

Capítulo 26

Genética poblacional del mejillón *Mytilus californianus* en Baja California, México

Ana Paulina Pérez Salido

Alicia Abadía Cardoso

Yolanda Schramm Urrutia

Karina Yaneth Cerda Balcazar

Rodrigo Beas Luna

<https://doi.org/10.61728/AE20255404>



El mejillón californiano (*Mytilus californianus*) es una especie intermareal que se extiende desde Alaska, EE.UU., hasta Baja California, México. Estudios previos indican que su población es genéticamente homogénea debido a su fase larvaria y alto potencial de dispersión. Sin embargo, los cambios climáticos recientes en la costa del Pacífico de Baja California han generado preocupaciones sobre mortalidad, distribución y variabilidad genética, particularmente en los límites de su distribución. Este recurso es vital para las comunidades pesqueras locales, que buscan mantener su abundancia frente a estas condiciones, en concordancia con iniciativas internacionales que promueven la seguridad alimentaria y el uso sostenible de los ecosistemas marinos. En este estudio evaluamos la diversidad genética de *M. californianus* en siete localidades de Baja California, utilizando el gen mitocondrial citocromo c oxidasa subunidad 1. Se analizaron 169 individuos y se amplificó un fragmento de 553 pb. Los resultados mostraron homogeneidad genética, sin estructura significativa entre localidades (AMOVA y valores de Φ_{ST} bajos y no significativos). Además, se observó alta diversidad haplotípica ($H_d = 0.837-0.997$) y baja diversidad nucleotídica ($\pi = 0.003-0.008$). Estos hallazgos indican alta conectividad y sugieren que la diversidad genética de *M. californianus* no ha sido afectada significativamente por los recientes cambios ambientales en la región, lo que podría contribuir a su resiliencia y a su aprovechamiento sostenible, apoyando así metas de conservación y bienestar comunitario establecidas en la Agenda 2030.

Generalidades de *Mytilus californianus*

El mejillón californiano, *Mytilus californianus* (Conrad, 1837), es un molusco bivalvo que habita en el intermareal rocoso del Pacífico Nororiental, desde Alaska, EE.UU., hasta la península de Baja California, México (Sagarin y Gaines, 2002). Esta especie ocupa un papel central en la red trófica intermareal al conectar productores primarios con consumidores como estrellas de mar y aves marinas (Blanchette y Gaines, 2007). Además, las camas del mejillón californiano en el intermareal rocoso son hábitat para un conjunto complejo y diverso de más de 300 especies que viven entre las hendiduras de sus conchas (Suchanek, 1981; Suchanek, 1992).

Sin embargo, los recientes cambios ambientales en la región del Pacífico nororiental han generado preocupación sobre su vulnerabilidad ecológica, especialmente en los límites de su distribución.

Además de su importancia ecológica, *M. californianus* representa un recurso de valor socioeconómico para las comunidades costeras de Baja California, que dependen en parte de su aprovechamiento para alimentación e ingresos. Frente a escenarios de cambio climático, estas comunidades requieren información científica que les permita adaptar sus estrategias de manejo y conservación. En este contexto, el presente estudio no solo contribuye al conocimiento de la estructura genética de la especie en Baja California, sino que también se alinea con múltiples Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) de la Agenda 2030. Especialmente, responde a los ODS 14 (Vida marina submarina) y 15 (Vida de ecosistemas terrestres), ya que las poblaciones de *M. californianus* habitan zonas de transición ecológica altamente biodiversa y productiva. Además, este trabajo apoya los ODS 1 (Fin de la pobreza) y 2 (Hambre cero), al generar herramientas para el manejo sustentable de recursos costeros. Así, al integrar técnicas de genética molecular en el estudio del recurso natural *M. californianus*, este estudio sienta las bases para diseñar estrategias de conservación y gestión que refuercen la resiliencia ecológica y social en Baja California.

En México, *M. californianus* es ecológica y económicamente relevante. Su presencia en el intermareal es un indicador clave de la salud del ecosistema (Peña-Mejía, 2011). Actualmente, las comunidades intermareales son importantes para las pesquerías locales, incluyendo especies como el erizo morado (*Strongylocentrotus purpuratus*), la langosta roja (*Panulirus interruptus*) y el abulón (*Haliotis*) (INP, 2016; Peña-Mejía, 2011). El mejillón californiano ha sido consumido por humanos durante miles de años (Téllez-Duarte, 1987) y sigue siendo una fuente importante de alimento y recurso pesquero en Baja California.

Aunque la pesquería de *M. californianus* ha crecido desde 1962 y se desarrolla como una actividad sustentable, carece de planes o estrategias de manejo dentro de un marco legal (INP, 2006). Esto plantea un desafío para su conservación y aprovechamiento a largo plazo, considerando su importancia para el equilibrio ecológico y la economía local.

Los ciclos reproductivos de *Mytilus spp.* varían latitudinalmente, siendo más tempranos en aguas cálidas del sur y más tardíos en aguas templadas a

frías del norte (Seed y Suchanek, 1992). Su estrategia reproductiva consiste en liberar pequeñas cantidades de gametos de forma continua durante el año (Suchanek, 1981). Factores ecológicos como la temperatura y el suministro de alimento influyen sinérgicamente en su reproducción, generando variaciones estacionales en los ciclos reproductivos (Seed y Suchanek, 1992).

El tamaño de los mejillones depende principalmente de su posición en el intermareal, ya que se ve afectado por la disponibilidad de alimento, la depredación, la competencia y la exposición a las mareas (Suchanek, 1981). La altura de la marea y el acceso a nutrientes también determinan el crecimiento del mejillón, así como su esfuerzo reproductivo, definido como la proporción de energía destinada a la reproducción (Coe y Fox, 1942; Suchanek, 1981; Seed & Suchanek, 1992).

Aunque no se han estudiado específicamente los ciclos de vida y reproducción de *M. californianus*, comparte similitudes con *M. edulis*, con ligeras diferencias en el desarrollo de la bisagra (Seed y Suchanek, 1992; Bartlett, 1972). Su fase larval dura entre tres y cinco semanas, sin incluir la metamorfosis y el asentamiento (Wang y Widdows, 1991; Filgueira et al., 2015).

