



PROYECTO FIPA N° 2023-18:

GENÓMICA POBLACIONAL PARA EL MANEJO PESQUERO DEL JUREL DEL PACÍFICO SUR ORIENTAL (PSO)

Informe Final Corregido

Requirente : Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
Mandante : Fondo de Investigación Pesquera y de Acuicultura
Ejecutor : Universidad de Concepción
Jefa de proyecto : Sandra Ferrada Fuentes

Octubre, 2025



INFORMACIÓN DEL PROYECTO

Requiente	:	Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
Mandante	:	Fondo de Investigación Pesquera y de Acuicultura
Supervisión	:	Consejo de Investigación Pesquera y de Acuicultura
Ejecutor	:	Universidad de Concepción
Jefa de proyecto	:	Sandra Ferrada Fuentes
Autores	:	Victoria Herrera Yáñez Cristian B. Canales-Aguirre Ricardo Galleguillos Felipe Aguilera Muñoz Aquiles Sepúlveda Oróstica Sebastián Vásquez Pastene Luis Cubillos Oscar Inostroza Michael Sandra Sampertegui Rocío Barrios Figueroa
Colaboradores	:	INPESCA

Citar como: Ferrada Fuentes S., Galleguillos R., Canales-Aguirre CB., Herrera-Yáñez V., Aguilera F., Sepúlveda A., Nuñez S., Vásquez S., Cubillos L., Inostroza-Michael O., Sampertegui S., & R. Barrios. 2025. Informe Final FIPA N°2023-18: Genómica poblacional para el manejo pesquero del jurel del Pacífico Sur Oriental (PSO). Informe final corregido FIPA N°2023-18. N° páginas, 314.

Tabla de contenidos

1. Resumen ejecutivo	13
1.1 Executive Summary	18
2. Antecedentes	22
2.1 Justificación del llamado	24
2.2 Antecedentes biológicos y pesqueros de <i>Trachurus murphyi</i>	28
2.2.1 Antecedentes biológicos de <i>Trachurus murphyi</i> , el jurel	28
2.2.2 Antecedentes pesqueros de <i>Trachurus murphyi</i> , y su estructura poblacional en el Pacífico suroriental	29
2.2.3 Antecedentes pesqueros de <i>Trachurus murphyi</i> , y su estructura poblacional en las costas chilenas	30
2.2.4 La población de jurel como objeto de estudio mediante modelación espacial, acoplando con información genómica	33
2.2.5 Antecedentes genéticos de <i>Trachurus murphyi</i>	34
3. Objetivo general	38
3.1 Objetivos específicos	38
4. Propuesta metodológica por objetivos	40
4.1 Objetivo específico 2.	40
4.1.1 Metodología de diseño de muestreo	40
4.1.1.1 Época de colecta de ejemplares	40
4.1.1.2 Disponibilidad de muestras desde análisis y estudios anteriores	42
4.1.1.3 Distribución geográfica de las muestras	42
4.1.2 Resultados del muestreo	44
4.1.2.1 Registro de datos biológicos, pesqueros, morfométricos y colecta de muestras para análisis genético	48
4.1.2.2 Datos biológicos y pesqueros de jurel en el Pacífico Sur	48
4.1.2.3 Colección de muestras biológicas para análisis genético	51
4.1.2.4 Protocolo de colección de muestras para análisis genético	52
4.1.2.5 Incorporación de muestras de jurel de los proyectos FIPA N°2007-27, FIPA N°2010-18 y FIPA N°2021-28 al análisis genético con SNPs para el análisis temporal	53
4.1.3 Identificación de ejemplares de <i>Trachurus murphyi</i> en muestras de Nueva Zelanda	53

4.1.3.1 Metodología	53
4.1.3.1.1 Extracción de ADN genómico, visualización y cuantificación	53
4.1.3.1.2 Desarrollo marcador molecular mitocondrial Dloop en <i>Trachurus murphyi</i>	56
4.1.3.1.3 Análisis Filogenético	57
4.1.3.2 Resultados	58
4.1.3.3 Conclusión	58
4.2 Objetivo específico 1.	60
4.2.1 Metodología	61
4.2.1.1 Base de datos para identificación de loci SNPs en <i>Trachurus murphyi</i>	61
4.2.1.2 Diseño de primers para el panel de SNPs de <i>Trachurus murphyi</i>	63
4.2.1.3 Prueba del panel de loci SNPs/GT-seq para <i>Trachurus murphyi</i>	65
4.2.1.4 Validación del panel de SNPs/GT-seq en nuevas muestras de <i>Trachurus murphyi</i>	67
4.2.1.5 Filtros para obtener base de datos para análisis posteriores (objetivos 4 y 5)	67
4.2.2 Resultados	68
4.2.2.1 Prueba del panel de loci SNPs/GT-seq para <i>Trachurus murphyi</i>	68
4.2.2.2 Validación del panel de loci SNPs/GT-seq en totalidad de las muestras	69
4.2.2.3 Filtros para obtener base de datos para análisis posteriores (objetivos 4 y 5)	70
4.2.3 Discusión	70
4.2.4 Conclusiones	73
4.3 Objetivo específico 3.	74
4.3.1 Secuenciación mediante WGS de <i>Trachurus murphyi</i>	74
4.3.2 Metodología	77
4.3.2.1 Extracción de ADN genómico de <i>Trachurus murphyi</i>	81
4.3.2.2 Control de calidad, preparación y secuenciación de la biblioteca genómica	81
4.3.2.3 Controles de calidad	82
4.3.2.4 Construcción de la biblioteca y secuenciación	83
4.3.2.5 Procesamiento de datos de secuenciación	83
4.3.2.6 Análisis de datos de diversidad genética y divergencia poblacional	85
4.3.3 Resultados	86
4.3.3.1 Diversidad genética y divergencia poblacional	92
4.3.4 Discusión	96

