



"El saber de mis hijos
hará mi grandeza"



UNIVERSIDAD DE SONORA

DEPARTAMENTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TECNOLÓGICAS
POSGRADO EN BIOCIENCIAS

Variabilidad genética del pupo mexicano (*Agosia n sp*) en el noroeste de México

Presenta: Asael Alberto Grijalva Grijalva

Director: Dr. Alejandro Varela Romero

Resumen

El pupo mexicano *Agosia n sp* es un pez ciprínido críptico en proceso de descripción, nativo al noroeste mexicano y suroeste estadounidense, presente en las cuencas de los ríos Sonora, Yaqui, Mayo, Fuerte y Sinaloa, en México. Esta especie fue confundida con *Agosia chrysogaster*, considerada como Amenazada en la NOM-059-2010, pero *Agosia n sp* no está incluida en la NOM ni cuenta con categoría de riesgo. El objetivo de este proyecto es determinar la afinidad filogenética, identidad específica y la variabilidad genética de las poblaciones de *Agosia n sp*. Se analizará la variación en los genes mitocondriales *Cytb*, *COXI*, *ND2* y el nuclear *RAG1* en toda su distribución conocida en México. Se recolectarán ejemplares para obtención de tejidos y extracción de ADN. Se amplificarán los genes por PCR y se secuenciarán en MacroGen. Las secuencias de *Cytb* y *RAG1* serán para el análisis filogenético; el código de barras de ADN para determinar la identidad específica se realizará con el gen *COXI*; para análisis de la variabilidad genética se usará el gen *ND2*. Se espera que las poblaciones de *Agosia n sp* revelen su afinidad filogenética, una identidad específica propia y una variabilidad genética característica específica, útiles para su conservación.

The Mexican longfin dace *Agosia n sp* is a cryptic cyprinid fish in the process of being described, native to the northwestern Mexico and southwestern United States, found in the river basins of Sonora, Yaqui, Mayo, Fuerte, and Sinaloa in Mexico. This species was previously confused with *Agosia chrysogaster*, which is considered endangered in NOM-059-2010. However, *Agosia n sp* is not included in the NOM and does not have a risk category. The aim of this project is to determine the phylogenetic affinity, specific identity, and genetic variability of *Agosia n sp* populations. Variation in the mitochondrial genes *Cytb*, *COXI*, *ND2*, and the nuclear gene *RAG1* will be analyzed throughout its known distribution in Mexico. Specimens will be collected for tissue and DNA extraction. The genes will be amplified through PCR and sequenced at MacroGen. *Cytb* and *RAG1* sequences will be used for phylogenetic analysis; the DNA barcode for specific identity determination will be done with the *COXI* gene; and the *ND2* gene will be used for genetic variability analysis. It is expected that *Agosia n sp* populations will reveal their phylogenetic affinity, a distinct specific identity, and specific characteristic genetic variability, which will be valuable for their conservation.