Características del ADN mitocondrial en *Mytilus californianus*

Los organismos del orden Mytiloida presentan un linaje biparental de ADN mitocondrial (mtADN), con un genoma mitocondrial femenino predominante en tejidos somáticos masculinos y femeninos, mientras que en el tejido gonadal masculino domina el genoma mitocondrial masculino (Breton et al., 2007; Passamonti y Ghiselli, 2009; Doucet-Beaupré et al., 2010).

El mtADN animal se empezó a utilizar como marcador molecular en biología evolutiva y poblacional hacia finales del siglo pasado (Avise et al., 1987). Su herencia materna y la ausencia de recombinación lo convierten en una herramienta clave para estudiar eventos recientes como colonización, introgresión o cuellos de botella poblacionales (Wilson et al., 1985). Además, ha permitido avances en el conocimiento de la estructura poblacional, biogeografía y filogenia (Harrison, 1989).

El gen citocromo c oxidasa subunidad 1 (COI), altamente conservado en el genoma mitocondrial animal, facilita el análisis de procesos evolutivos recientes (Brown, 1985; Folmer et al., 1994; Geller et al., 2013). COI es reconocido como el marcador molecular estándar en la clasificación de especies, gracias a su fuerte señal filogenética (Hebert et al., 2003; Strüder-Kypke y Lynn, 2010; Souza et al., 2016; Rodrigues et al., 2017) y su capacidad para identificar y descubrir nuevas especies (Moritz y Cicero, 2004; Souza et al., 2016). Con unos 640 nucleótidos, este gen es esencial en estudios de variación genética y biodiversidad (Folmer et al., 1994).

Genética poblacional del mejillón de California

La genética poblacional estudia la composición genética de las comunidades biológicas y las modificaciones causadas por mutación, selección natural, deriva génica y flujo genético (Conner y Hartl, 2004). Este enfoque permite desarrollar modelos y estadísticas para analizar la variabilidad genética entre y dentro de poblaciones.

Estudios genéticos en el norte de la distribución de *M. californianus* han mostrado alta variabilidad genética y homogeneidad entre localidades, lo que indica que forman una metapoblación (Addison et al., 2008). Dos factores explican esta homogeneidad: su capacidad de dispersión gracias a una etapa larvaria extensa y la ausencia de un gradiente selectivo en su distribución (Addison et al., 2008). Sin embargo, en los límites de distribución de una especie, como en Baja California, se espera menor diversidad genética y mayor estructura poblacional debido a agrupaciones más pequeñas, mayor aislamiento y adaptación local.

Las costas de Baja California han experimentado cambios climáticos en los últimos 15 años, incluyendo tormentas, hipoxia y olas de calor, lo que ha provocado altas tasas de mortalidad y alteraciones en la abundancia y distribución de *M. californianus*. En este trabajo, se evalúa la diversidad genética de *M. californianus* en siete localidades de Baja California y su estructura genética. Los resultados ayudarán a determinar si estas localidades presentan menor diversidad genética y mayor estructura en comparación con los sitios del norte.

Área de estudio

El estudio abarcó siete localidades en Baja California, México, dentro de la distribución de *M. californianus*. Las localidades de norte a sur, fueron: Playa Encantada (PE), El Zeppelin (ZEP), Punta Clara (PC), Punta Baja (PB), Punta San Carlos (PSC), Faro San José (FSJ) y Punta Lobos (PL) (Figura 1).

La región estudiada está influenciada por la Corriente de California (CC), una corriente superficial que fluye desde Alaska hacia Baja California. La CC transporta agua fría, nutrientes, CO_2 y altas concentraciones de oxígeno disuelto (Christian y Ono, 2018). Además, esta corriente regula la circulación marina en el noroeste de México y facilita la distribución de nutrientes, fitoplancton, zooplancton y larvas de especies marinas a lo largo de las costas de California y Baja California.

Figura 1. Localidades de muestreo de *Mytilus californianus* en la península de Baja California, México. De norte a sur: Playa Encantada, El Zeppelin, Punta Clara, Punta Baja, Punta San Carlos, Faro San José, y Punta Lobos.



Metodología

Para las siete localidades, se recolectaron entre 30 y 36 mejillones adultos al azar, obteniendo un total de 221 mejillones. Se llevó a cabo una disección en el laboratorio para extraer tejidos del manto y/o la branquia. La extracción de ADN y digestión de todas las muestras de tejido (0.020 gr para cada muestra) se llevó a cabo utilizando el kit DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN ®) siguiendo los pasos y reactivos proporcionados, con única modificación a la digestión (5 horas a 56°C).

Se amplificaron fragmentos de aproximadamente 600 pares de base (bp) del gen Citocromo Oxidasa subunidad 1 (COI) del ADN mitocondrial, utilizando los cebadores universales para invertebrados marinos de Geller et al. (2013). La reacción de PCR se realizó en un volumen total de 20 µL. La secuenciación de los fragmentos se realizó en laboratorios especializados (MCLab, San Francisco y Eton Bioscience, San Diego). Las secuencias obtenidas se limpiaron y alinearon forward y reverse de cada individuo utilizando el programa Geneious 10 (<https://www.geneious.com>). Todas las secuencias se cortaron a una misma longitud de 553 bp, obteniendo un total de 169 secuencias para el análisis genético.

La identificación de haplotipos se hizo con los softwares de R v4.1.1. (R Core Team, 2021) y Arlequin 3.5 (Excoffier y Lischer, 2010), para calcular las frecuencias haplotípicas y los haplotipos únicos para cada localidad. Con el software de genética poblacional PopART (Population Analysis with Reticulate Trees; Bandelt et al., 1999) se generó una red de haplotipos para visualizar las relaciones genéticas entre individuos. Además, se evaluó la variación genética a partir de valores de diversidad haplotípica (H_d) y nucleotídica (π). El estadístico de D de Tajima se calculó con el programa Arlequin 3.5 (Excoffier & Lischer, 2010) para estimar la hipótesis nula de neutralidad de mutación en el ADN (Tajima, 1989). Para evaluar la estructura poblacional, se realizó un análisis multivariado molecular (AMOVA) y comparaciones pareadas del índice de fijación Φ (Φ_{ST}). El nivel de significancia se juzgó en un valor de 0.05, de tal manera que, bajo la hipótesis nula de panmixia, se considera que la población presenta estructura genética con valores de $p < 0.05$.