4.3.5 Conclusiones	97
4.4 Objetivo específico 4.	99
4.4.1 Introducción	99
4.4.2 Metodología	102
4.4.2.1 Estadísticos resumen de diversidad genética por área del Pacífico Sur para <i>Trachurus murphyi</i>	102
4.4.2.2 Estimadores de estructura genética poblacional para <i>Trachurus murphyi</i> en el Océano Pacífico Sur	105
4.4.2.3 Conectividad genética de <i>Trachurus murphyi</i> en el Pacífico sur: estimación de migración relativa	107
4.4.3 Resultados	108
4.4.3.1 Estadísticos resumen de diversidad genética para <i>Trachurus murphyi</i> en el océano Pacífico Sur	108
4.4.3.2 Estimadores de estructura genética poblacional de <i>Trachurus murphyi</i> en el Océano Pacífico Sur	110
4.4.3.3 Conectividad genética y migración relativa de <i>Trachurus murphyi</i>	117
4.4.4 Discusión	118
4.4.5 Conclusiones	122
4.5 Objetivo específico 5.	123
4.5.1 Introducción	123
4.5.1.1 Metodología	125
4.5.1.1.1 Datos ambientales	125
4.5.1.1.2 Análisis estadísticos de variables ambientales	126
4.5.1.2 Resultados	127
4.5.1.3 Discusión	134
4.5.1.4 Conclusiones	140
4.5.2 Analizar, exponer y/o visualizar en un contexto espacio-temporal, la diversidad y divergencia genética evidenciada en el presente estudio, e investigaciones afines enmarcadas en la OROP-PS	141
4.5.2.1 Metodología	141
4.5.2.1.1 Efecto de las variables ambientales y climáticas sobre la diversidad genética de <i>Trachurus murphyi</i> : Una aproximación desde los modelos causales estructurales (MCE)	142
4.5.2.2 Resultados	145

4.5.2.2.1 Variables ambientales	145
4.5.2.2.2 Efecto de las variables ambientales y climáticas sobre la diversidad genética: Una aproximación desde los modelos causales estructurales (MCE).	147
4.5.2.3 Discusión	151
4.5.2.4 Conclusión	152
5. Conclusión general	153
6. Programa de monitoreo genético de jurel, <i>Trachurus murphyi</i> , en el Océano Pacífico Sur	154
7. Recomendaciones para el diseño y uso de un programa de monitoreo genético del jurel, <i>Trachurus murphyi</i> , en el Océano Pacífico basado en un panel de marcadores moleculares tipo SNPs	158
8. Talleres realizados	162
8.1 Taller inicial de coordinación	162
8.2 Talleres de trabajo con contraparte técnica y comité científico de la OROP-PS	167
8.3 Taller de Difusión de Resultados	184
9. Referencias	192
10. Plan de actividades o Carta Gantt Fipa N°2023-18	212
11. Composición y organización del equipo profesional y técnico asignado al proyecto	214
12. Plan detallado de asignación de personal profesional y técnico y tiempo asignado (Hrs/Profesional)	215
13. Anexos	218

Índice de Figuras

Figura 1. Distribución espacial del jurel en el Pacífico Sur y localidades propuestas para la colecta de muestras.	43
Figura 2. Mapas con localidades de muestreo para los FIPA 2021-28 y FIPA 2023-18.	47
Figura 3. Muestras de jureles. FIPA N°2023-18.	49
Figura 4. Sección de Laboratorio en INPESCA para la toma de fotografías para el análisis morfométrico de <i>Trachurus murphyi</i> . FIPA N°2023-18.	50
Figura 5. Ejemplares de jurel con hitos marcados para las fotografías. FIPA N°2023-18.	50
Figura 6. Tablero con otolitos de jureles. FIPA N°2023-18.	51
Figura 7. Ejemplo de almacenamiento de tejido dentro de cada tubo. FIPA N°2023-18.	53
Figura 8. Relaciones filogenéticas obtenidas por medio del análisis Bayesiano del marcador Dloop en <i>Trachurus murphyi</i>	59
Figura 9. Mapeo en el genoma de referencia de 350 loci donde se han diseñado primers para el panel de SNPs de <i>Trachurus murphyi</i> .	65
Figura 10. Esquema de procedimientos generales de secuenciación del genoma completo, Whole Genome Sequencing (WGS).	76
Figura 11. Flujo de adquisición de datos desde poblaciones con métodos basados en WGR.	76
Figura 12. Flujo de trabajo general para la metodología de Whole -genome resequencing (WGR) donde se individualiza, entre otros, el procedimiento lcWGR	77
Figura 13. Flujo de trabajo asociado a control de calidad del ADN (A) y (B) procedimientos experimentales de preparación de la biblioteca o librería de ADN para <i>Trachurus murphyi</i>	82
Figura 14. Estadísticas generales para resultados de secuenciación de genoma completo	90
Figura 15. Análisis de discriminantes de componentes principales (PCA) basado en 4.189 SNPs no ligados para individuos de Chile, Nueva Zelanda y Perú	95
Figura 16. Áreas utilizadas para los análisis estadísticos <i>Trachurus murphyi</i> .	103
Figura 17. Análisis de discriminantes de componentes principales (PCA) basado en panel GT-seq SNPs para 12 áreas Chile, Nueva Zelanda y Perú de <i>Trachurus murphyi</i> .	114
Figura 18. Análisis de discriminantes de componentes principales (PCA) basado en panel SNPs/GT-seq para 10 áreas Chile, Nueva Zelanda y Perú de <i>Trachurus murphyi</i> .	115

