado 2 (LCT 438, 1041, 940) se corresponden con las localidades de colecta en el Pacífico Sudeste, donde se ha reportado la presencia de dos especies simpátricas de *M. cephalus* (Harrison et al., 2007). Estos resultados confirman esta hipótesis y revelan que los mugilidos presentan una gran variabilidad y complejidad genética y morfológica, que dificulta su correcta delimitación y clasificación, y que permite la identificación de nuevas especies, como lo han demostrado varios estudios (Crosetti & Blaber, 2015; Neves et al., 2020; Siccha-Ramírez et al., 2014;).

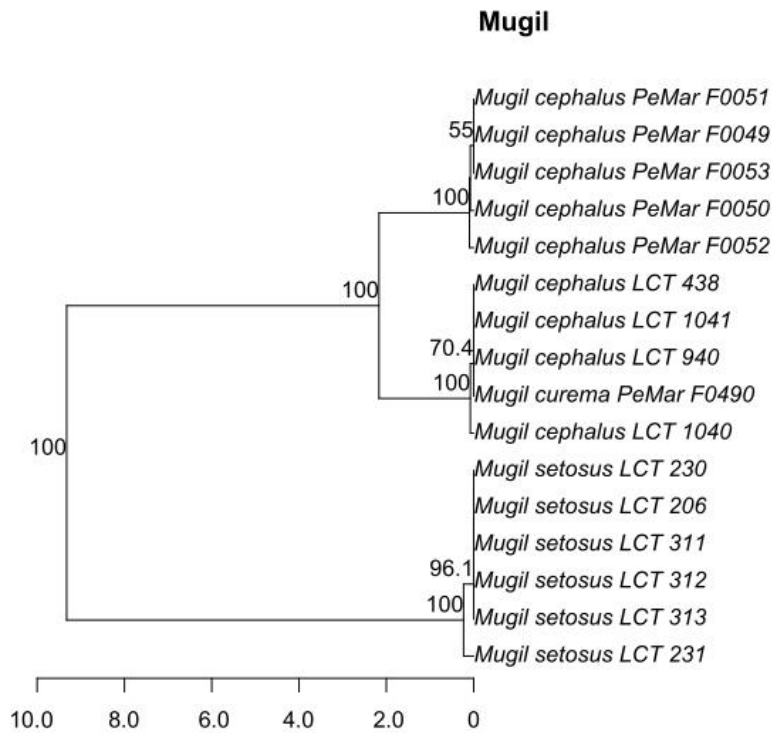


Figura 24. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Mugil*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

En el género *Selene* se han identificado dos especies distintas: *Selene brevorti* y *Selene peruviana*, que forman un clado propio con un alto grado de apoyo filogenético (100% de *bootstrap*) (figura 25). Los análisis genéticos confirman las diferencias morfológicas entre ambas especies, que muestran una distancia genética de 6%. Dentro de *Selene peruviana*, se han detectado dos clados genéticos mediante el método de delimitación de especies, que corresponden a PeMar F0354, PeMar F0031, PeMar F0355 y PeMar F0027. Estos resultados sugieren que el género *Selene* presenta una diversidad genética y morfológica mayor de la esperada.

Selene

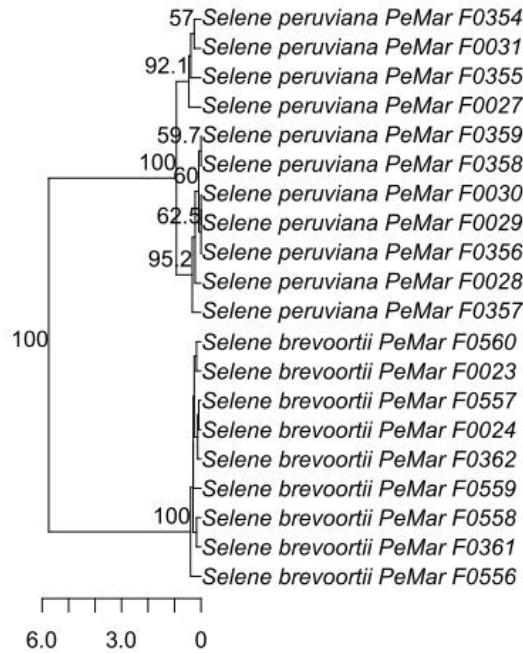


Figura 25. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Selene*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

En el género *Seriola* se identificaron dos especies distintas: *Seriola rivoliana* y *S. peruviana*, que forman clados propios con un alto grado de apoyo filogenético (100% de bootstrap) (figura 26). Los análisis genéticos confirman las diferencias morfológicas entre ambas especies, que muestran una distancia genética de 6%.

Seriola

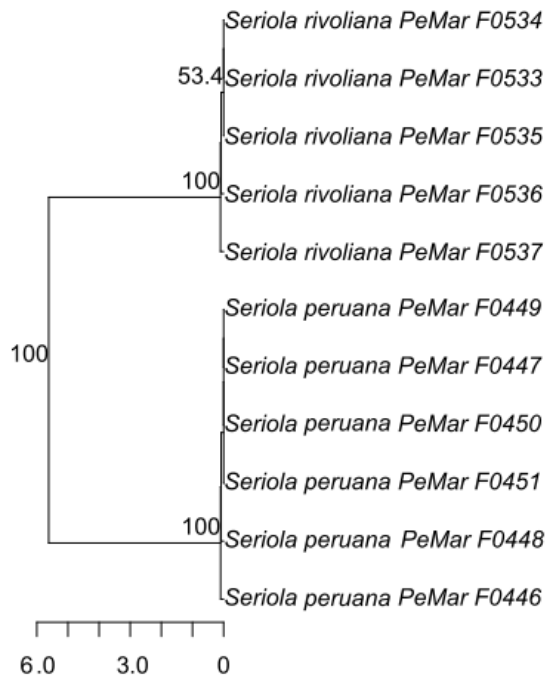


Figura 26. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Seriola*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

En el género *Centropomus* se identificaron por taxonomía dos especies distintas (figura 27) *C. robalito* y *C. armatus peruviana*, pero en los análisis genéticos se formó un solo clado con un alto grado de apoyo filogenético (100% de *bootstrap*) (figura 26). Los análisis genéticos confirman que estas dos especies, son una sola.

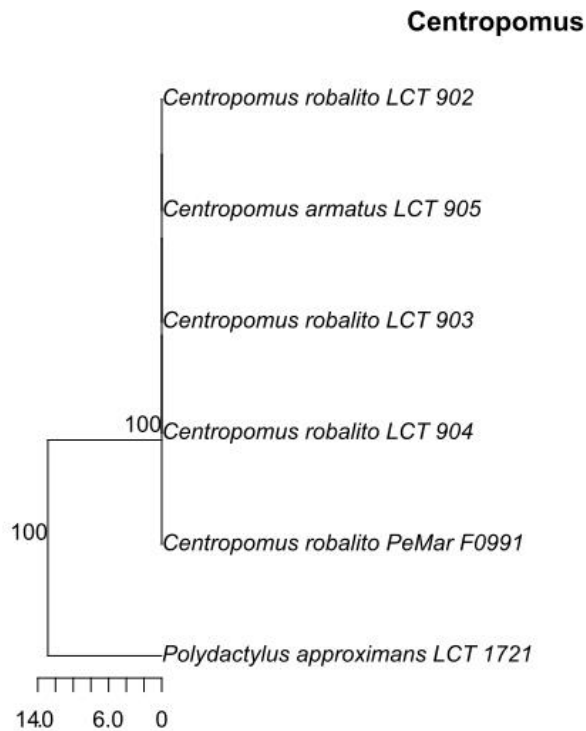


Figura 27. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Centropomus*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

En el análisis de *Polydactylus approximans*, se observa que ciertos individuos (LCT 1721 y 593) no se agruparon dentro del mismo clado, a pesar de exhibir una proximidad genética notablemente baja con el resto de la población, con una diferencia inferior al 0,1% (figura 28). Este fenómeno plantea interrogantes sobre la variabilidad en el tamaño de la secuencia genética analizada como posible explicación.

Es importante destacar que estas observaciones no son aisladas y están alineadas con tendencias emergentes en la investigación taxonómica. Un reciente estudio de Girard et al. (2022) ha propuesto la polifiletismo de al menos un género dentro de *Polydactylus*, sugiriendo la necesidad urgente de una revisión filogenética de la familia Polynemidae basada en secuencias de ADN. Esta propuesta resalta la complejidad evolutiva de estas especies y subraya la importancia de profundizar en los análisis genéticos para obtener una comprensión más precisa de sus relaciones filogenéticas.

Ante esto, se plantea la necesidad de llevar a cabo un estudio más exhaustivo que permita esclarecer las relaciones evolutivas de *Polydactylus approximans*. Este análisis debería abordar de manera integral la variabilidad genética, considerando posibles variaciones en el tamaño de las secuencias, así como otros factores que podrían contribuir a la divergencia genética observada. Un enfoque riguroso y detallado en este sentido no solo contribuirá a la comprensión de la evolución de esta especie en particular, sino que también aportará valiosos datos para la revisión filogenética de la familia Polynemidae en su conjunto.