Resultados

1. Identificación de haplotipos

Se recolectaron 221 muestras para el estudio, de las cuales se obtuvieron 169 secuencias del gen mitocondrial COI, encontrándose 96 haplotipos con 197 sitios segregantes, incluidos 87 haplotipos únicos en las siete localidades de Baja California. Los haplotipos más frecuentes fueron el “XVI” y “II”, presentes en 32 y 17 individuos, respectivamente. La red de haplotipos (Figura 2) muestra una distribución dispersa entre las localidades, sin agrupamientos definidos por sitio, y con varios haplotipos únicos originados a partir de los haplotipos centrales. El haplotipo “XVI” predominó en ZEP (31.25 %) y estuvo presente en menor frecuencia en otras localidades. El haplotipo “II” fue más frecuente en PC (23.53 %) y menos en otras localidades. Se observó una alta presencia de haplotipos únicos en cada localidad, con PL (en el límite sur) mostrando un 65 % de haplotipos únicos, y PSC el mayor porcentaje (81.25 %). Las mutaciones entre haplotipos variaron entre uno y siete (Figura 2).

2. Índices de diversidad y neutralidad

La diversidad haplotípica global de *M. californianus* fue de $H_d = 0.95$ ($sd = 0.0012$). La diversidad nucleotídica global fue de $\pi = 0.006$ ($sd = 0.00001$). La localidad más nortea, PE, presentó la mayor diversidad haplotípica y nucleotídica con $H_d = 0.997$ ($sd = 0.00001$) y $\pi = 0.008$ ($sd = 0.00002$) respectivamente. El valor más pequeño para ambos índices de diversidad se presentó en ZEP ($H_d = 0.8837$, $sd = 0.0048$ y $\pi = 0.003$, $sd = 0.0$). Los resultados de la D de Tajima para todos los casos fueron negativos y significativos ($p < 0.05$) (Tabla I).

Figura 2. Red de expansión mínima para las siete localidades de *M. californianus* en Baja California, México con base en el gen mitocondrial citocromo *c* oxidasa I (COI). Los colores representan las diferentes localidades: azul (PE), amarillo (ZEP), rojo (PB), verde claro (PC), verde oscuro (PSC), morado (FSJ) y negro (PL). Cada círculo representa un haplotipo distinto y el tamaño representa la frecuencia de cada uno. A mayor tamaño, mayor frecuencia de ese haplotipo. Las líneas transversales muestran el número de sitios variables entre cada par de haplotipos

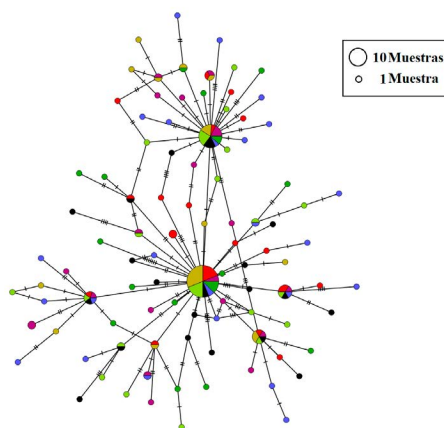


Tabla 1. Índices de diversidad genética y neutralidad con base en el gen mitocondrial citocromo *c* oxidasa subunidad 1 (COI) para cada una de las localidades de *M. californianus* de Baja California, México

Localidad	N	n	Hu	Hd	π	Tajima's D	
						D	p
PE	25	24	18	0.997 ± 0.0001	0.008 ± 0.00002	-2.25356	0.001
ZEP	25	13	7	0.837 ± 0.0048	0.003 ± 0.00000	-1.66985	0.003
PC	28	20	12	0.944 ± 0.0009	0.005 ± 0.00001	-2.07832	0.002
PB	25	18	10	0.943 ± 0.0012	0.005 ± 0.00001	-2.14306	0.004
PSC	20	16	13	0.963 ± 0.0009	0.008 ± 0.00002	-2.20565	0.002
FSJ	23	19	10	0.980 ± 0.0003	0.006 ± 0.00001	-1.95785	0.009
PL	23	20	13	0.984 ± 0.0003	0.007 ± 0.00002	-2.26083	0.003
Total				0.950 ± 0.0012	0.006 ± 0.00001	-2.08130	0.003

N = número de muestras; n = número de haplotipos; Hu= haplotipos únicos Hd = diversidad haplotípica; π = diversidad nucleotídica; D = Tajima's D; p = (D simul < D obs); PE = Playa Encantada; ZEP = El Zeppelin; PC = Punta Clara; PB = Punta Banda; PSC = Punta San Carlos; FSJ = Faro San José; PL = Punta Lobos.

3. Estructura poblacional

Los resultados del AMOVA muestran que no hay diferencias genéticas significativas entre las localidades estudiadas (% variabilidad = -0.08) y la variación genética se encuentra dentro de las localidades (% variabilidad = 100.08). Por otro lado, el índice de fijación global indicó nula diferenciación genética entre sitios, es decir, no existe estructura genética entre las siete localidades ($F_{ST} = -0.00084$; $p = 0.57$).

El estimador Φ_{ST} pareado mostró valores bajos entre pares de localidades de *M. californianus* y no se observó estructura genética, ya que no hay diferencias significativas entre ellas ($p < 0.005$; Tabla II). La comparación entre PL y FSJ presentó el valor más alto ($\Phi_{ST} = 0.009$; $p = 0.13$), mientras que entre PB y ZEP se obtuvo el valor más bajo ($\Phi_{ST} = 0.002$; $p = 0.40$). Un total de 14 de 21 comparaciones pareadas presentaron valores de cero (Tabla II).

Tabla 2. Resultados de Φ_{ST} en comparaciones pareadas entre las siete localidades (arriba de la diagonal) y sus p -valores (abajo de la diagonal) con base en el gen mitocondrial citocromo c oxidasa subunidad I (COI).