Figura 19. Resultados del análisis bayesiano de cluster genéticos en loci del panel SNPs/GT-seq para 10 áreas	117
Figura 20. Zonas de muestreo de ejemplares de jurel, <i>Trachurus murphyi</i> , para análisis genéticos a lo largo del Pacífico sur oriental	125
Figura 21. Climatología anual para las variables ambientales analizadas a lo largo del área de distribución de jurel en el Pacífico sur	129
Figura 22. Matrices de correlación entre localidades de muestreo genético	131
Figura 23. Relación entre la distancia genética y la distancia ambiental de Gower calculada para las distintas variables características del hábitat de <i>Trachurus murphyi</i> en el océano Pacífico Sur	133
Figura 24. Ejemplo de un DAG simple en que se representa la estructura causal (dirección de las flechas) entre cuatro variables (nodos) en un sistema determinado	143
Figura 25. Climatología anual para las variables bio-oceanográficas analizadas a lo largo del rango de distribución de <i>Trachurus murphyi</i> en el océano Pacífico Sur	146
Figura 26. Grafo acíclico dirigido (DAG) aprendido automáticamente a partir de los datos (estructura bruta)	148
Figura 27. Grafo acíclico dirigido (DAG) estimado mediante inferencia bayesiana	150

Índice de Tablas

Tabla 1. Listado de muestras de jurel obtenidas como parte del Proyecto FIPA N°2021-28	45
Tabla 2. Listado de muestras de jurel obtenidas como parte del Proyecto FIPA N°2023-18	46
Tabla 3. Resumen del número de loci SNPs seleccionados como primer paso para incluir en el panel SNPs de <i>Trachurus murphyi</i> (n=500)	63
Tabla 4. Muestras de <i>Trachurus murphyi</i> seleccionadas para el análisis genómico de <i>Low Coverage Whole Genome Resequencing</i> (lcWGR)	79
Tabla 5. Estadísticas generales para muestras de secuenciación de genoma completo para <i>Trachurus murphyi</i>	87
Tabla 6. Estadísticas generales para muestras de secuenciación de genoma completo para <i>Trachurus murphyi</i> .	88
Tabla 7. Resumen de lecturas mapeadas contra genoma de referencia de <i>Trachurus murphyi</i>	91
Tabla 8. Estadísticos resumen de diversidad genética en SNPs obtenidos desde WGR	93
Tabla 9. Estadístico Fst por pares de áreas (bajo la diagonal) y valores de probabilidad (sobre la diagonal) para loci SNPs generados por WGR en <i>Trachurus murphyi</i> .	94
Tabla 10. Localidades de muestreo de <i>Trachurus murphyi</i> agrupadas en áreas según su cercanía geográfica. FIPA 2023-18.	104
Tabla 11. Estadísticos resumen de diversidad genética en el panel SNPs/GT-seq de <i>Trachurus murphyi</i> .	109
Tabla 12. Estadístico Fst por pares de 12 áreas (bajo la diagonal) y valores de probabilidad (sobre la diagonal) de <i>Trachurus murphyi</i> del océano Pacífico Sur.	111
Tabla 13. Tasas de migración relativa bidireccional entre áreas del océano Pacífico Sur para <i>Trachurus murphyi</i> .	118

Índice de Anexos

Anexo 1. Base de datos Muestras FIPA 2023-18	219
Anexo 2. Asignación de edad a ejemplares de <i>Trachurus murphyi</i>	240
Anexo 3. Morfometría geométrica	247
Anexo 4. Loci SNPs de <i>Trachurus murphyi</i> seleccionados para ser validados con tecnología GTseek e incluidos en el panel de monitoreo de diversidad genética	271
Anexo 5. Loci SNPs de <i>Trachurus murphyi</i> validados con tecnología GTseek para ser incluidos en el panel de monitoreo de diversidad genética	279
Anexo 6. Información de las 5 placas analizadas para la prueba del panel de loci SNPs/GT-seq de <i>Trachurus murphyi</i>	292
Anexo 7. Declaración de ingreso de muestras desde aguas de Nueva Zelanda	313