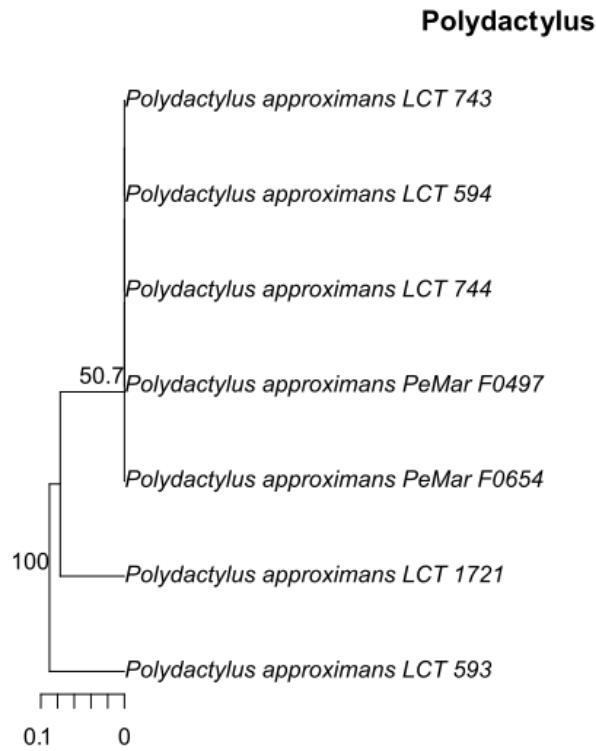


Figura 28. Árbol filogenético neighbor joining usando la distancia genética Kimura 2 parámetros de los especímenes del género *Polydactylus*. Los valores de bootstrap se indican si son mayores de 50%. La escala muestra la distancia genética Kimura 2 parámetros expresados en porcentaje.

4.2. Evaluación de distancias genéticas y *barcode gap*.

Para evaluar el *barcoding gap*, se calcula la diferencia entre las secuencias de ADN de las especies, que refleja la variación genética intra e interespecífica. Un marcador *DNA barcode* es una región del genoma que varía mucho entre especies, pero poco dentro de cada especie (Hebert et al., 2003a; Meyer & Paulay, 2005).

En este estudio, se observó que 19 especies no presentan *barcoding gap*, porque las distancias genéticas se superponen entre ellas (figura 29). Esto puede deberse a una identificación morfológica deficiente o a que este marcador no es suficiente para diferenciar esas especies, y se requiere información adicional de otros aspectos como la distribución geográfica o la ecología para mejorar la identificación de individuos. La distribución geográfica puede proporcionar información sobre el rango de distribución de una especie y si se encuentra en un área donde se sabe que ocurren otras especies similares. La ecología puede proporcionar información sobre las preferencias de hábitat y los patrones de comportamiento de una especie, lo que puede ayudar a distinguirla de otras especies similares (Mittelbach et al., 2017; Neves et al., 2020; Underwood et al., 2004). En general, la combinación de información genética, morfológica, geográfica y ecológica puede proporcionar una imagen más completa de la diversidad biológica y ayudar a mejorar la identificación de especies.

En la figura 29 se muestra la comparación de pares de secuencias dentro de cada especie. Encontrándose que la distancia genética intraespecífica era menor al 1%, mientras que la distancia genética interespecífica rondaba el 20 a 30%, concordando con el criterio de un *barcoding gap* óptimo (Kim et al., 2014; Paz et al., 2011;), donde la distancia interespecífica debe ser al menos 10 veces mayor que la distancia intraespecífica, por lo que se confirma la utilidad del código de barras de ADN como una herramienta eficaz para la identificación precisa de especies de peces marinos. Esta validación respalda la relevancia y la aplicabilidad práctica de la técnica de código de barras de ADN en la gestión y conservación de la biodiversidad marina.

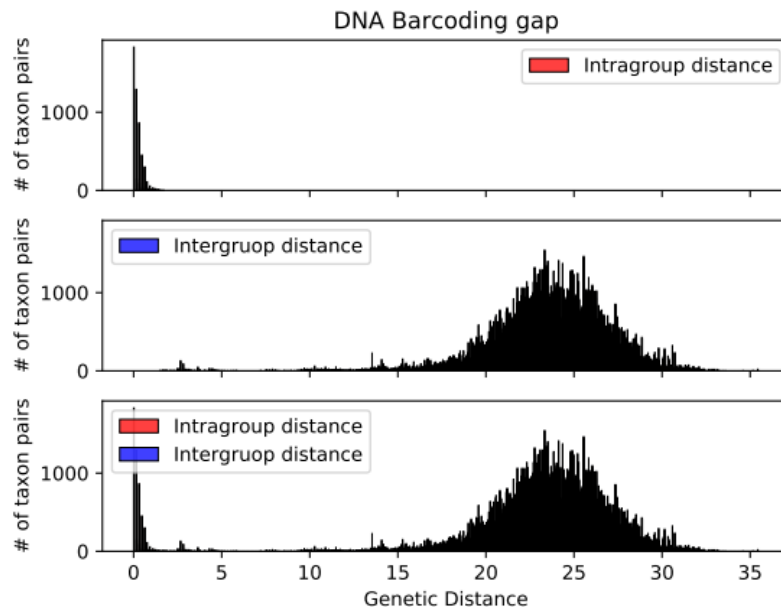


Figura 29. Distancia intraespecífica vs distancia al taxón más cercano y DNA barcoding gap de peces marinos de Perú.

La figura 30 muestra la relación entre la distancia genética intraespecífica máxima y la distancia interespecífica mínima para cada espécimen. Estas distancias se calcularon con el programa MEGA 5.0.3. La distancia intraespecífica es la que existe dentro de una misma especie, mientras que la distancia interespecífica es la que existe entre diferentes especies. Se trazó una diagonal, llamada barrera DNA barcode, como referencia para comparar estas distancias. Los puntos sobre esta recta indican que hay una diferencia entre las distancias interespecíficas e intraespecíficas, lo que implicó la existencia del *barcoding gap* y la utilidad del uso del código de barras de ADN para dicha especie; mientras que los puntos debajo de la diagonal implican la ausencia del *barcoding gap* y que no se puede aplicar el código de barras de ADN para dicha especie.

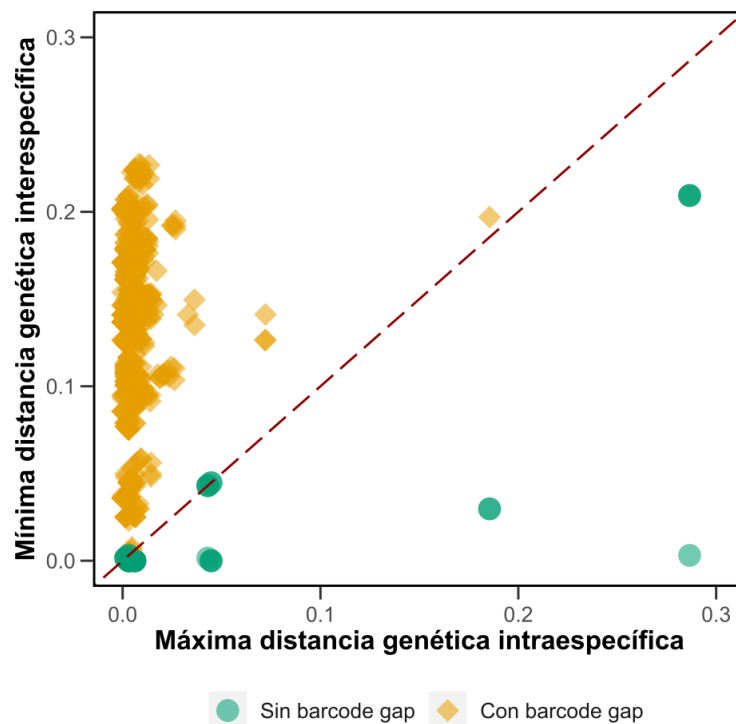


Figura 30. Relación entre la distancia genética intraespecífica máxima y la distancia interespecífica mínima para cada espécimen.

4.3. Evaluación de métodos de delimitación de especies genéticas.

Se compararon los resultados obtenidos con la taxonomía clásica basada en morfología (figura 31). La taxonomía clásica identificó 142 morfoespecies, mientras que los métodos moleculares basados en los códigos de barra coincidieron en delimitar 143 unidades taxonómicas operativas (MOTUs). Estos valores son similares a los reportados por otros estudios que utilizaron códigos de barra para analizar la diversidad de peces marinos (Chen et al., 2011; Ge et al., 2021; Pereira et al., 2011) y respaldan la utilidad de los códigos de barra para detectar diversidad oculta y proponer hipótesis de especie, lo que facilita el estudio y la conservación de la biodiversidad marina.

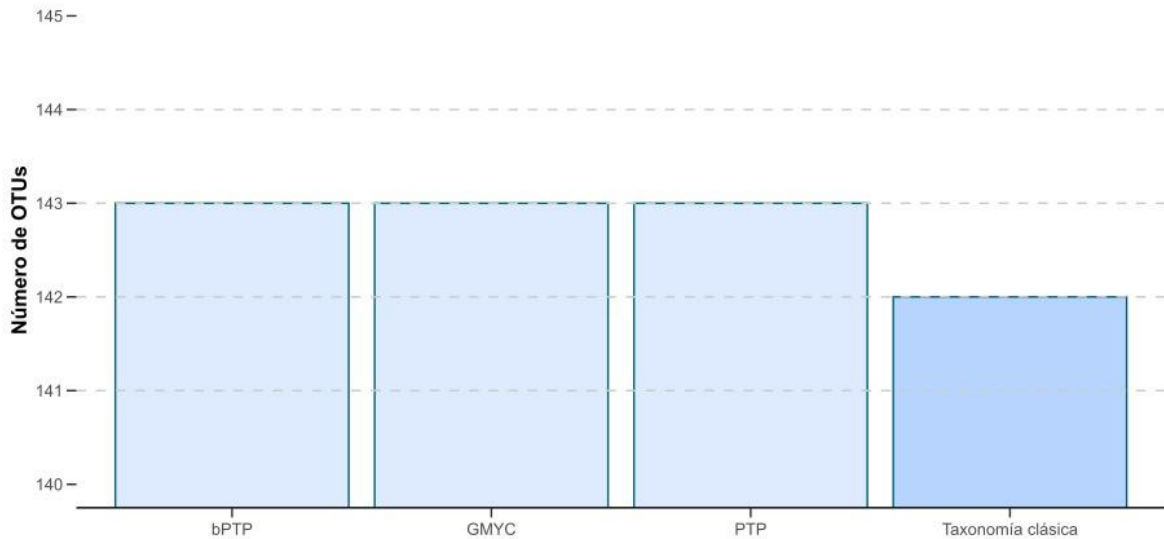


Figura 31. Comparación de número de OTUs identificadas por diferentes métodos de delimitación de especies y por taxonomía clásica.