	PE	ZEP	PC	PB	PSC	FSJ	PL
PE	-	0	0	0	0	0	0
ZEP	0.73	-	0	0.002	0.006	0	0.007
PC	0.81	0.49	-	0.007	0	0	0
PB	0.42	0.40	0.14	-	0	0.007	0
PSC	0.47	0.24	0.44	0.48	-	0.008	0
FSJ	0.86	0.72	0.55	0.26	0.13	-	0.009
PL	0.58	0.19	0.55	0.80	0.43	0.14	-

PE = Playa Encantada; ZEP = El Zeppelin; PC = Punta Clara; PB = Punta Banda; PSC = Punta San Carlos; FSJ = Faro San José; PL = Punta Lobos.

Discusión

Estudios previos sobre la genética de *M. californianus* se han centrado en el norte de su distribución (Levinton y Suchanek, 1978; Engel, 2004; Addison et al., 2008), aunque Addison et al. (2008) incluyeron un sitio de

Baja California. El presente trabajo es el primero en abordar la genética poblacional de la especie en México e incluir el sur de su distribución. Se analizaron 169 individuos de *M. californianus* de siete localidades en Baja California, donde se identificaron 96 haplotipos, de los cuales 83 fueron únicos. Los resultados mostraron una alta diversidad haplotípica (H_d global=0.95), similar a estudios previos en EE. UU. (Ort y Pogson, 2007; Addison et al., 2008), pero una baja diversidad nucleotídica ($\pi = 0.003$ -0.008), lo que es común en otras especies del género *Mytilus* (Ort & Pogson, 2007; Addison et al., 2008; Li et al., 2013; Astorga et al., 2020; Yi et al., 2021).

M. californianus muestra una mayor diversidad genética que otros bivalvos como *Perna viridis* ($H_d = 0.389$ - 0.841; Gilg et al., 2013) y *Crassostrea gigas* ($H_d = 0.1947$ - 0.6526; Li et al., 2015). La baja diversidad nucleotídica en *M. californianus* sugiere un crecimiento reciente en la población, respaldado por los resultados del test de neutralidad de Tajima, que fueron negativos y significativos, lo que indica expansión reciente.

En este estudio se esperaba encontrar una menor diversidad haplotípica en Punta Lobos (PL), el límite sur de distribución de *M. californianus*. Sin embargo, esta localidad mostró altos niveles de diversidad haplotípica ($H_d = 0.984$), el segundo más alto después de Playa Encantada. Este resultado podría deberse a que PL es una zona remota, con acceso terrestre limitado y menor impacto por pesca, lo que implica menos perturbaciones en comparación con localidades más al norte. Además, PL presentó el valor de D de Tajima más negativo entre las siete localidades ($D = -2.26$), lo que sugiere un crecimiento demográfico reciente en esa localidad.

El límite sur de distribución de *M. californianus* está influenciado por factores biogeográficos y ecológicos, especialmente el cambio de temperatura del agua. La Corriente de California (CC) termina en el sur de Baja California y se encuentra con la Corriente Nor Ecuatorial (CNE) en Punta Eugenia, generando una zona de transición. En verano, la CNE transporta agua más cálida (25-28°C) y baja en nutrientes (PNUD-INECC, 2017; Durazo, 2015). Estos cambios son exacerbados por el cambio climático, que ha intensificado fenómenos como el aumento de la temperatura y las ondas de calor marinas, afectando la distribución y supervivencia de organismos como *M. californianus* (Masanja et al., 2023).

Dado que este mejillón es estenotermo (Seed y Suchanek, 1992) y su distribución geográfica está limitada por su tolerancia térmica (Schmidt, 1999), el aumento de temperaturas podría reducir su diversidad genética en el futuro (Smith et al., 2021). Según Masanja et al. (2023), el estrés térmico impacta negativamente el crecimiento y desarrollo de bivalvos, dificultando su supervivencia.

La red de expansión mínima de *M. californianus* en Baja California (Figura 2) revela dos haplotipos comunes (“XVI” y “II”), de los que derivan diversos haplotipos únicos, con diferencias de uno a siete pares de bases, lo que es congruente con los valores bajos de diversidad nucleotídica obtenidos. La estructura de la red sugiere una historia demográfica de cuello de botella seguida de una expansión súbita, sin alcanzar estabilidad, consistente con los valores negativos de *D* de Tajima. Estos resultados coinciden con estudios como el de Marko et al. (2010), quienes investigaron la genética poblacional de invertebrados intermareales en la costa oeste de Norteamérica, y demostraron que la expansión demográfica de *M. californianus* comenzó hace aproximadamente 313 mil años, mucho antes del Último Máximo Glacial (LGM) del Pleistoceno (~20,000 años atrás).

Durante el LGM, las bajas temperaturas limitaron la supervivencia de muchas especies, pero *M. californianus*, incapaz de tolerar temperaturas bajo cero en el intermareal (Seed y Suchanek, 1992), persistió en hábitats submareales en regiones como Columbia Británica y el sureste de Alaska. Su supervivencia también se vio favorecida por la ausencia de la estrella de mar depredadora *Pisaster ochraceus* en la zona intermareal baja (Paine, 1976). Lo anterior redujo la presión ambiental y permitió el crecimiento demográfico de *M. californianus* (Marko et al., 2010). De forma similar, otros invertebrados intermareales, como la estrella de mar *Evasterias troschelii*, muestran una historia demográfica sin una influencia significativa del LGM (Ni et al., 2014).

La falta de estructura poblacional de *M. californianus* está estrechamente ligada a su historia demográfica, lo que coincide con la homogeneidad genética entre las siete localidades estudiadas en Baja California. El análisis AMOVA mostró que la variabilidad genética, reflejada en alta diversidad haplotípica, ocurre dentro de las localidades, pero no entre ellas. Este patrón es característico de invertebrados marinos con largas etapas

larvales que favorecen la dispersión y conectividad entre poblaciones, pese a la posible influencia de barreras biogeográficas que limitan el flujo genético (Burton et al., 1983; Hedgecock y Hay, 1994; Bohonak, 1999). Sin embargo, la ausencia de una estructura genética marcada destaca la capacidad de dispersión larval de esta especie, consistente con estudios previos en organismos similares (Avisé, 1992; Avisé, 2000).

