



"El saber de mis hijos
hará mi grandeza"



UNIVERSIDAD DE SONORA

DEPARTAMENTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TECNOLÓGICAS
POSGRADO EN BIOCIENCIAS

Evaluación de los patrones de hibridación y posible introgresión genética en el bagre Yaqui, *Ictalurus pricei* (Rutter, 1896) (Teleostei: Ictaluridae) en el Noroeste de México

Presenta: Alexandre Gutiérrez Barragán

Director: Dr. Alejandro Varela Romero

Co-Director: Dr. Francisco Javier García De León

Resumen

El bagre Yaqui *Ictalurus pricei* es una especie nativa del Noroeste de México y Suroeste de los Estados Unidos en peligro de extinción. Registros previos reportan que la hibridación con el bagre de canal exótico *Ictalurus punctatus* podría causar la extinción del bagre Yaqui. El objetivo del presente trabajo es determinar los patrones de hibridación y posible introgresión genética en el bagre Yaqui en el Noroeste de México. Previamente se amplificaron por PCR y analizaron los genes mitocondriales *Cytb* y *COXI* y los nucleares *RAG1* y *RAG2*, lo que permitió detectar hibridación en Arroyo Cajón Bonito y Río Tutuaca, cuenca del Río Yaqui y en Río Batopilas, cuenca del Río Fuerte y, recientemente, se identificaron híbridos también en el Río Urique, cuenca del Río Fuerte. Además, se están analizando 23 genomas completos de muestras de bagre del Arroyo Cajón Bonito, para determinar evidencias de introgresión genética entre las especies. Estas secuencias se limpiaron y filtraron para mejorar su calidad, se alinearon empleando un genoma de referencia de bagre de canal y se buscaron polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs). Se obtuvieron 9.5 millones de SNPs distribuidos a lo largo del genoma, que serán empleados para analizar patrones de introgresión genética.

Abstract

The Yaqui catfish *Ictalurus pricei* is a native species endangered to northwestern Mexico and southwestern United States. Previous records report that hybridization with the exotic channel catfish *I. punctatus* could cause the Yaqui catfish extinction. The main goal of this work is to determine the Yaqui catfish hybridization and possible genetic introgression patterns in Northwest Mexico. Previously, the mitochondrial *Cytb* and *COXI* and the nuclear *RAG1* and *RAG2* genes were PCR amplified and analyzed, which allow to detect hybridization at Arroyo Cajón Bonito and Río Tutuaca, in the Río Yaqui basin, and at Río Batopilas, in the Río Fuerte basin, and, recently, hybrids were also identified at Río Urique, in the Río Fuerte basin. Further, we are analyzing 23 catfish whole genomes from Arroyo Cajón Bonito to determine evidence of genetic introgression between the species. These sequences were cleaned and filtered to improve their quality, aligned using a channel catfish reference genome, and analyzed to obtain single nucleotide polymorphisms (SNPs). Over 9.5 million SNPs were obtained distributed throughout the entire genome, which will be used to analyze patterns of genetic introgression.