El estudio de la variabilidad genética en poblaciones de peces es un factor clave para la conservación y manejo de los recursos pesqueros. La diversidad de genes que existen dentro de una especie o una población, permite a las poblaciones de peces adaptarse a los cambios ambientales y a las presiones selectivas, como la pesca, el cambio climático o la introducción de especies invasoras (Smith, 1994). Las poblaciones de peces se caracterizan por su movilidad, siendo fundamental para su viabilidad evolutiva. Sin embargo, la fragmentación artificial en estos entornos puede dificultar la conectividad genética y reducir el flujo génico entre poblaciones. Esta fragmentación afecta la variabilidad genética y la adaptabilidad biológica de las poblaciones de peces marinos, lo que puede tener implicaciones significativas en su capacidad de respuesta y supervivencia frente a cambios en su entorno. (Freeland, 2017).

La variabilidad genética o diversidad genética puede estimarse mediante índices como: la diversidad de haplotipos (H), la diversidad de nucleótidos (π) (Librado & Rozas, 2009). En la figura 34 se observa la relación entre el número de haplotipos encontrados por especie y el número de especímenes analizados.

De las especies estudiadas, se seleccionaron 8 que tenían al menos 15 secuencias. Se encontró que 4 de ellas tuvieron una alta diversidad de haplotipos, lo que significa que la probabilidad de que dos haplotipos elegidos al azar de una

población sean distintos fue alta (valores entre 0,75 y 0,93). Tres especies tuvieron valores moderados de diversidad de haplotipos (valores entre 0,49 y 0,71), mientras que una especie (*Engraulis ringens*) presentó un valor bajo (0,26), el cual podría explicarse por varios factores, como la alta tasa de reproducción, la dispersión pasiva de las larvas, la selección natural y la pesca intensiva (Bouchon et al., 2010). Estos resultados son consistentes con los encontrados por Cueva (2021), quien utilizó marcadores de ADN mitocondrial para demostrar que *E. ringens* muestra los niveles más bajos de diversidad genética en relación con sus congéneres. Estos factores reducen la diversidad genética dentro y entre las poblaciones, lo que puede afectar la adaptabilidad y la resiliencia de la especie ante los cambios ambientales.

Por el contrario, *Anchoa nasus* tiene una mayor diversidad haplotípica (0,93) posiblemente porque presenta una menor tasa de reproducción que *E. ringens* (Bouchon, 2007), lo que favorece la aparición y mantenimiento de variaciones genéticas. Asimismo, esta especie se encuentra en zonas más restringidas, cerca de la costa y con mayor heterogeneidad ambiental (Arellano & Swartzman, 2010), lo que propiciaría la adaptación local y la divergencia genética entre poblaciones.

La variabilidad genética de las diferentes poblaciones de peces marinos comerciales es un tema de interés para la biología pesquera y la conservación. Presentar una alta variabilidad genética, tanto a nivel intraespecífico como interespecífico, sugiere una gran capacidad de respuesta a los cambios ambientales y una elevada potencialidad evolutiva, esto tiene implicaciones para su manejo y aprovechamiento pesquero, ya que permite identificar las unidades de gestión adecuadas y evaluar el impacto de la explotación sobre la diversidad genética de las especies.

Tabla 7. Parámetros genéticos poblaciones basado en código de barras para 8 especies de peces marinos. (*N*: Cantidad de secuencias; *H*: Número de haplotipos; *HD*: Diversidad haplotípica; π : diversidad nucleotídica; *D* de Tajima). (En paréntesis el valor de significancia de la prueba).

Especie	N	H	HD	π	Tajima's D
<i>Anchoa nasus</i>	17	13	0,93	0,0043	-2,41 (0,016)
<i>Cheilodactylus variegatus</i>	16	9	0,77	0,0025	-2,73 (0,006)
<i>Cynoscion analis</i>	18	6	0,49	0,0014	-1,98 (0,048)
<i>Engraulis ringens</i>	15	3	0,26	0,0004	-2,11 (0,034)
<i>Isacia conceptionis</i>	19	9	0,68	0,0021	-2,2 (0,028)
<i>Labrisomus philippii</i>	19	7	0,75	0,0018	-1,58 (0,113)
<i>Paralabrax humeralis</i>	17	6	0,71	0,0015	-2,55 (0,011)
<i>Sciaena deliciosa</i>	17	12	0,89	0,0026	-1,8 (0,072)

La tabla 7 muestra los valores de Tajim's D, en la que se han evaluado la selección genética, de ocho especies de peces. Los valores negativos indican un exceso de polimorfismos en relación con la expectativa, indicando que hay más variación genética de lo que se esperaría en las poblaciones de los peces evaluados, esto puede deberse a selección positiva reciente, expansión poblacional o estructura de población subdividida (Hartl & Clark, 1997). La diversidad nucleotídica sigue el mismo patrón, siendo *Anchoa nasus* la especie con mayor valor (0,0043) y *Engraulis ringens* la de menor valor (0,0004). El análisis de los valores de D Tajima, en las pesquerías puede ayudar a identificar los efectos de la explotación, la fragmentación del hábitad, la migración y la adaptación local sobre la variabilidad genética de las especies pesqueras.

Las redes de haplotipos elaboradas, respaldan la idea de una expansión poblacional con un haplotipo dominante en la mayoría de casos, salvo en *Labrisomus philippii*, el cual tiene dos haplotipos principales (figura 32). El análisis

de la variedad génica considera todos los niveles generados. Por lo tanto, se requiere una mayor cantidad de muestras de diferentes ubicaciones geográficas para determinar si las especies representan complejos de especies. Esto es especialmente importante en el Sistema de la Corriente de Humbolt, que tiene una alta riqueza y endemismo.

La construcción de una red de haplotipos a partir de secuencias de gen COI permite analizar la diversidad genética y las relaciones evolutivas entre poblaciones, brindando información valiosa sobre patrones de migración, históricos demográficos y estructura poblacional. Esta herramienta resulta útil para comprender la dinámica poblacional y la historia evolutiva de los peces, aspectos clave para la conservación y la gestión sostenible de estos ecosistemas acuáticos. La variación genética puede proporcionar información valiosa sobre la historia evolutiva de las especies de peces en la región, lo que es crucial para la toma de decisiones en la gestión de los recursos pesqueros. En un contexto de creciente presión sobre los ecosistemas acuáticos, la comprensión de la variabilidad genética se convierte en un pilar para garantizar la sostenibilidad de la pesca en el Perú y la conservación de su diversidad biológica (FAO, 1996).

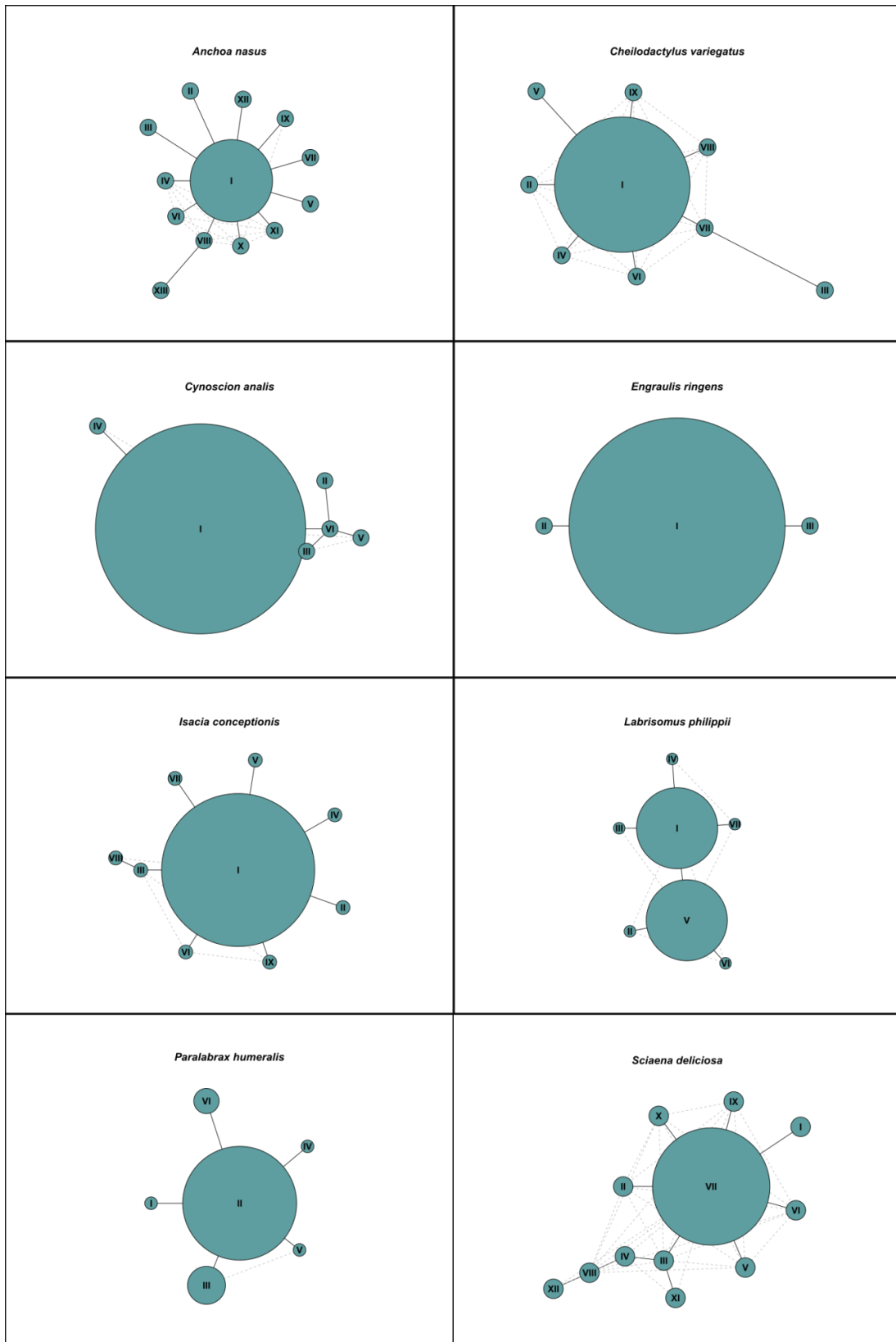


Figura 32. Redes de haplotipos. Cada círculo representa un haplotipo observado, el tamaño del círculo es proporcional a la frecuencia de haplotipo.