La Corriente de California (CC) desempeña un papel crucial en la homogeneidad genética de *M. californianus* en Baja California. Este sistema oceanográfico dominante, que transporta agua fría, baja en salinidad y rica en nutrientes, se extiende unos 1000 km desde la costa y alcanza profundidades de 200 m, con un flujo promedio de 10 cm/s (Durazo, 2015). La CC facilita el transporte de nutrientes, zooplancton y larvas, promoviendo la conectividad entre poblaciones en las costas del Pacífico de Canadá, Estados Unidos y Baja California (Matthews y Emery, 2009; Durazo, 2015). Este patrón es común en especies con larvas planctónicas, como erizos de mar, cangrejos dungeness y mejillones, cuya alta capacidad de dispersión larval contribuye a la uniformidad genética observada (Palumbi y Wilson, 1990; Nelson y Hedgecock, 1989; Levinton y Suchanek, 1978).

En la región de estudio, dos factores principales contribuyen a la amplia dispersión de *M. californianus*: la costa rectilínea de Baja California, desde la frontera con EE. UU. hasta Punta Eugenia (Strub y James, 2000; Matthews y Emery, 2009), y las condiciones oceanográficas dominadas por la CC, que facilitan el transporte y dispersión larval, además de proporcionar alimento para las larvas (Botsford, 2001).

La ausencia de estructura poblacional en *M. californianus* también se reflejó en la red de expansión mínima, que no mostró clusters ni agrupaciones específicas. Addison et al. (2008) atribuyen esta homogeneidad genética a varios factores de la historia de vida del mejillón: 1) su etapa larvaria prolongada, de 3 a 5 semanas, con una capacidad de dispersión de 20 a 50 km (Becker et al., 2007; Filgueira et al., 2015); 2) su capacidad de desovar durante todo el año, aunque en pequeñas cantidades (Suchanek, 1981); y 3) su longevidad, que puede superar los 50 años, lo que diluye patrones de heterogeneidad a largo plazo (Gosling, 1992). Además, la falta de gradientes selectivos fuertes en su distribución geográfica contribuye a la alta variabilidad genética y homogeneidad observadas (Addison et al., 2008).

Generalmente, en los límites de distribución geográfica se espera encontrar una mayor estructura genética debido a condiciones ecológicas subóptimas. Esto ha sido documentado en especies como *Pisaster ochraceus*, que presenta estructura poblacional entre su límite norte y las zonas de barreras biogeográficas hacia el sur (Marko et al., 2010; Harley et al., 2006). Sin embargo, en Punta Lobos, la localidad más al sur en este estudio, no se detectaron signos de estructura genética, a pesar de su cercanía con la zona de transición entre la CC y la Corriente Norecuatorial (CNE), ni tampoco debido al impacto del cambio climático y el aumento térmico del océano (PNUD-INECC, 2017). Estos resultados destacan la alta conectividad y homogeneidad genética de *M. californianus*, incluso en zonas de transición.

Por otro lado, los resultados obtenidos aquí son consistentes con el trabajo de Carson et al. (2011), enfocado en la evaluación de la conectividad demográfica de *M. californianus* y *M. galloprovincialis* en California. Carson et al. (2011) sostienen que el concepto de metapoblación en organismos marinos, propuesto por Sale et al. (2006), es apropiado para especies de *Mytilus*. La definición de metapoblación marina de Sale et al. (2006) se define como “un sistema en el que (1) las poblaciones locales habitan parches de hábitat discretos y (2) la dispersión entre parches no es tan baja como para negar una conectividad demográfica significativa ni tan alta como para eliminar cualquier independencia de la dinámica de las poblaciones locales, incluyendo un grado de asincronía con otras poblaciones locales”. Los autores elaboraron el concepto de metapoblación marina a partir de especies donde la primera etapa de su historia de vida es pelágica larval, esto por el potencial de dispersión que presentan en la columna de agua, al igual que su importancia en el mantenimiento de la estructura poblacional. Por ello, ante la baja estructura poblacional, la conectividad genética y la alta diversidad haplotípica en las siete subpoblaciones en este trabajo, es posible que *M. californianus* se presente como una metapoblación en su distribución geográfica en la península de Baja California. Si la dinámica poblacional del mejillón californiano se trata de una metapoblación marina, entonces las localidades de mejillón al norte de Punta Lobos actúan como puntos de suministro de larvas, que son transportadas por la CC. El suministro constante a Punta Lobos y su reciente

crecimiento demográfico puede tratarse de una recolonización de la zona, un evento común y característico de una metapoblación (Sale et al., 2006), explicando a su vez la alta diversidad haplotípica presentada.

El mejillón californiano presenta una alta diversidad genética y nula estructura poblacional en Baja California, consistentemente con estudios previos en Estados Unidos y Canadá. Sin embargo, esta homogeneidad podría estar enmascarando indicios marginales de estructura poblacional debido a su elevada diversidad haplotípica (Hedrick, 1999). Se podrían utilizar métodos alternativos para detectar estructura poblacional, como la remoción de mutaciones recientes (Addison et al., 2008); sin embargo, aunque este método logra reducir la diversidad haplotípica, también genera valores más negativos de Φ_{ST} y reduce aún más la estructura poblacional. Una opción más robusta sería el uso del análisis de coalescencia, que aplica modelos genéticos a través de simulaciones para detectar diferencias sutiles (Posada y Crandall, 2001).

En resumen, los resultados obtenidos sugieren que *M. californianus* actúa como una metapoblación en Baja California, donde las localidades norteñas podrían servir como fuentes de larvas transportadas hacia el sur, facilitando la recolonización y explicando la alta diversidad haplotípica. Este patrón es consistente con su historia demográfica, marcada por un evento de cuello de botella seguido de una expansión súbita anterior al Último Máximo Glacial. La alta diversidad genética en el límite sur de distribución de *M. californianus* destaca su resiliencia frente a condiciones subóptimas y cambios ambientales. Sin embargo, esta región requiere mayor investigación para comprender los procesos demográficos y ecológicos detrás de su dinámica poblacional. Dado el impacto creciente del cambio climático, es esencial implementar herramientas moleculares más precisas que permitan un análisis detallado de la estructura genética del mejillón en toda su distribución geográfica, incluyendo sitios en Estados Unidos y Canadá. Este enfoque contribuiría al diseño de estrategias de manejo y conservación eficaces para garantizar su sostenibilidad.