Índice de Abreviaturas

1. PSO: Pacífico Suroriental
2. PS: Pacífico Sur
3. SEP: Southeastern Pacific (Pacífico Sudeste)
4. ZEE: Zona Económica Exclusiva
5. OROP-PS: Organización Regional de Pesca del Pacífico Sur
6. SPRFMO: South Pacific Regional Fisheries Management Organisation
7. CBA: Captura Biológicamente Aceptable
8. PCR: Polymerase Chain Reaction (Reacción en cadena de la polimerasa)
9. SNP(s): Single Nucleotide Polymorphism(s)
10. GT-seq: Genotyping-in-Thousands by sequencing
11. GTseek: Pipeline bioinformático para diseño y análisis de paneles SNPs
12. lcWGR: Low Coverage Whole Genome Resequencing
13. WGR: Whole Genome Resequencing
14. WGS: Whole Genome Sequencing
15. mtDNA: mitochondrial DNA
16. GBS: Genotyping by Sequencing
17. ddRAD-seq: double-digest Restriction-site Associated DNA sequencing
18. pool-seq: Pool sequencing
19. PCA: Principal Components Analysis
20. DAPC: Discriminant Analysis of Principal Components
21. NGS: Next Generation Sequencing
22. VCF: Variant Call Format
23. DAG: Directed Acyclic Graph
24. MCE: Modelos Causales Estructurales
25. MES: Modelos de Ecuaciones Estructurales
26. MODIS-Aqua: Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer (satélite Aqua)
27. NASA: National Aeronautics and Space Administration
28. DUACS: Data Unification and Altimeter Combination System
29. ERA5: Fifth generation of ECMWF atmospheric reanalysis of the global climate
30. WOA: World Ocean Atlas
31. WOA23: World Ocean Atlas 2023
32. NOAA: National Oceanic and Atmospheric Administration
33. L2: Level-2 (nivel de producto satelital)
34. L3: Level-3 (nivel de producto satelital)
35. R: Lenguaje y ambiente de programación estadística
36. ANACOVAS: Análisis de Covarianza
37. ACP: Análisis de Componentes Principales
38. ADM: Análisis Discriminante Múltiple
39. EKE: Eddy Kinetic Energy (Energía cinética de remolinos)
40. Ho: Observed heterozygosity (Heterocigosidad observada)

- 41. He: Expected heterozygosity (Heterocigosidad esperada)
- 42. Fis: Inbreeding coefficient (Coeficiente de endogamia)
- 43. Fst: Fixation index (Índice de fijación genética)
- 44. pb: pares de bases nitrogenadas
- 45. FL: Fork Length (Longitud furcal)
- 46. TW: Total Weight (Peso total)
- 47. SAMtools: Sequence Alignment/Map tools
- 48. BCFtools: Binary Call Format tools
- 49. EVA: European Variation Archive
- 50. EOS PM: Earth Observing System Afternoon Train
- 51. SeaDAS: SeaWiFS Data Analysis System
- 52. imgsatEasy: Script R para procesar imágenes satelitales
- 53. Indels: Insertions and deletions (Inserciones y delecciones)
- 54. MCMC: Markov Chain Monte Carlo
- 55. BIC: Bayesian Information Criterion
- 56. ABN: Additive Bayesian Networks (implementación en R)
- 57. mcmcabn: Paquete de R para MCMC en ABN
- 58. TSM: Temperatura superficial del mar

1. Resumen ejecutivo

El jurel, (*Trachurus murphyi* Nichols 1920), es un pez de gran importancia económica, social y cultural en todo el Océano Pacífico sur. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad y patrones de conectividad genética de jurel del Pacífico Suroriental, a partir de data genómica e informativa para la conservación y el manejo pesquero, conforme a los compromisos suscritos por Chile en el marco del Comité Científico de la Organización Regional de Pesca del Pacífico Sur.

Específicamente, se desarrolló, recopiló y analizó información biológica pesquera, datos genéticos, e información de condiciones ambientales, como variables bio-oceanográficas donde habita el jurel a lo largo del Océano Pacífico sur.

Se realizó el muestreo durante la temporada 2023-2024, e incluyó 12 áreas de muestreo, desde el norte de Perú en Chimbote, aguas de Nueva Zelanda hasta el sur de Chile en Chiloé. Para fines de análisis espacial, las localidades fueron organizadas en áreas. Las muestras fueron recolectadas tanto de la flota pesquera industrial como de la flota artesanal. La información biológica obtenida fue la longitud horquilla (LH), peso total (PT), sexo y edad desde los otolitos sagita, entre otros. Se procesó un total de 510 peces en un rango de tallas entre 25 a 53 cm de longitud total y un rango de peso total entre los 202 a 1.741 gramos.

Para el desarrollo y validación del panel de loci SNPs con tecnología GT-seq (*Genotyping in Thousands by sequencing*) se utilizaron 505 individuos para un grupo inicial de 500 loci. Estos 500 loci SNPs propuestos para ser parte del panel fueron obtenidos durante el FIPA N°2023-18. La selección de estos 500 loci se basan en aspectos como loci con altos índices de divergencia genética o F_{st} , loci al azar, loci adaptativos y ligados al sexo.

A partir de estos 500 loci se diseñaron y sintetizaron partidores para 350 SNPs, utilizando el genoma de referencia de *Trachurus murphyi* (FIPA N°2023-18) como plantilla para validar la correspondencia con la especie. Los partidores sintetizados se secuenciaron en un grupo de

96 muestras para su validación y para la selección de las variantes SNPs más representativas de la diversidad genética de la especie y que conformarán el panel. Finalmente, después de varios filtros, el panel de SNPs/GT-Seq para *Trachurus murphyi* contiene un total de 300 lecturas con 653 loci SNPs que incluyen variantes sexuales, neutrales y adaptativas.

La diversidad genética entre áreas muestra valores de heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e), que oscilan entre 0,201 en Perú – 0,267 en Chile y 0,180 Perú – 0,217 en Chile, respectivamente. El coeficiente de endogamia (F_{is}) para cada área estudiada oscila entre -0,136 en Chile a -0,031 en Nueva Zelanda.