V. CONCLUSIONES

5.1. Se encontró una alta correspondencia al comparar los resultados con el método taxonómico tradicional basado en características morfológicas y la identificación molecular. La efectividad y fiabilidad del código de barras de ADN para la identificación de especies se confirmó, abarcando 142 morfoespecies en 144 géneros, 55 familias y 29 órdenes de la clase Actinopterygii. Cada especie se asoció con un código de barras de ADN. Estos resultados ayudaron a incrementar y mejorar la colección de muestras de especímenes en la colección científica, la colección de tejidos y de ADN; además de mejorar los protocolos de colecta.

5.2. Se identificaron posibles nuevas especies que no habían sido previamente reconocidas por el método taxonómico convencional. Estas potenciales nuevas especies incluyen a *Psenes* sp. (LCT 1199), *Umbrina* sp. (Pe Mar F0460), *Stellifer* sp. (Pe Mar F0566, F0567 y F0601), *Myctophum* sp. (Pe Mar F0149) y *P. adspersus* (Pe Mar F843). Estos hallazgos representan una valiosa contribución al conocimiento de la biodiversidad marina en el litoral peruano.

5.3. La detección de estas posibles nuevas especies resalta la importancia de aplicar técnicas como el código de barras de ADN en la identificación de peces marinos, permitiendo descubrir peces que podrían pasar inadvertidos para los métodos tradicionales de taxonomía. Además, subraya la necesidad de llevar a cabo investigaciones adicionales y un análisis taxonómico más detenido para validar y describir formalmente estas posibles nuevas especies, así como comprender su ecología, distribución y las posibles implicaciones para la biodiversidad marina y su conservación.

5.4. Los resultados de análisis de las distancias genéticas intra e interespecíficas de especies de peces marinos mediante el marcador COI, revelaron dos patrones distintos: uno con una superposición en las distancias genéticas entre especies y otro con una clara diferencia entre la variabilidad genética intra e interespecífica. Se destacó el caso de *Engraulis ringens*, que mostró la menor diversidad de haplotipos, sugiriendo un posible efecto negativo de factores biológicos, ecológicos y antropogénicos sobre su variabilidad genética. Por otro lado, *Anchoa nasus* presentó una mayor diversidad de haplotipos en comparación con otras especies

estudiadas, posiblemente atribuible a su menor tasa reproductiva y a la mayor heterogeneidad ambiental que enfrenta. Ambos hallazgos corroboran la utilidad del código de barras de ADN en la diferenciación e identificación de especies marinas, y resaltan la importancia de considerar otros aspectos complementarios como la distribución geográfica y la ecología, especialmente para aquellas especies que no presentan una diferenciación genética definida.

5.5. El uso de códigos de barras de ADN y el análisis de la variabilidad genética permiten una identificación precisa de las especies marinas, contribuyendo así a una gestión pesquera efectiva y sostenible en el Perú. Estas herramientas facilitan la toma de decisiones basada en evidencia y ayudan a abordar los desafíos críticos que enfrentan la biodiversidad y las pesquerías en el país. No obstante, es importante mencionar algunas limitaciones de este estudio, como la representatividad limitada en ciertas zonas o grupos taxonómicos, así como la dificultad para acceder a datos de referencia para algunas especies en las bases de datos internacionales.

5.6. Este estudio representa una contribución significativa al conocimiento de la riqueza de especies de la ictiofauna del mar peruano y contribuye de manera significativa a la campaña FISH-BOL al proporcionar secuencias de códigos de barras para facilitar la identificación de especies, tanto para expertos como para no expertos, y ponerlas a disposición para diversas aplicaciones.

VI. RECOMENDACIONES

6.1. Es conveniente dirigir mayores esfuerzos en estudios que apunten a la descripción de las posibles nuevas especies identificadas mediante el análisis filogenético del gen COI (*Psenes* sp LCT 1199; *Umbrina* sp Pe Mar F0460; *Stellifer* sp1 Pe Mar F0566, F0567 y *Stellifer* sp1 F0601; *Myctophum* sp Pe Mar F0149 y *P. adpersus* Pe Mar F0834). Estas especies presentan divergencias genéticas significativas con respecto a las especies conocidas, y podrían tener rasgos morfológicos, ecológicos o biogeográficos distintivos que merecen atención.

6.2. Se sugiere realizar un esfuerzo de muestreo para obtener más ejemplares de cada especie, lo que ayudará a aumentar la cobertura de la biblioteca elaborada. De esta manera, se aseguraría obtener la variabilidad de las distancias intraespecíficas, lo que mejoraría la estimación de la brecha del código de barras.

6.3. Se recomienda realizar nuevos análisis moleculares haciendo uso de más regiones genéticas e incluyendo genes nucleares específicos, así como el uso de métodos analíticos adicionales que permitan detectar y cuantificar los eventos de hibridación e introgresión entre las especies.

6.4. Se recomienda ampliar el muestreo y el análisis molecular a otras especies y regiones del Perú, estableciendo colaboraciones con investigadores y entidades para producir y difundir información sobre el código de barras de ADN. De esta manera, se avanzará hacia la creación de una biblioteca completa para los peces marinos del Perú, apoyando así el conocimiento y la gestión sostenible de este importante recurso natural.

VII. REFERENCIAS

- Allen G.R. & Robertson, D.R. (1994). *Fishes of the Tropical Eastern Pacific*, 332 pp. University of Hawaii Press, Honolulu.
- Álvarez, J. (2003). Estudio sobre el impacto socioeconómico de la pesca artesanal en los Estados Miembros de la Comisión Permanente del Pacífico Sur. Reporte preparado para la Secretaria General-Dirección de Asuntos Económicos de la CPPS, 27 pp
- Arellano, C. E., & Swartzman, G. (2010). The Peruvian artisanal fishery: Changes in patterns and distribution over time. *Fisheries Research*, 101(1-2), 133-145. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2009.10.012>
- Arif, I. A. & Khan, H. A. (2009). Molecular markers for biodiversity analysis of wildlife animals: a brief review. *Animal Biodiversity and Conservation*, Vol. 32, Núm. 1, p. 9-17 <https://doi.org/132215>
- Baumung, R., Simianer, H., & Hoffmann, I. (2004). Genetic diversity studies in farm animals - a survey. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121(6), 361–373. <https://doi:10.1111/j.1439-0388.2004.00479.x>
- Becker, S., Hanner, R., & Steinke, D. (2011). Five years of FISH-BOL: brief status report. *Mitochondrial DNA*, 22 Suppl 1, 3–9. <https://doi.org/10.3109/19401736.2010.535528>
- Bénard-Capelle, J., Guillonneau, V., Nouvian, C., Fournier, N., Loët, K.L. & Dettai, A. (2015). Fish mislabelling in France: substitution rates and retail types. *PeerJ*, 2: e714.
- Bennewitz, J., Kantanen, J., Tapio, I., Li, M., Kalm, E., Vilkki, J., ... Meuwissen, T. H. (2006). Estimation of breed contributions to present and future genetic diversity of 44 North Eurasian cattle breeds using core set diversity

- measures. *Genetics Selection Evolution*, 38(2), 201. <https://doi:10.1186/1297-9686-38-2-201>
- Berg, D. J., Garton, D. W., Macisaac, H. J., Panov, V. E., & Telesh, I. V. (2002). Changes in genetic structure of North American Bythotrephes populations following invasion from Lake Ladoga, Russia. *Freshwater Biology*, 47(2), 275–282. <https://doi:10.1046/j.1365-2427.2002.00805.x>
- Bernatchez, L. (2016). On the maintenance of genetic variation and adaptation to environmental change: considerations from population genomics in fishes. *Journal of Fish Biology*, 89(6), 2519–2556. doi:10.1111/jfb.13145
- Bickford, D., D. J. Lohman, N. S. Sodhi, P. K. L., Ng, R. Meier, k. Winker, K.K. Ingram, & I. Das. 2007. Cryptic species as a window on diversity and conservation. In *Trends in Ecology and Evolution*. Vol. 22, Issue 3, pp. 148–155.
- Bouchon Corrales, M. (2007). *Biología y pesquería de Samasa Anchoa nasus* (Kner y Steindachner, 1866) (Pisces: Clupeiformes: Engraulidae) en el mar peruano. Tesis para optar el grado de Maestro en Ciencias del Mar. Universidad Nacional Federico Villarea
- Bouchon, M., Ayón, P., Mori, J., Peña, C., Espinoza, P., Hutchings, L., Buitron, B., Perea, Á., Goicochea, C., & Messié, M. (2010). Biología de la anchoveta peruana, *Engraulis ringens* Jenyns. *Boletín IMARPE*, 25(1-2), 23-30
- Brandl, S. J., Tornabene, L., Goatley, C. H. R., Casey, J. M., Morais, R. A., Côté, I. M., Baldwin, C. C., Parravicini, V., Schiettekatte, N. M. D., & Bellwood, D. R. (2019). Demographic dynamics of the smallest marine vertebrates fuel coral-reef ecosystem functioning. *Science*, 364(6446), eaav3384.