Los resultados de este estudio proporcionan una base útil para orientar estrategias de conservación y manejo del mejillón californiano en la costa de Baja California. La alta conectividad genética observada sugiere que el flujo génico sigue siendo robusto, lo que podría contribuir a la estabilidad

de esta especie frente a los cambios ambientales actuales. Esta información resulta valiosa para diseñar medidas de manejo que aseguren la sostenibilidad del recurso, especialmente en zonas donde su extracción sea relevante para la economía local. Los datos generados pueden ser aprovechados por actores locales e instituciones encargadas de la conservación para desarrollar planes efectivos. Asimismo, este estudio se alinea con los ODS, particularmente con el ODS 14, al aportar conocimiento para el uso sostenible de ecosistemas marinos, y con el ODS 1, al generar herramientas que pueden contribuir a mantener la disponibilidad de un recurso vital para las comunidades costeras. En conjunto, estos hallazgos refuerzan la importancia de integrar evidencia genética en las estrategias de conservación, en especial en especies clave del ecosistema como lo es *M. californianus*, cuya distribución intermareal la convierte en un bioindicador sensible, actor principal en el funcionamiento ecológico y en un recurso valioso para el manejo ecosistémico.

Referencias

- Addison, J. A., Ort, B. S., Mesa, K. A., & Pogson, G. H. (2008). Range-wide genetic homogeneity in the California sea mussel (*Mytilus californianus*): a comparison of allozymes, nuclear DNA markers, and mitochondrial DNA sequences. *Molecular Ecology*, 17, 4222–4232. DOI:10.1111/j.1365-294x.2008.03905.x
- Astorga, M. P., Cardenas, L., Perez, M., Toro, J. E., Martinez, V., Farias, A., & Uriarte, I. (2020). Complex spatial genetic connectivity of mussels *Mytilus chilensis* along the southeastern Pacific coast and its importance for resource management. *Journal of Shellfish Research*, 39(1), 77–87. <https://doi.org/10.2983/035.039.0108M>
- Avice, J. C. (1992). Molecular Population Structure and the Biogeographic History of a Regional Fauna: A Case History with Lessons for Conservation Biology. *Oikos*, 63(1), 62. <https://doi.org/10.2307/3545516>
- Avice, J. C. (2000). *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press. DOI:10.2307/j.ctv1nzhfgj7
- Avice, J. C., Arnold, J. R., Ball, R. C., et al. (1987). Intraspecific Phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge Between Population Genetics

- and Systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18, 489–522. DOI:10.1146/annurev.es.18.110187.002421
- Bandelt, H., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37–48.
- Bartlett, B. R. (1972). *Reproductive ecology of the California sea mussel, Mytilus californianus Conrad* [Tesis de Maestría]. University of the Pacific Theses and Dissertations.
- Becker, B. J., Levin, L. A., Fodrie, F. J., & McMillan, P. A. (2007). Complex larval connectivity patterns among marine invertebrate populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(9), 3267–3272. DOI:10.1073/pnas.0611651104
- Blanchette, C., & Gaines, S. (2007). Distribution, abundance, size and recruitment of the mussel, *Mytilus californianus*, across a major oceanographic and biogeographic boundary at Point Conception, California, USA. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 340(2), 268–279 pp. DOI:10.1016/j.jembe.2006.09.014
- Bohonak, A. J. (1999). Dispersal, gene flow, and population structure. *The Quarterly Review of Biology*, 74(1), 21–45. DOI:10.1086/392950
- Botsford, L. W. (2001). Physical influences on recruitment to California Current invertebrate populations on multiple scales. *ICES Journal of Marine Science*, 58(5), 1081–1091. DOI:10.1006/jmsc.2001.1085
- Breton, S., Beaupré, H. D., Stewart, D. E., et al. (2007). The unusual system of doubly uniparental inheritance of mtDNA: isn't one enough? *Trends in Genetics*, 23(9), 465–474. DOI:10.1016/j.tig.2007.05.011
- Brown, W.M. (1985) *The mitochondrial genome of animals*. In: MacIntyre, R.J. Ed., *Molecular Evolutionary Genetics*, Plenum, New York, 95-130.
- Burton, R. (1983). Protein polymorphisms and genetic differentiation of marine invertebrate populations. *Mar. Biol. Lett.* 4: 193-206. *Marine Biology Letters*, 4, 193–206.
- Carson, H. S., Cook, G. S., López-Duarte, P. C., & Levin, L. A. (2011). Evaluating the importance of demographic connectivity in a marine metapopulation. *Ecology*, 92(10), 1972–1984. DOI:10.1890/11-0488.1
- Christian, J.R., & Ono, T. (2018). Ocean Acidification and Deoxygenation in the North Pacific Ocean. PICES Special Publication. 6. 108 pp.