El índice de estructuración genética poblacional (F_{st}) mostró en general valores bajos, oscilando entre -0,012 y 0,046. El patrón a macroescala evidencia que el área de Nueva Zelanda, Pacífico occidental, muestra diferencias genéticas significativas respecto a todas las áreas de Chile y Perú, Pacífico Oriental. Ya en el Pacífico Sur oriental, las áreas entre Perú y Chile presentan una menor variación genética entre ellas, y por consecuencia, no presentan diferencias genéticas significativas. Conformando una unidad desde el punto de vista reproductivo y del intercambio genético.

A menor escala espacial, los valores de F_{st} entre localidades peruanas no evidenciaron diferencias significativas. En Chile, si bien el análisis de divergencia genética a nivel país muestran un patrón de conectividad, algunas comparaciones entre áreas del sur de Chile evidencian diferencias genéticas, especialmente aquellas que involucran zonas oceánicas (Valdivia, Chiloé y Talcahuano oceánico). Estas divergencias genéticas deben ser corroboradas con muestras temporales y ampliar el número de ejemplares analizados por área.

Las estimaciones de migración relativa complementan estos hallazgos, mostrando el área de Nueva Zelanda las más bajas tasas de migración, respecto a las muestras del margen oriental del océano Pacífico Sur. Esta área actuaría como una unidad semi-independiente, con flujos génicos limitados hacia o desde otras poblaciones.

De igual forma se evidencian altas tasas de migración entre áreas costeras de Chile y Perú, reforzando la idea de intercambio genético sostenido a lo largo del margen sudeste del Pacífico. En presencia de una única unidad genética de jurel en la costa del océano Pacífico Sur Oriental.

Las áreas más oceánicas frente a Chile, Talcahuano y Chiloé muestran una conectividad reducida respecto a Nueva Zelanda y muestras más costeras de Chile y Perú. Estas áreas actuarían como unidades demográficas semi-independientes, con flujos génicos limitados hacia o desde otras áreas. Estas estimaciones de migración genética deben ser corroboradas con muestras temporales y ampliar el número de ejemplares analizados por área.

Desde una perspectiva más global incorporamos el factor ambiente calculando la distancia ambiental de Gower para variables ambientales y relacionando con la distancia genética mediante el test de Mantel. Este test permite analizar hipótesis de dependencia ambiental para la diversidad genética observada. Estas relaciones no muestran relaciones significativas entre la anomalía del nivel del mar con la distancia genética (mantelr= 0,051; p=0,339), al igual que la temperatura superficial del mar (mantelr= 0,17; p=0,189), la clorofila-a (mantelr= 0,04; p=0,384), la turbulencia inducida por el viento (mantelr= 0,003; p=0,461) y la EKE (mantelr= - 0,13; p=0,888). De esta forma, ninguna de las variables ambientales analizadas permite explicar la diversidad genética obtenida en este estudio, incluyendo aquellas regiones distantes con distancias ambientales más altas en muchas de las variables consideradas como Nueva Zelanda y el norte de Perú.

En general la distancia genética no mostró patrones de correlación significativos respecto a las distancias ambientales en ninguna de las variables ensayadas. Tampoco se observaron patrones respecto a la distancia geográfica. Estas diferencias respecto a los resultados del FIPA N° 2021-28, donde sí se observaron patrones de correlación significativos entre genética y ambiente, se explicaría por el menor número de loci incluidos en el panel SNPs/GT-seq con 653 loci, respecto a los 12.072 loci identificados con tecnología DArT (Diversity Arrays

Technology). En particular se explicaría por la menor cantidad de loci adaptativos presentes en el panel SNPs/GT-seq, 45 loci adaptativos, respecto a los 450 loci adaptativos analizados con tecnología DArT.

Con el objetivo de generar más información genómica útil para estudios de diversidad genética de la especie se analizaron 45 muestras desde Perú, Chile y Nueva Zelanda a partir de análisis de secuenciación de genoma completo (lcWGR) de baja cobertura. Los datos de secuenciación de genoma completo generados en este estudio son de alta calidad, con parámetros técnicos dentro de los estándares aceptados y adecuados para análisis de diversidad y estructura genética. Si bien se detectó contaminación en los resultados de secuenciación, promovida por la proliferación de bacterias, la información generada es suficiente para identificar SNPs y realizar los análisis de diversidad y divergencia genética correspondientes.

A partir de la lcWGR, se identificaron y seleccionaron 4.189 loci SNPs, detectando considerable diversidad genética en las poblaciones de *Trachurus murphyi*, particularmente en las localidades chilenas, que presentaron los valores más altos de heterocigosidad y los coeficientes de endogamia más negativos.

Los análisis de diferenciación genética (F_{st}) y de agrupamiento (DAPC) no revelaron una clara estructura poblacional marcada entre las áreas geográficas muestreadas, lo que sugiere una alta conectividad genética o una dispersión histórica reciente.

Estos resultados apoyan la hipótesis de una población ampliamente interconectada de *Trachurus murphyi* a lo largo del Pacífico sur, y complementado con los resultados del panel de SNPs/GT-seq se evidencia divergencia genética y restricción a patrones de conectividad entre áreas de Nueva Zelanda y áreas oceánicas del Pacífico sur oriental.

La evidencia científica aquí generada viene a dar soporte a las hipótesis de alta conectividad poblacional del jurel en el margen oriental del océano Pacífico Sur, y que han sido planteadas en el marco de la Organización Regional de Ordenación Pesquera del Pacífico Sur (OROPs),

ampliando la discusión frente a distintos escenarios de manejo pesquero y conservación de *Trachurus murphyi*.