- Brown, W. M. (1985). Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Nucleic Acids Research*, 13(5), 1419-1438. <https://doi.org/10.1093/nar/13.5.1419>
- Butchart, S.H.M., Walpole, M., Collen, B., van Strien, A., Scharlemann, J.P.W., Almond, R.E.A., Baillie, J.E.M., Bomhard, B., Brown, C., Bruno, J., 2010. Global biodiversity: indicators of recent declines. *Science* 328, 1164.
- Cariani, A., Messinetti, S., Ferrari, A., Arculeo, M., Bonello, J.J., Bonnici, L., Cannas, R., Carbonara, P., Cau, A., Charilaou, C., El Ouamari, N., Fiorentino, F., Follesa, M.C., Garofalo, G., Golani, D., Guarniero, I., Hanner, R., Hemida, F., Kada,... Tinti, F. (2017). Improving the Conservation of Mediterranean Chondrichthyans: The ELASMOMED DNA Barcode Reference Library. *PLOS ONE*, 12(1), e0170244. <https://doi:10.1371/journal.pone.0170244>
- Carreon-Martinez, L., & Heath, D. D. (2010). Revolution in food web analysis and trophic ecology: diet analysis by DNA and stable isotope analysis. *Molecular Ecology*, 19(1), 25-27.g.
- Caterino, M. S., Cho, S., & Sperling, F. A. H. (2000). The Current State Of Insect Molecular Systematics: A Thriving Tower of Babel. *Annual Review of Entomology*, 45(1), 1-54
- Chamberlain Scott, Eduard Szoecs, Zachary Foster, Zebulun Arendsee, Carl Boettiger, Karthik Ram, Ignasi Bartomeus, John Baumgartner, James O'Donnell, Jari Oksanen, Bastian Greshake Tzovaras, Philippe Marchand, Vinh Tran, Maëlle Salmon, Gaopeng Li, and Matthias Grenié. (2020) Taxize taxonomic information from around the web. R package version 0.9.98. <https://github.com/ropensci/taxize>

- Chamberlain, S. (2021). bold: Interface to Bold Systems API. R package version 1.2.0. <https://CRAN.R-project.org/package=bold>
- Chamberlain, S. A., & Szöcs, E. (2013). Taxize: taxonomic search and retrieval in R. *F1000Research*, 2, 191. URL: <https://f1000research.com/articles/2-191/v2>
- Chen, J., Li, Q., Kong, L., & Yu, H. (2011). How DNA Barcodes Complement Taxonomy and Explore Species Diversity: The Case Study of a Poorly Understood Marine Fauna. *PLoS ONE*, 6(6), e21326. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0021326>
- Chirichigno, N. & Cornejo, R. M. (2001). Clave para identificar los peces marinos del Perú. Informe IMARPE nº 44. Instituto del Mar del Perú.
- Chirichigno, N. (1974). Clave para identificar los peces marinos del Perú (N.o 44; p. 387). Recuperado de Instituto del Mar del Perú website: <http://biblioimarpe.imarpe.gob.pe:8080/bitstream/handle/123456789/272/INF%2044.pdf?sequence=1>
- Chirichigno, N., & Vélez, J. (1998). Clave para identificar los peces marinos del Perú (2da edición). Callao, Perú: Instituto del Mar del Perú.
- Christiansen, H., Dettai, A., Heindler, F. M., Collins, M. A., Duhamel, G., Hautecoeur, M., ... Van de Putte, A. P. (2018). Diversity of Mesopelagic Fishes in the Southern Ocean - A Phylogeographic Perspective Using DNA Barcoding. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 6. <https://doi:10.3389/fevo.2018.00120>
- Cole, A. J., Pratchett, M. S., & Jones, G. P. (2008). Diversity and functional importance of coral-feeding fishes on tropical coral reefs. *Fish and Fisheries*, 9(3), 286-30

- Costa, F.O., & Carvalho, G.R., (2007). The Barcode of Life Initiative: sinopsis y posibles impactos sociales de los códigos de barras de ADN de Fish. *Life Sci Soc Policy* 3, 29. <https://doi.org/10.1186/1746-5354-3-2-29>
- Cowan, R. S., Chase, M. W., Kress, W. J., & Savolainen, V. (2006). 300,000 Species to Identify: Problems, Progress, and Prospects in DNA Barcoding of Land Plants. *Taxon*, 55(3), 611. <https://doi:10.2307/25065638>
- Creer, S., Deiner, K., Frey, S., Porazinska, D., Taberlet, P., Thomas, W. K., ... Bik, H. M. (2016). The ecologist's field guide to sequence-based identification of biodiversity. *Methods in Ecology and Evolution*, 7(9), 1008–1018. <https://doi:10.1111/2041-210x.12574>
- Crosetti, D., & Blaber, S. J. M. (2015). *Biology, Ecology and Culture of Grey Mulletts (Mugilidae)*. CRC Press.
- Cueva Shapiama, D. A. (2021). *Diversidad genética de la anchoveta *Engraulis ringens* a lo largo de la costa peruana basada en secuencias de ADN mitocondrial [Tesis de Biólogo Marino, Universidad de Ciencias Veterinarias y Biológicas]*. Lima, Perú.
- Deville Cáceres, D. A. (2016). *Variabilidad morfológica y genética del pejerrey *Odontesthes regia* (Humboldt, 1821) en el mar peruano y su implicancia en la determinación de stocks*. Tesis de pregrado en la Universidad Mayor de San Marcos.
- Dlugosch, K. M., & Parker, I. M. (2008). Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. *Molecular Ecology*, 17(1), 431–449. doi:10.1111/j.1365-294x.2007.03538.x

- Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., & Rambaut, A. (2012). Bayesian Phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 29(8), 1969–1973. <https://doi:10.1093/molbev/mss075>
- ECLAC, & OECD. (2016). Environmental performance reviews: Peru 2016 highlights and recommendations 77 pp. Recuperado el 01/02/2020 de: <https://www.cepal.org/en/publications/40172>
- Efron, B. (1979). Bootstrap methods: Another look at the jackknife. *The Annals of Statistics*, 7(1), 1-26.
- Escudero L. (1997). Encuesta estructural de la pesquería artesanal del litoral peruano. Informe Progresivo del Instituto del Mar del Perú Nr. 59, La Punta Callao, 87 pp.
- Estrella C. (2007). Resultados generales de la segunda encuesta estructural de la pesquería artesanal en el litoral peruano ENEPA 2004–2005. Informe del Instituto del Mar del Perú. Recuperado de www.imarpe.gob.pe
- Ewald, M. 2006. Isolation and Characterization of Nuclear and Mitochondrial Genetic Markers for Population Studies of *Ucides cordatus cordatus* (Decapoda: Brachyura). Dissertation of Doctor of Natural Sciences, University of Bremen. http://deposit.ddb.de/cgi-bin/dokserv?idn=994613679&dok_var=d1&dok_ext=pdf&filename=994613679.pdf
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación). (1995). Código de conducta para la pesca responsable. Roma, 53pp. Recuperado 20/07/2020 de <http://www.fao.org/iuu-fishing/international-framework/code-of-conduct-for-responsible-fisheries/es/>

- FAO. (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación). (1996). Conservación de los recursos genéticos de los peces: Problemas y Recomendaciones. Recuperado de www.fao.org/publications.
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación). (2014) (SOFIA). Estado Mundial de la pesca y la acuicultura. Oportunidades y desafíos. Roma. 274 pp. Recuperado de www.fao.org/publications
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación). 2018. Estado Mundial de la pesca y la acuicultura 2018. Cumplir los objetivos de desarrollo sostenible. Roma. Licencia: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. 250 pp Recuperado de www.fao.org/publications.
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación). 2022. El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2022. Hacia la transformación azul. Roma, FAO. <https://doi.org/10.4060/cc0461es>
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39(4), 783–791. <https://doi:10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x>
- Ferguson, A., Taggart, J. B., Prodohl, P. A., McMeel, O., Thompson, C., Stone, C., ... Hynes, R. A. (1995). The application of molecular markers to the study and conservation of fish populations, with special reference to *Salmo*. *Journal of Fish Biology*, 47(sa), 103–126. <https://doi:10.1111/j.1095-8649.1995.tb06048.x>
- Fischer, W., Krupp, F., Schneider, W., Sommer, C., Karpenter, K., y Niem, V. (1995). Guía FAO para la identificación de especies para los fines de la pesca Pacífico Centro- Oriental, Volumen I: Plantas e invertebrados. Roma:

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura.

<http://www.fao.org>

Freeland, J. R. (2017). The importance of molecular markers and primer design when characterizing biodiversity from environmental DNA. *Genome*, 60(4), 358–374. <https://doi:10.1139/gen-2016-0100>

Froese, R. y Pauly, D. (2023). FishBase. Base de datos en línea. Disponible en: <http://www.fishbase.org> (Accedido el 24 de octubre de 2021).

Fujisawa, T., & Barraclough, T. G. (2013). Delimiting Species Using Single-Locus Data and the Generalized Mixed Yule Coalescent Approach: A Revised Method and Evaluation on Simulated Data Sets. *Systematic Biology*, 62(5), 707–724. <https://doi:10.1093/sysbio/syt033>

Gárate, A. & Pacheco, A. (2004). Distribution changes and abundance of shallow waters ictiofauna in San Bartolo (Lima, Perú) after the ENSO 1997-1998. *Ecología Aplicada*, 3(1-2), 148-153. Recuperado en 15 de noviembre de 2022, de http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1726-22162004000100021&lng=es&tlng=en.