- Coe, W. R., & Fox, D. L. (1942). Biology of the California sea-mussel (*Mytilus californianus*). I. Influence of temperature, food supply, sex and age on the rate of growth. *The Journal of Experimental Zoology*, 90(1), 1–30 pp. DOI:10.1002/jez.1400900102
- Conner, J. K., & Hartl, D. L. (2004). *A Primer of Ecological Genetics* (1st ed.). Sinauer Associates, 304 pp.
- Doucet-Beaupré, H., Breton, S., Chapman, et al. (2010). Mitochondrial phylogenomics of the Bivalvia (Mollusca): searching for the origin and mitogenomic correlates of doubly uniparental inheritance of mtDNA. *BMC Evolutionary Biology*, 10(50). DOI:10.1186/1471-2148-10-50
- Durazo, R. (2015). Seasonality of the transitional region of the California Current System off Baja California. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 120(2), 1173–1196. DOI:10.1002/2014JC010405
- Engel, J. D. (2004). *Population genetic structure of the california sea mussel, Mytilus californianus: Influence of the Pleistocene, biogeography, and microevolutionary processes* [Tesis Doctorado]. Universidad de California.
- Excoffier, L. and H.E. L. Lischer (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564–567.
- Filgueira, R., Brown, M. E., Comeau, L. A., & Grant, J. E. (2015). Predicting the timing of the pediveliger stage of *Mytilus edulis* based on ocean temperature. *Journal of Molluscan Studies*. DOI:10.1093/mollus/eyu093
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299.
- Geller, J. C., Meyer, C., Parker, M. A., & Hawk, H. (2013). Redesign of PCR primers for mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I for marine invertebrates and application in all-taxa biotic surveys. *Molecular Ecology Resources*, 13(4), 851–861. DOI:10.1111/1755-0998.12138
- Gilg, M. R., Johnson, E. G., Gobin, J., et al. (2013). Population genetics of introduced and native populations of the green mussel, *Perna viridis*: Determining patterns of introduction. *Biological Invasions*, 15(2), 459–472. DOI:10.1007/s10530-012-0301-2

- Gosling, E. (Ed.) (1992). The mussel *Mytilus*: Ecology, physiology, genetics and culture. Developments in Aquaculture and Fisheries Science, 25. Elsevier: Amsterdam. ISBN 0-444-88752-0. XIII, 589 pp.
- Harley, C. D. G., Pankey, M. S., Wares, J. P., et al. (2006). Color Polymorphism and Genetic Structure in the Sea Star *Pisaster ochraceus*. *The Biological Bulletin*, 211(3), 248–262. DOI:10.2307/4134547
- Harrison, R. J. (1989). Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology and Evolution*, 4(1), 6–11. DOI:10.1016/0169-5347(89)90006-2
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321. DOI:10.1098/rspb.2002.2218
- Hedgecock, D., & Hay, B. (1994). TEMPORAL AND SPATIAL GENETIC STRUCTURE OF MARINE ANIMAL POPULATIONS IN THE CALIFORNIA CURRENT. 35.
- Hedrick, P. W. (1999). Perspective: Highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. *Evolution*, 53(2), 313–318. DOI:10.1111/j.1558-5646.1999.tb03767.x
- Instituto Nacional de la Pesca. (2006). *Sustentabilidad y Pesca Responsable en México* (C. O. Cadena, Ed.). INP, SAGARPA 560 pp.
- Levinton, J. S., & Suchanek, T. H. (1978). Geographic Variation, Niche Breadth and Genetic Differentiation at Different Geographic Scales in the Mussels *Mytilus californianus* and *M. edulis*. *Marine Biology*, 49, 363–375
- Li, J., Ye, Y., Wu, C., Qi, P., Guo, B., & Chen, Y. (2013). Genetic variation of *Mytilus coruscus* Gould (Bivalvia: Mytilidae) populations in the East China Sea inferred from mtDNA COI gene Sequence. *Biochemical Systematics and Ecology*, 50, 30–38. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2013.03.033>
- Li, S., Li, Q., Yu, H., et al. (2015). Genetic variation and population structure of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* in the northwestern Pacific inferred from mitochondrial COI sequences. *Fisheries Science*, 81(6), 1071–1082. DOI:10.1007/s12562-015-0928-x
- Marko, P. B., Hoffman, J. M., Emme, S. A., et al. (2010). The ‘Expansion–Contraction’ model of Pleistocene biogeography: Rocky shores suffer a sea change? *Molecular Ecology*, 19(1), 146–169. DOI:10.1111/j.1365-294X.2009.04417.x

- Masanja, F., Yang, K., Xu, Y., et al. (2023). Impacts of marine heat extremes on bivalves. *Frontiers in Marine Science*, 10. DOI:10.3389/fmars.2023.1159261
- Matthews, D. K., & Emery, W. J. (2009). Velocity observations of the California Current derived from satellite imagery. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 114(C8). DOI:10.1029/2008JC005029
- Moritz, C., & Cicero, C. (2004). DNA Barcoding: Promise and Pitfalls. *PLOS Biology*, 2(10), e354. DOI:10.1371/journal.pbio.0020354
- Nelson, K., & Hedgecock, D. (1980). Enzyme Polymorphism and Adaptive Strategy in the Decapod Crustacea. *The American Naturalist*, 116(2), 238–280. <http://www.jstor.org/stable/2460675>
- Ni, G., Li, Q., Kong, L., & Yu, H. (2014). Comparative phylogeography in marginal seas of the northwestern Pacific. *Molecular Ecology*, 23(3), 534–548. DOI:10.1111/mec.12620
- Ort, B. S., & Pogson, G. H. (2007). Molecular Population Genetics of the Male and Female Mitochondrial DNA Molecules of the California Sea Mussel, *Mytilus californianus*. *Genetics*, 177(2), 1087–1099. DOI:10.1534/genetics.107.072934
- Paine, R. T. (1976). Biological observations on a subtidal *Mytilus californianus* bed. *The Veliger*, 19, 125–130.
- Palumbi, S. R., & Wilson, A. C. (1990). Mitochondrial DNA diversity in the sea urchins *Strongylocentrotus purpuratus* and *S. droebachiensis*. *Evolution*, 44(2), 403–415. DOI:10.1111/j.1558-5646.1990.tb05208.x
- Passamonti, M., & Ghiselli, F. (2009). Doubly Uniparental Inheritance: Two Mitochondrial Genomes, One Precious Model for Organelle DNA Inheritance and Evolution. *DNA And Cell Biology*, 28(2), 79–89. DOI:10.1089/dna.2008.0807
- Peña-Mejía, C. E. (2011). *Estructura de las comunidades del intermareal rocoso asociadas al mejillón *Mytilus californianus* en la costa oeste de Baja California* [Maestría]. UABC-IIO.
- PNUD-INECC. (2017). *Impactos del cambio climático en función de las características geomorfológicas, oceánicas y atmosféricas de las islas de México y del mar en el que se encuentran*. Informe Final. Responsable técnico: Alfonso Aguirre Muñoz. Seguimiento técnico por INECC: Karina Santos y José Machorro. Elaborado en el marco del proyecto #86487 “Plataforma de