1.1 Executive Summary

The Chilean Jack mackerel (*Trachurus murphyi* Nichols 1920) is a species of significant economic, social, and cultural importance throughout the South Pacific Ocean (SPO). The aim of this study was to characterize the genetic diversity and connectivity patterns of Chilean Jack mackerel in the SPO, based on genomic data that are informative for conservation and fisheries management, in accordance with Chile's commitments under the Scientific Committee of the South Pacific Regional Fisheries Management Organization (SPRFMO).

Specifically, the study developed, compiled, and analyzed fisheries biological information, genetic data, and bio-oceanographic variables associated with the species' habitats across the SPO. Sampling was conducted during the 2023–2024 season, covering 12 sampling locations, from northern Peru in Chimbote, waters off New Zealand, to southern Chile in Chiloé. For spatial analyses, localities were grouped into areas. Samples were collected from both industrial and artisanal fleets. Biological data included fork length (FL), total length (TL), total weight (TW), sex, and age from sagittal otoliths. A total of 510 fish were processed, with TL ranging from 25 to 53 cm and TW from 202 to 1741 grams.

For the development and validation of the SNP loci panel using GT-seq (Genotyping in Thousands by Sequencing) technology, 505 individuals were used for an initial group of 500 loci. These 500 SNP loci proposed for the panel were obtained during FIPA N°2023-18. The selection of these loci was based on criteria such as high genetic divergence indices (F_{st}), random loci, adaptive loci, and sex-linked loci. Using these 500 loci, primers for 350 SNPs were designed and synthesized, using the *Trachurus murphyi* reference genome (FIPA N°2023-18) as a template for species validation. The synthesized primers were sequenced in a group of 96 samples for validation and selection of the most representative SNP variants of the species' genetic diversity to form the panel. After

several filters, the SNP/GT-seq panel for *Trachurus murphyi* contains a total of 653 SNP loci, including sex-linked, neutral, and adaptive variants.

Genetic diversity among areas showed observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosity values ranging from 0.201 in Peru to 0.267 in Chile and 0.180 in Peru to 0.217 in Chile, respectively. The inbreeding coefficient (F_{is}) for each studied area ranged from -0.136 in Chile to -0.031 in New Zealand. The population genetic structure index (F_{st}) generally showed low values, ranging from -0.012 to 0.046. At a macro-scale, the New Zealand area (Western Pacific) showed significant genetic differences from all areas in Chile and Peru (Eastern Pacific). In the Southeastern Pacific, areas between Peru and Chile presented lower genetic variation, and consequently, no significant genetic differences, forming a single unit from a reproductive and genetic exchange perspective.

At a smaller spatial scale, F_{st} values between Peruvian locations showed no significant differences. In Chile, although the genetic divergence analysis at the country level showed a connectivity pattern, some comparisons between areas in southern Chile revealed genetic differences, particularly those involving oceanic zones (Valdivia, Chiloé, and Talcahuano oceanic). These genetic divergences need to be corroborated with temporal samples and a larger number of specimens analyzed per area.

Relative migration estimates complement these findings, showing that the New Zealand area has the lowest migration rates compared to samples from the eastern margin of the South Pacific Ocean. This area acts as a semi-independent unit with limited gene flow to or from other populations. Similarly, high migration rates were observed between coastal areas of Chile and Peru, reinforcing the idea of sustained genetic exchange along the southeastern Pacific margin, with a single genetic unit of jack mackerel along the Eastern South Pacific coast. The more oceanic areas off Chile, Talcahuano and Chiloé, show reduced connectivity compared to New Zealand and more coastal samples from Chile and

Peru. These areas would act as semi-independent demographic units, with limited gene flow to or from other populations. These estimates of gene flow and genetic connectivity should be corroborated with temporal samples and a larger number of specimens analyzed per area.

From a broader perspective, we incorporated the environmental factor by calculating the Gower environmental distance for environmental variables and correlating it with genetic distance through the Mantel test. This test allows us to analyze hypotheses of environmental dependence for the observed genetic diversity. The relationships did not show significant correlations between sea level anomaly and genetic distance (mantelr= 0.051; p=0.339), as well as sea surface temperature (mantelr= 0.17; p=0.189), chlorophyll-a (mantelr= 0.04; p=0.384), wind-induced turbulence (mantelr= 0.003; p=0.461), and EKE (mantelr= -0.13; p=0.888). Therefore, none of the environmental variables analyzed explain the genetic diversity observed in this study, including regions with higher environmental distances, such as New Zealand and northern Peru.

In general, genetic distance did not show significant patterns of correlation with environmental distances in any of the tested variables, nor were there patterns with geographical distance. These differences from the results of FIPA N°2021-28, where significant correlation patterns between genetics and environment were observed, could be explained by the smaller number of loci included in the SNP/GT-seq panel (653 loci), compared to the 12,072 loci identified using DArT (Diversity Arrays Technology) technology. Specifically, it could be explained by the smaller number of adaptive loci present in the SNP/GT-seq panel (45 adaptive loci), compared to the 450 adaptive loci analyzed with DArT technology.