García-Robledo, C., Kuprewicz, E. K., Staines, C.L., Kress, W., Erwin, T.L. (2013). Using a comprehensive DNA barcode library to detect novel egg and larval host plant associations in a *Cephaloleia* rolled-leaf beetle (Coleoptera: Chrysomelidae), *Biological Journal of the Linnean Society*, (110), 189–198. <https://doi.org/10.1111/bij.12115>

Garibaldi, L. (2012). The FAO global capture production database: A six-decade effort to catch the trend, *Marine Policy*. 36 (3), 760–768. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2011.10.024>.

- Gaston, K. J., Blackburn, T. M., Greenwood, J. J. D., Gregory, R. D., Quinn, R. M., & Lawton, J. H. (2000). Abundance-occupancy relationships. *Journal of Applied Ecology*, 37(s1), 39–59. <https://doi:10.1046/j.1365-2664.2000.00485.x>
- Ge, Y., Xia, C., Wang, J., Zhang, X., Ma, X., & Zhou, Q. (2021). The efficacy of DNA barcoding in the classification, genetic differentiation, and biodiversity assessment of benthic macroinvertebrates. *Ecology and Evolution*, 11(11), 5669-5681. <https://doi.org/10.1002/ece3.7470>
- Goicochea, C., & Leonart, J. (2008). *La merluza peruana: biología, pesquería y mercado*. Instituto del Mar del Perú.
- González-Castro, M., Rosso, J.J., Delpiani, S.M. et al. (2019). Inferring boundaries among fish species of the new world silversides (Atherinopsidae; genus *Odontesthes*): new evidences of incipient speciation between marine and brackish populations of *Odontesthes argentinensis*. *Genetica* 147, 217–229 (2019). <https://doi.org/10.1007/s10709-019-00066-2>
- Grenyer, R., Orme, C. D. L., Jackson, S. F., Thomas, G. H., Davies, R. G., Davies, T. J., ... Owens, I. P. F. (2006). Global distribution and conservation of rare and threatened vertebrates. *Nature*, 444(7115), 93–96. <https://doi:10.1038/nature05237>
- Grime, J. P. (1998). Benefits of plant diversity to ecosystems: immediate, filter and founder effects. *Journal of Ecology*, 86(6), 902–910. <https://doi:10.1046/j.1365-2745.1998.00306.x>
- Günther, B., Raupach, M.J., & Knebelsberger, T. (2017). Full-length and mini-length DNA barcoding for the identification of seafood commercially traded in

- Germany. Food Control, 73, 922–929.
<https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2016.10.016>
- Habib K.A., Neogi A.K., Rahman M., Oh J., Lee Y.H., et al. (2021). DNA barcoding of brackish and marine water fishes and shellfishes of Sundarbans, the world's largest mangrove ecosystem. PLOS ONE 16(8): e0255110.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255110>
- Harms-Tuohy, C.A., Schizas, N.V., Appeldoorn, R.S. (2016). Uso de metabarcoding de ADN para el análisis del contenido del estómago en el pez león invasor *Pterois volitans* en Puerto Rico. Mar Ecol Prog Ser 558: 181-191. <https://doi.org/10.3354/meps11738>
- Harrison, I.J., Nirchio, M., Oliveira, C., Ron, E. & Gaviria, J. (2007). A new species of mullet (Teleostei: Mugilidae) from Venezuela, with a discussion on the taxonomy of *Mugil gaimardianus*. Journal of Fish Biology, 71: 76-97.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2007.01520.x>
- Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1997). Principles of population genetics. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc. Recuperado de <https://www.example.com>
- Hebert P.D. & Gregory TR. (2005). The promise of the DNA barcode for taxonomy. Syst. Biol. 54: 852-859.
- Hebert P.D., S. Ratnasingham , J.R. de Waard (2003a). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species Proc. R. Soc. Lond. B (Supl.) , 270, pp. S96 - S99
<https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025>
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003b). Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 270(1512), 313-321

- Hebert, P. D., Penton, E. H., Burns, J. M., Janzen, D. H., & Hallwachs, W. (2004). Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrartes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(41), 14812-14817. doi: 10.1073 / pnas.0406166101 .
- Hebert, P.D. & Gregory, T.R. (2005). The promise of the DNA barcode for taxonomy. *Systematic Biology*. 54(5): 852-859. <https://doi.org/10.1080/10635150500354886>
- Hemmelmann, E., & Gómez, F. (2012). Estimación de una función de costos de oportunidad para la conservación del bosque nativo en la zona central de Chile. Concepción: Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Económicas y Administrativas, Departamento de Economía
- Hilborn R & Costello C. (2018). The potential for blue growth in marine fish yield, profit and abundance of fish in the ocean <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2017.02.003>
- Hoelzel, A.R., Hancock, J.M., Dover, G.A. (1991). Evolution of the cetacean mitochondrial D-loop region. *Mol. Biol. Evol.* 8: 475-493.
- Hooker, Y. (2009). Nuevos registros de peces costeros tropicales para el Perú. *Rev peru.biol.* 16(1): 033-041. 10 pp. <https://doi.org/10.7717/peerj.714>
- Hooker, Y., More, A., & Ubillus, O. (2011). Propuesta de creación de la Reserva Nacional Isla Foca. [PDF file]. Recuperado el 19 de octubre de 2023, de https://www.researchgate.net/profile/Yuri-Hooker/publication/299584285_PROPUESTA_DE_CREACION_DE_LA_RESERVA_NACIONAL_ISLA_FOCA/links/5a9b3b42aca2721e3f301fbb/PROPUESTA-DE-CREACION-DE-LA-RESERVA-NACIONAL-ISLA-FOCA.pdf

- Integrated Taxonomic Information System. (n.d.). Home page. Recuperado el 14 de marzo de 2023, de <http://www.itis.gov/>
- Ivanova, N. V., Zemlak, T. S., Hanner, R. H., & Hebert, P. D. N. (2007). Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, 7(4), 544–548. <https://doi:10.1111/j.1471-8286.2007.01748.x>
- Janzen, D. (2004). Setting up Tropical Biodiversity for Conservation through Non-Damaging Use: Participation by Parataxonomists. *Journal of Applied Ecology*, 41(1), 181-187. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040662>
- Jennings S, Kaiser M.J. (1998). The Effects of Fishing on Marine Ecosystems. *Advances in Marine Biology*. Vol 34, pp 201-212 [http://doi.org/10.1016/S0065-2881\(08\)60212-6](http://doi.org/10.1016/S0065-2881(08)60212-6)
- Jennings S, Kaiser MJ. (1998). The Effects of Fishing on Marine Ecosystems. *Advances in Marine Biology*. Vol 34, pp 201-212 [http://doi.org/10.1016/S0065-2881\(08\)60212-6](http://doi.org/10.1016/S0065-2881(08)60212-6)
- Keskin, E., & Atar, H.H. (2013). DNA barcoding commercially important fish species of Turkey. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 788–797. <https://doi:10.1111/1755-0998.12120>
- Kim, K. C., & Byrne, L. B. (2006). Biodiversity loss and the taxonomic bottleneck: emerging biodiversity science. *Ecological Research*, 21(6), 794–810. <https://doi:10.1007/s11284-006-0035-7>
- Kim, S.-J., Lee, J.-S., Lim, H.-S., Kim, Y.-J., Kim, H.-J., Kim, K.-Y., Kim, B.-M., & Kim, I.-S. (2014). DNA barcoding of brackish and marine water fishes and shellfishes of Sundarbans, the world's largest mangrove ecosystem. *Mitochondrial DNA*, 25(1), 32-41.

- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 16, 111–120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- Kocher, T. D., Thomas, W. K., Meyer, A., Edwards, S. V., Paabo, S., Villablanca, F. X., & Wilson, A. C. (1989). Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 86(16), 6196–6200. <https://doi:10.1073/pnas.86.16.6196>
- Kochzius, M., Seidel, C., Antoniou, A., Botla, S. K., Campo, D., Cariani, A., ... Blohm, D. (2010). Identifying Fishes through DNA Barcodes and Microarrays. *PLoS ONE*, 5(9), e12620. doi:10.1371/journal.pone.0012620
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., & Janzen, D. H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(23), 8369–8374. <https://doi:10.1073/pnas.0503123102>
- Kress, W.J., Erickson, D.L. (2012). DNA Barcodes: métodos y protocolos. En: Kress W., Erickson D. (eds) DNA Barcodes. *Methods in Molecular Biology*, vol 858. Humana Press, Totowa, NJ.
- Leray, M., Boehm, J.T., Mills, S.C., & Meyer, C.P. (2011). Moorea BIOCODE barcode library as a tool for understanding predator–prey interactions: insights into the diet of common predatory coral reef fishes. *Coral Reefs*, 31(2), 383–388. <https://doi:10.1007/s00338-011-0845-0>
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451-1452

- López, V.M., García, A. & Rodríguez, L. (2007). Sustainable development and corporate performance: A study based on the Dow Jones Sustainability Index. *Journal of Business Ethics*, 75: 285-300. Recuperado (19/08/20) de: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10551-006-9253-8>
- Lovejoy, N. R., Iranpour, M., & Collette, B. B. (2004). Phylogeny and jaw ontogeny of beloniform fishes. *Integrative and Comparative Biology*, 44(5), 366-377. <https://doi.org/10.1093/icb/44.5.366>
- Lunt, D.H., Zhang, D.-X., Szymura, J.M. and Hewlitt, O.M. (1996). The insect cytochrome oxidase I gene: evolutionary patterns and conserved primers for phylogenetic studies. *Insect Molecular Biology*, 5: 153-165. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2583.1996.tb00049.x>
- Maddison, W. P. (1997). Gene trees in species trees. *Systematic Biology*, 46(3), 523-536
- Martín-López, B., González, J.A., Díaz, S., Castro, I., García-Llorente, M. (2007). Biodiversidad y bienestar humano: el papel de la diversidad funcional. *Ecosistemas* 16 (3): 69-80
- Mayordomo, E. (2019). Práctica 1: Introducción a la bioinformática y a la base de datos GenBank y Bold. Universidad de Zaragoza. Recuperado el 22 de diciembre de 2023, de <https://webdiis.unizar.es/asignaturas/Bio/wp-content/uploads/2015/05/200219practica1.pdf>
- McKinley, E., Aller-Rojas, O., Hattam, C., Germond-Duret, C., San Martín, I. V., Hopkins, C. R., ... Potts, T. (2018). Charting the course for a blue economy in Peru: a research agenda. *Environment, Development and Sustainability*. <https://doi:10.1007/s10668-018-0133-z>