- Colaboración sobre Cambio Climático y Crecimiento Verde entre Canadá y México”, Coordinador: Alejandro Monterroso Rivas. Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático y el Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo. Ciudad de México. 29p.
- R Core Team (2021). R: *A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Posada, D., & Crandall, K. A. (2001). Evaluation of methods for detecting recombination from DNA sequences: Computer simulations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(24), 13757–13762. DOI:10.1073/pnas.241370698
- Rodrigues, M. P., Morelli, K. A., & Jansen, A. M. (2017). Cytochrome c oxidase subunit 1 gene as a DNA barcode for discriminating *Trypanosoma cruzi* DTUs and closely related species. *Parasites & Vectors*, 10(1). DOI:10.1186/s13071-017-2457-1
- Sagarin, R. D., & Gaines, S. D. (2002). Geographical abundance distributions of coastal invertebrates: using one-dimensional ranges to test biogeographic hypotheses. *Journal of Biogeography*, 29(8), 985–997 pp DOI:10.1046/j.1365-2699.2002.00705.x
- Sale, P. F., Hanski, I., & Kritzer, J. P. (2006). The Merging of Metapopulation Theory and Marine Ecology: Establishing the Historical Context. En *Marine Metapopulations* (pp. 3–28). Elsevier. DOI:10.1016/B978-012088781-1/50004-2
- Schmidt, D. (1999). *A Review of California Mussel (Mytilus californianus): Fisheries, Biology and Fisheries Programs*. Canadian Stock Assessment Secretariat Research Document; 99/187. Ottawa: Fisheries and Oceans Canada. 32 pp.
- Seed, R., & Suchanek, T. H. (1992). Population and community ecology of *Mytilus*. In E. M. Gosling (Eds.), *The Mussel Mytilus: Ecology, Physiology, Genetics and Culture* (1st ed., Vol. 105, 87–169 pp). Elsevier Science Publishers.
- Smith, K. E., Burrows, M. T., Hobday, A. J., et al. (2021). Socioeconomic impacts of marine heatwaves: Global issues and opportunities. *Science*, 374(6566), eabj3593. DOI:10.1126/science.abj3593

- Souza, H. V., Marchesin, S. R. C., & Itoyama, M. M. (2016). Analysis of the mitochondrial COI gene and its informative potential for evolutionary inferences in the families Coreidae and Pentatomidae (Heteroptera). *Genetics and Molecular Research*, 15(1). DOI:10.4238/gmr.15017428
- Strub, P. T., & James, C. (2000). Altimeter-derived variability of surface velocities in the California Current System: 2. Seasonal circulation and eddy statistics. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 47(5–6), 831–870. DOI:10.1016/S0967-0645(99)00129-0
- Strüder-Kypke, M. C., & Lynn, D. H. (2010). Comparative analysis of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene in ciliates (Alveolata, Ciliophora) and evaluation of its suitability as a biodiversity marker. *Systematics and Biodiversity*, 8(1), 131–148. DOI:10.1080/14772000903507744
- Suchanek, T. H. (1981). The Role of Disturbance in the Evolution of Life History Strategies in the Intertidal Mussels *Mytilus edulis* and *Mytilus californianus*. *Oecologia*, 50, 143–152 pp.
- Suchanek, T. H. (1992). Extreme biodiversity in the marine environment: Mussel bed communities of *Mytilus californianus*. *The Northwest Environmental Journal*, 8(1), 151–152 pp.
- Tajima, F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585–595. <https://doi.org/10.1093/genetics/123.3.585>
- Téllez-Duarte, A. (1987). Los concheros de Baja California y sus perspectivas de investigación. *Estudios Fronterizos*, 5(14), 111–124.
- Wang, W. X., & Widdows, J. (1991). Physiological responses of mussel larvae *Mytilus edulis* to environmental hypoxia and anoxia. *Marine Ecology Progress Series*, 70, 223–236.
- Wilson, A. C., Cann, R. L., Carr, G. M., et al. (1985). Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biological Journal of the Linnean Society*, 26, 375–400.
- Yi, C. H., Yoon, M., Kim, J. M., Kim, I.-H., Cho, I.-Y., & An, H. S. (2021). Genetic analysis and population genetic structure of hard-shelled mussel, *Mytilus coruscus* Gould 1861 (Mytiloida: Mytilidae) from the coasts of South Korea based on mitochondrial cytochrome oxidase (COI) gene sequences. *Genes & Genomics*, 43(6), 577–585. <https://doi.org/10.1007/s13258-021-01073-4>

Uniendo Saberes. Retos y avances en torno a los Objetivos de Desarrollo Sostenible.

Se terminó de editar en diciembre de 2025

en los talleres de Astra Ediciones

Av. Acueducto No. 829

Colonia Santa Margarita, C. P. 45140

Zapopan, Jalisco, México.

33 38 34 82 36

E-mail: edicion@astraeditorial.com.mx

www.astraeditorialshop.com

Conocemos el mundo y sus diversos desafíos si conseguimos diferenciar mejor sus particularidades e integrar tales diferencias en nuevas, mejores y más finas interpretaciones. Y así conociéndolos, habilitamos nuestra capacidad para actuar mejor sobre ellas. Diferenciar e integrar son procesos interrelacionados que potencian una mejor acción ante los problemas que vivimos.

Ahora señalo el gran esfuerzo y voluntad institucional de la Universidad Autónoma de Baja California (Campus Ensenada) a través de su Facultad de Ciencias Administrativas y Sociales de no solo identificar la apremiante necesidad de conversar, sino de producir una obra que diera la posibilidad de que científicas y científicos muestren los avances de sus reflexiones, iniciativas y actividades que contribuyen a la producción de conocimientos y a la habilitación de acciones para unir diferentes saberes capaces de “construir un planeta justo y sostenible”.

¡Enhorabuena por este texto, fruto de una voluntad abierta en esta dirección!

Jorge A. González
RIICCA, CEIICH, UNAM

ISBN: 979-13-87837-97-6



9 791387 183797 6



Consulta y descarga



astra
editorial