To generate more genomic information useful for studies of genetic diversity of the species, 45 samples from Peru, Chile, and New Zealand were analyzed using low-

coverage whole-genome resequencing (lcWGR). The whole-genome resequencing data generated in this study are of high quality, with technical parameters within accepted standards, suitable for diversity and genetic structure analysis. Although contamination was detected in the sequencing results, caused by bacterial proliferation, the information generated is sufficient to identify SNPs and perform the corresponding diversity and genetic divergence analyses. From the lcWGR, 4189 SNP loci were identified and selected, detecting considerable genetic diversity in *Trachurus murphyi* populations, particularly in Chilean locations, which showed the highest values of heterozygosity and the most negative inbreeding coefficients. Genetic differentiation (F_{st}) and clustering (DAPC) analyses did not reveal a clear population structure marked between the sampled geographical areas, suggesting high genetic connectivity or recent historical dispersion.

These results support the hypothesis of a widely interconnected *Trachurus murphyi* population across the South Pacific, and in conjunction with the SNP/GT-seq panel results, show genetic divergence and restricted connectivity patterns between areas of New Zealand and oceanic areas of the Southeastern Pacific.

The scientific evidence generated here supports hypotheses of high population connectivity in jack mackerel along the Eastern South Pacific Ocean margin, which have been proposed within the framework of the South Pacific Regional Fisheries Organization (SPRFMO), expanding the discussion for various fisheries management and conservation scenarios of *Trachurus murphyi*.

2. Antecedentes

El jurel, *Trachurus murphyi*, presenta una amplia distribución en el Océano Pacífico Suroriental (PSO). Por el norte llega hasta 19° 38'N y alrededor de las Islas Galápagos y por el sur, hasta el extremo de Chile (55°S) (Serra, 1991). Tanto frente a Perú como en Chile, su distribución sobrepasa el límite de las 200 mn de ZEE (Zona Económica Exclusiva); frente a la zona centro sur de Chile su distribución sobrepasa las 1000 mn (Figura 1). Esta especie expandió su distribución colonizando hacia el oeste a través de la corriente de Deriva del Oeste. Fue detectado a mediados de la década 1980 cerca de Nueva Zelanda (Evsenko, 1987, Bailey, 1989, Serra, 1991) y posteriormente, hasta las aguas en torno a Tasmania. Su presencia es detectada en aguas de Nueva Zelanda por primera vez en 1987 (Kasahara et al, 1988, En: Taylor, 2002).

El jurel pertenece al grupo “*picturatus*” junto con *T. symmetricus* del hemisferio norte y *T. picturatus* del Atlántico; es el grupo más evolucionado del género *Trachurus* y que ha desarrollado un comportamiento nerítico-oceánico, lo que explica la amplia distribución del jurel chileno hacia aguas más oceánicas y el desarrollo de su ciclo de historia natural en ambos sistemas (Serra, 1991).

El jurel es explotado en toda su distribución, con pesquerías en Ecuador, Perú, Chile, en alta mar frente a Chile central, por una flota internacional y en Nueva Zelanda, por flotas locales. Este recurso pelágico transzonal, se ha constituido como una de las pesquerías más importantes del mundo, registró desembarques máximos de 4,4 millones de toneladas en el año 1994, para disminuir a capturas en torno a los 1,2 millones de toneladas a partir del año 1998 como respuesta a regulaciones administrativas. Desde comienzos de la década 2000, la distribución espacial de la flota cerquera de Chile centro-

sur realizó un significativo desplazamiento hacia aguas oceánicas para alcanzar zonas de pesca más allá de la ZEE de Chile, lo que se ha intensificado desde el año 2008, coincidiendo con flotas chinas y europeas que operan en aguas internacionales frente a Chile central (Zhang et al., 2008; Corten, 2008).

La problemática asociada con la definición de la estructura genética poblacional de esta especie en su distribución en el Pacífico Suroriental ha sido abordada con diferentes aproximaciones metodológicas, situación que genera a su vez implicaciones en la gestión de dicha pesquería.

En este contexto, la existencia de un único stock de jurel en el Pacífico Suroriental se sustenta desde varias fuentes de evidencia científica, tanto a escala ecológica como evolutiva. En particular, la evidencia genética disponible para el jurel no ha detectado diferencias genéticas significativas en su distribución espacial en el PSO. De esta manera, los antecedentes moleculares provenientes de proteínas (Galleguillos y Torres, 1988; Sepúlveda et al. 1996, FIP N° 96-15), genes nucleares y mitocondriales (Arancibia et al. 1996, FIP N° 96-15), así como, loci microsatélites (Cárdenas et al. 2009; Canales-Aguirre et al. 2010; Ferrada et al., 2023; Galleguillos et al, 2012; Serra et al. 2010; FIPA N°2007-27, FIPA N°2010-18) ponen a prueba la hipótesis de homogeneidad genética, corroborando la hipótesis de un único stock genético del jurel en el PSO.

2.1 Justificación del llamado

El jurel (*Trachurus murphyi* Nichols, 1920) es una especie que presenta una amplia distribución en el Pacífico Sur y ha sido uno de los recursos pelágicos más importantes de la actividad comercial en Chile, focalizándose su extracción en tres áreas de pesca: zona norte (18°21' - 24°00' SE), zona Caldera- Coquimbo (24°00'-32°00'S) y zona centro-sur (32°00' - 43°30' S), En esta última área, pero fuera de la ZEE, el jurel también ha sido explotado por flotas extranjeras. Además, Perú y Ecuador igualmente capturan esta especie dentro de sus respectivas ZEE.