- Medina, M., & Walsh, P. J. (2000). Molecular Systematics of the Order Anaspidea Based on Mitochondrial DNA Sequence (12S, 16S, and COI). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 15(1), 41–58. <https://doi:10.1006/mpev.1999.0736>
- Meyer, C. P., & Paulay, G. (2005). DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. *PLOS Biology*, 3(12), e422. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030422>
- Minam. (2014). Estrategia Nacional de Diversidad Biológica al 2021 y su Plan de Acción 2014-2018. Minam. <https://sinia.minam.gob.pe/documentos/estrategia-nacional-diversidad-biologica-2021-plan-accion-2014-2018>
- Mitchell-Olds, T., Willis, J. H., & Goldstein, D. B. (2007). Which evolutionary processes influence natural genetic variation for phenotypic traits? *Nature Reviews Genetics*, 8(11), 845–856. <https://doi:10.1038/nrg2207>
- Mittelbach, G. G., Ballew, N. G., & Kjelson, M. K. (2014). Fish behavioral types and their ecological consequences. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 71(6), 927-944. <https://doi.org/10.1139/cjfas-2013-0558>
- Mora C., Tittensor D.P., Adl S., Simpson A.G.B., Worm B. (2011). How Many Species are there on Earth and in the Ocean?. *PLOS Biology* 9(8): e1001127. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>
- Mora, C., Tittensor, D. P., & Myers, R. A. (2008). The completeness of taxonomic inventories for describing the global diversity and distribution of marine fishes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 275(1631), 149–155. <https://doi:10.1098/rspb.2007.1315>

- Morais, R.A., Bellwood, D.R. (2020). Principles for estimating fish productivity on coral reefs. *Coral Reefs*. <https://doi.org/10.1007/s00338-020-01969-9>
- Moreno-Arias R. (2007). Plasticidad fenotípica: Algunas implicaciones en la conservación de la diversidad. *Asociación Latinoamericana de conservación y manejo de vida silvestre. Boletín* ISSN 2256-5523. Recuperado (10/09/2020) de <https://www.researchgate.net/publication/258344017>
- Mostacero J. (2017). Rol de la biodiversidad: Importancia alimenticia para el desarrollo del Perú [Role Of biodiversity: Importance of food for the development of Peru]. *Revista de Investigaciones de la Universidad Le Cordon Bleu*, 4(1). <https://doi.org/10.36955/RIULCB.2017v4n1.006>
- Muñoz-Sevilla, N. P., & Le Bail, M. (2017). Latin American and Caribbean regional perspective on Ecosystem Based Management (EBM) of Large Marine Ecosystems goods and services. *Environmental Development*, 22, 9–17. <https://doi:10.1016/j.envdev.2017.01.006>
- Neves, J. M. M., Almeida, J. P. F. A., Sturaro, M. J., Fabr e, N. N., Pereira, R. J., & Mott, T. (2020). Deep genetic divergence and paraphyly in cryptic species of Mugil fishes (Actinopterygii: Mugilidae). *Systematics and Biodiversity*, 18(2), 116-128. <https://doi.org/10.1080/14772000.2020.1729892>
- Nielsen, K.S., Marteau, T.M., Bauer, J.M. (2021). Biodiversity conservation as a promising frontier for behavioural science. *Nat Hum Behav* 5, 550–556 <https://doi.org/10.1038/s41562-021-01109-5>
- Nunes, P. A. L. D., & Ghermandi, A. (2013). The Economics of Marine Ecosystems: Reconciling Use and Conservation of Coastal and Marine Systems and the Underlying Natural Capital. *Environmental and Resource Economics*, 56(4), 459–465. <https://doi:10.1007/s10640-013-9732-1>

- Ordinola Zapata, A. (2020). Identificación mediante la técnica de DNA barcode de los peces de manglar de la región Tumbes. 2016 – 2018 [Tesis de doctorado, Universidad Nacional de Tumbes]. Repositorio Untumbes
- Organización de las Naciones Unidas. (2023). Día Internacional de la Diversidad Biológica. Recuperado el 19 de octubre de 2023, de <https://www.un.org/es/observances/biological-diversity-day>
- Orrego, H., & Mendo, J. (2012). Variación interanual de la dieta de la merluza *Merluccius gayi peruanus* (GUITCHENOT) en la costa peruana. *Ecología Aplicada*, 11(2), 7-16
- Paz, A., Gonzalez, M., & Crawford, A. J. (2011). DNA Barcode of Life: An Introduction and Perspective. *Acta Biológica Colombiana*, 16(3), 1-18. <https://doi.org/10.15446/abc.v16n3.14863>
- Pegg, G., Sinclair, B., Briskey, L. y Aspden, W. (2006). Identificación de códigos de barras de ADNmt de larvas de peces en el sur de la Gran Barrera de Coral-Australia. *Scientia Marina*, 70 (T2), 7-12. doi: <http://dx.doi.org/10.3989/scimar.2006.70s27>
- Pereira, L. H., Maia, G. M., Hanner, R., Foresti, F., & Oliveira, C. (2011). DNA barcodes discriminate freshwater fishes from the Paraíba do Sul River Basin, São Paulo, Brazil. *Mitochondrial DNA*, 22(sup1), 71–79. <https://doi:10.3109/19401736.2010.532213>
- Petrossian, G.A., Marteache, N., & Viollaz, J. (2014). Where do “Undocumented” Fish Land? An Empirical Assessment of Port Characteristics for IUU Fishing. *European Journal on Criminal Policy and Research*, 21(3), 337–351. <https://doi:10.1007/s10610-014-9267-1>

- Piñero, D., Caballero-Mellado, J., Cabrera-Toledo, D., Canteros, C., Casas, A., Castañeda, S., Nitxin A., & Castillo, A. & Cerritos, R. & Chassin-Noria, O., Colunga-García M. P., Díaz-Jaimes, P., Eguiarte, L., Escalante, A., Espinoza, B., Fleury, A., Flores-Ramírez, S., Fragoso, G., Gonzalez A., Zúñiga, G. et al (2008). La diversidad genética como instrumento para la conservación y el aprovechamiento de la biodiversidad: estudios en especies mexicanas. In book: Capital Natural de México Edition: Vol. I: Conocimiento actual de la Biodiversidad 437-494 pp Publisher CONABIO Recuperado 20/09/2020 de <https://www.researchgate.net/publication/259578593>
- Piper A. (2021). An R package for retrieving and curating public DNA barcode reference data. R package version 0.1. <https://alexpiper.github.io/taxreturn>
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., & Achaz, G. (2011). ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation: ABGD, AUTOMATIC BARCODE GAP DISCOVERY. *Molecular Ecology*, 21(8), 1864-1877. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x>
- Puncher, G.N., Alemany, F., Arrizabalaga, H., Cariani, A., & Tinti, F. (2015). Misidentification of bluefin tuna larvae: a call for caution and taxonomic reform. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 25(3), 485–502. <https://doi:10.1007/s11160-015-9390-1>
- Purvis, B., Mao, Y. & Robinson, D. (2019). Tres pilares de la sostenibilidad: en busca de orígenes conceptuales. *Sustain Sci* 14, 681–695. <https://doi.org/10.1007/s11625-018-0627-5>
- Ratnasingham S. & Hebert P.D. (2007) BOLD: El código de barras del sistema de datos de vida (www.barcodinglife.org). *Mol Ecol Notas* 7: 355–364

- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2013). A DNA-based registry for all animal species: the barcode index number (BIN) system. *PloS one*, 8(7), e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BARCODING: bold: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7(3), 355–364. <https://doi:10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>
- Ribeiro, A. O., Caires, R.A., Mariguela, T.C., Pereira, L.H.G., Hanner, R. & Oliveira, C. (2012). DNA barcodes identify marine fishes of São Paulo State, Brazil, *Molecular Ecology Resources*, 12: 1012–1020. <https://doi:10.1111/1755-0998.12007>
- Richardson, D.E., Hare, J.A., Overholtz, W.J., & Johnson, D.L. (2009). Development of long-term larval indices for Atlantic herring (*Clupea harengus*) on the northeast US continental shelf. *ICES Journal of Marine Science*, 67(4), 617–627. <https://doi:10.1093/icesjms/fsp276>.
- Robison, B. H. (2009). Conservation of Deep Pelagic Biodiversity. *Conservation Biology*, 23(4), 847–858. <https://doi:10.1111/j.1523-1739.2009.01219.x>
- Rodríguez Filho, L.F. da S., Feitosa, L.M., Silva Nunes, J.L., Onodera Palmeira, A.R., Martins, A.P.B., Giarrizzo, T., Carvalho-Costa, L.F., Pinheiro, I.L.M., Gemaque, R., Gomes, F., Furtado R.C.S., Sampaio, I., de Luna, J.B.S. (2020). Molecular identification of ray species traded along the Brazilian Amazon coast. *Fisheries Research*, 223, 105407. <https://doi:10.1016/j.fishres.2019.105407>
- Rodríguez, L. O., & Young, K. R. (2000). Biological Diversity of Peru: Determining Priority Areas for Conservation. *AMBIO: A Journal of the Human*

- Environment, 29(6), 329–337. <https://doi:10.1579/0044-7447-29.6.32>Wilson, E. O. (1985). The biological diversity crisis. *BioScience* 35:700–706.
- Rubinoff, D., Cameron, S., & Will, K. (2006). A Genomic Perspective on the Shortcomings of Mitochondrial DNA for “Barcoding” Identification. *Journal of Heredity*, 97(6), 581–594. doi:10.1093/jhered/esl036
- Rubinoff, D., Cameron, S., & Will, K. (2006). A Genomic Perspective on the Shortcomings of Mitochondrial DNA for “Barcoding” Identification. *Journal of Heredity*, 97(6), 581–594. <https://doi:10.1093/jhered/esl036>
- Ruiz, V. (2013). Peces: Generalidades sobre su biología y clasificación. Recuperado (03/09/20) de: <http://biblio3.url.edu.gt/Publi/Libros/2013/BioMarina/09.pdf>.
- Samoilys, M.A., Carlos, G. (2000). Determining Methods of Underwater Visual Census for Estimating the Abundance of Coral Reef Fishes. *Environmental Biology of Fishes* 57, 289–304. <https://doi.org/10.1023/A:1007679109359>
- Saraste, M., Metso, T., Nakari, T., Jalli, T., Lauraeus, M. & Van Der Oost, J. (1991), The *Bacillus subtilis* cytochrome-c oxidase. *European Journal of Biochemistry*, 195: 517-525. <https://doi.org/10.1111/j.1432-1033.1991.tb15732.x>
- Shih, C. H., Haung, H. L., Chu, T. J., Lee, Y. C., Wang, C. M., and Tzeng, T. D. (2011). Genetic diversity and historical demography of kuruma shrimp (*Penaeus japonicus*) species complex off China based on mitochondrial DNA analysis. *African Journal of Biotechnology* 10, 1065–1072. <https://doi:10.5897/AJB10.758>
- Siccha-Ramirez, R., Menezes, N. A., Nirchio, M., Foresti, F., & Oliveira, C. (2014). Molecular identification of mullet species of the Atlantic South Caribbean and

- South America and the phylogeographic analysis of mugil liza. *Reviews in Fisheries Science and Aquaculture*, 22(1), 86-96
- Silva Segundo, C. A. (2011). Estatus taxonómico y estructura genética poblacional del género *Merluccius* en el Pacífico Nororiental y Central, mediante la aplicación de marcadores mitocondriales y nucleares [Tesis de doctorado, Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.]. Repositorio Institucional de CIBNOR. <http://hdl.handle.net/1001/344>
- Small, C., & Cohen, J. E. (2004). Continental Physiography, Climate, and the Global Distribution of Human Population. *Current Anthropology*, 45(2), 269–277. <https://doi:10.1086/382255>
- Smith, P. J. (1994). Genetic diversity of marine fisheries resources: possible impacts of fishing. *FAO Fisheries Technical Paper*, (344), 531
- Tarazona, J., Gutierrez, D., Paredes, C. & Indacochea A. (2003). Overview and challenges of Marine Biodiversity. *Reserc in Perú. Gayana* 67 (2): 206-231. <https://doi.org/10.4067/S0717-65382003000200009>
- Teh, L. C. L., & Sumaila, U. R. (2011). Contribution of marine fisheries to worldwide employment. *Fish and Fisheries*, 14(1), 77–88. <https://doi:10.1111/j.1467-2979.2011.00450.x>
- Teletchea F. (2009). Molecular identification methods of fish species: reassessment and possible applications. *Rev Fish Biol Fisheries* 19:265–293 <https://doi10.1007/s11160-009-9107-4>
- Teletchea, F. (2010). After 7 years and 1000 citations: Comparative assessment of the DNA barcoding and the DNA taxonomy proposals for taxonomists and non-taxonomists. *Mitochondr. DNA*, (21) 206-226.

- Tilman D, Forest I., Cowles J. M. (2014). Biodiversity and ecosystem functioning. *Revisión anual de ecología, evolución y sistemática* 2014 45: 1, 471-493
<https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-120213-091917>
- Underwood, A. J., Chapman, M. G., & Crowe, T. P. (2004). Identifying and understanding ecological preferences for habitat or prey. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 300(1-2), 161-186.
<https://doi.org/10.1016/j.jembe.2003.12.006>
- University of Michigan Museum of Zoology. (n.d.). Animal Diversity Web. Recuperado el 24 de octubre de 2023, de <http://animaldiversity.ummz.umich.edu>
- Valdez-Moreno, M., Ivanova, N.V., Elías-Gutiérrez, M., Contreras-Balderas, S. and Hebert, P.D.N. (2009), Probing diversity in freshwater fishes from Mexico and Guatemala with DNA barcodes. *Journal of Fish Biology*, 74: 377-402.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2008.02077.x>
- Valentini, A., Pompanon, F., & Taberlet, P. (2009). DNA barcoding for ecologists. *Trends in Ecology & Evolution*, 24(2), 110–117.
<https://doi:10.1016/j.tree.2008.09.011>
- Velez-Zuazo, X., Alfaro-Shigueto, J., Mangel, J., Papa, R., & Agnarsson, I. (2015). What barcode sequencing reveals about the shark fishery in Peru. *Fisheries Research*, 161, 34–41. <https://doi:10.1016/j.fishres.2014.06.005>
- Vildoso B, A., Vélez, J., Chirichigno Fonseca, N., & Chirinos de Vildoso, A. (1999). Diversidad de los peces marinos del Perú. *Boletín Instituto el Mar el Perú*, 18(1-2), 49–76. Recuperado a partir de <https://revistas.imarpe.gob.pe/index.php/boletin/article/view/170>

- Villéger, S., Brosse, S., Mouchet, M. (2017). Functional ecology of fish: current approaches and future challenges. *Aquat Sci* 79, 783–801 (2017).
<https://doi.org/10.1007/s00027-017-0546-z>
- Wainwright, P. C., Santini, F., Bellwood, D. R., Robertson, D. R., Rocha, L. A., & Alfaro, M. E. (2018). Phylogenetics and geography of speciation in New World *Halichoeres* wrasses. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 121, 35–45.
- Ward, R. D. (2009). DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes. *Molecular Ecology Resources*, 9(4), 1077–1085.
<https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02541.x>
- Ward, R. D., Hanner, R., & Hebert, P. D. (2009). The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal of fish biology* 74(2), 329–356.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2008.02080.x>
- Ward, R.D. (2012). FISH-BOL, A Case Study for DNA Barcodes. *Methods in Molecular Biology*TM, 423–439. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-591-6_21
- Ward, R.D., Zemlak, T.S., Innes, B.H., Last, P.R., and Hebert, P.D.N. (2005). DNA barcoding Australia' fish species. *Phil Trans R Soc Lond B* 360: 1847–1857.
- Weaver, D. C., & Rocha, L. A. (2007). A new species of *Halichoeres* (Teleostei: Labridae) from the Western Gulf of Mexico. *Copeia*, 2007(4), 798–807.
[https://doi.org/10.1643/0045-8511\(2007\)7\[798:ANSOHT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1643/0045-8511(2007)7[798:ANSOHT]2.0.CO;2)
- White, W.T., & Last, P.R. (2012). A review of the taxonomy of chondrichthyan fishes: a modern perspective. *Journal of Fish Biology*, 80(5), 901–917.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2011.03192.x>
- Wilson, E. O. (1985). The Biological Diversity Crisis. *BioScience*, 35(11), 700–706.
<https://doi.org/10.2307/1310051>

- Williams, J. (2001). Biodiversity Theme Report, Australia State of the Environment Report 2001 (Theme Report). The Meaning, Significance and Implications of Biodiversity, Megadiverse countries. Recuperado (19/08/2021) de: <http://www.environment.gov.au/soe/2001/publications/themereports/biodiversity/index.html>
- Wolf, M.A., Sciuto, K.; Andreoli, C., Moro, I. (2012). *Ulva* (Chlorophyta, Ulvales) Biodiversity in the North Adriatic Sea (Mediterranean, Italy): Cryptic Species and New Introductions. *Journal of Phycology*, 48(6), 1510–1521. <https://doi:10.1111/jpy.12005>.
- Wong, E.H.-K., & Hanner, R.H. (2008). DNA barcoding detects market substitution in North American seafood. *Food Research International*, 41(8), 828–837. <https://doi:10.1016/j.foodres.2008.07.005>
- World Bank. (2017). *The Sunken Billions Revisited: Progress and Challenges in Global Marine Fisheries*. Washington, DC: World Bank.
- Worm, B., Sandow, M., Oschlies, A., Lotze, H. K. & Myers, R. (2005). Global patterns of predators diversity in the open oceans. *Science* 309, 1365–1369. <https://doi:10.1126/science.1113399>
- WoRMS Editorial Board (2022). *World Register of Marine Species*. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2022-11-15. <https://doi:10.14284/170>
- Young, J., & Lankester, K. (2013). Catch shares in action: Peruvian Anchoveta Northern-Central Stock Individual vessel quota program. Environmental Defense Fund. <http://www.ifo.net/node/527>. Acceso en 15/04/2019
- Yuan, Y., Li, Q., Yu, H., & Kong, L. (2012). The Complete Mitochondrial Genomes of Six Heterodont Bivalves (Tellinoidea and Solenoidea): Variable Gene

Arrangements and Phylogenetic Implications. PLoS ONE, 7(2), e32353.

<https://doi:10.1371/journal.pone.0032353>

Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., & Stamatakis, A. (2013). A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22), 2869-2876.

Zou, S., Li, Q., & Kong, L. (2012). Monophyly, Distance and Character-Based Multigene Barcoding Reveal Extraordinary Cryptic Diversity in *Nassarius*: A Complex and Dangerous Community. PLoS ONE 7(10): e47276. <https://doi:10.1371/journal.pone.0047276>