La gestión del jurel en el Pacífico Sur se realiza en el contexto de la Organización Regional de Pesca del Pacífico Sur (OROP-PS), organización intergubernamental cuya formación se inició en el año 2006 con un proceso de consulta entre los Estados ribereños. De este modo, el Comité Científico de dicha organización, inicialmente considerando los resultados obtenidos por Gerlotto (2012) quien evaluó la estructura poblacional comparando las hipótesis propuestas para esta especie hasta la fecha, sugirió en síntesis, la presencia de un stock único para todo el PS, realiza anualmente la evaluación y determinación del estado de explotación del stock, así como también, la consecuente recomendación científica respecto al valor máximo de Captura Biológicamente Aceptable (CBA). Dicha asesoría pasa posteriormente como insumo a una comisión de manejo para la recomendación final.

Chile realiza el manejo pesquero de jurel en su ZEE con apego al enfoque precautorio y al principio de compatibilidad, tanto respecto a la asesoría científica, como también, a la recomendación de manejo de la OROP-PS. En ese contexto, en el contexto de la OROP-PS, tanto en la novena sesión anual del Comité Científico realizado en septiembre del 2021, como también, en la décima sesión anual del Comité Científico realizado en

septiembre del 2022, Chile suscribió varios compromisos, entre ellos liderar un estudio que propenda al monitoreo de la diversidad y conectividad genética poblacional de jurel en el PSO.

Relativo a la información genética poblacional disponible para el jurel del PSO, los marcadores moleculares utilizados se enmarcan en aquellos basados en electroforesis de proteínas, PCR, y secuenciación Sanger, no explorando aún marcadores moleculares basados en secuenciación masiva o de alto rendimiento, ni análisis genómicos.

El desarrollo de tecnologías de secuenciación de alto rendimiento, han permitido disponer de marcadores moleculares de mayor cobertura en el genoma de interés, sin la necesidad del conocimiento previo de éste. Estos son los marcadores moleculares SNPs, llamados así por su acrónimo en inglés de *Single Nucleotide Polymorphisms*. Los SNPs son marcadores moleculares que evidencian mutaciones puntuales, muy utilizados en estudios microevolutivos, definiéndose como un cambio único de una base en una secuencia de ADN con una alternativa usual de dos nucleótidos posibles en una posición dada. Estos pueden utilizarse para aplicaciones tales como la construcción de mapas genéticos, asociación con fenotipos de interés, monitoreo de diversidad genética, análisis de estructura y conectividad genética en poblaciones naturales y de cautiverio, análisis filogenéticos, etc.

Una ventaja importante de los SNPs es su abundancia y cobertura en el genoma, ya que se pueden identificar miles o millones de estos polimorfismos para ser analizados por cada individuo en estudio. Además, este tipo de marcador molecular posee bajas tasas de error en el genotipado y de mutación, mayor automatización en el proceso de toma de muestra (Helyar et al., 2011) y permiten la caracterización de loci afectados por procesos de divergencia adaptativa a una mayor escala que otros marcadores moleculares (Everett

et al., 2011). El análisis de SNPs permite identificar potenciales genes candidatos asociados a adaptaciones a condiciones ambientales específicas.

Para el género *Trachurus*, se han informado marcadores moleculares del tipo SNPs para la especie *T. trachurus* (Atlantic horse mackerel), desarrollándose marcadores SNPs para muestras de jurel de aguas del Atlántico, incluyendo 700 muestras desde África hasta Irlanda. Utilizando más de 12,8 millones de SNPs bialélicos polimórficos, donde evidenciaron diferencias genéticas significativas entre varias localidades, destacando un quiebre genético importante en aguas de Portugal versus el resto, divergencia genética que no había sido evidenciada con otros tipos de marcadores moleculares (Fuentes-Pardo et al., 2020). De los 12,8 millones de SNPs identificados, la genotipificación individual y confirmada por Pool-Seq logra identificar y seleccionar un panel de 63 loci SNPs informativos para fines de manejo pesquero, evidenciando quiebres genéticos importantes de *T. trachurus* en el Océano Atlántico.

Al rastrear la ubicación de los SNPs que evidencian divergencias genéticas en el genoma de referencia para *T. trachurus*, se identifican regiones del genoma llamadas “islas genómicas”, que están asociadas con adaptaciones ecológicas o aislamiento reproductivo (Seehausen et al., 2014). Estas zonas genómicas, atribuibles a variaciones estructurales de cromosomas, promoverían la diferenciación poblacional a través de adaptaciones locales en un ambiente heterogéneo a escala espacial y temporal, como es el habitado por *T. trachurus* en el Océano Atlántico y su símil, *Trachurus murphyi* en el Pacífico Suroriental.

El uso de marcadores moleculares SNPs para *Trachurus murphyi* en aguas del PSO no ha sido informado. Su uso sería un gran avance en temas de monitoreo genético y

diferenciación poblacional, información relevante en temas de conservación, manejo y administración pesquera.

2.2 Antecedentes biológicos y pesqueros de *Trachurus murphyi*

2.2.1 Antecedentes biológicos de *Trachurus murphyi*, el jurel

El jurel *Trachurus murphyi* (Nichols, 1920), como la mayoría de las especies del género *Trachurus*, se caracteriza por una distribución amplia en áreas tropicales y subtropicales de los océanos. Morfológicamente, el jurel tiene características anatómicas muy similares al holotipo *Trachurus trachurus* (Gerlotto et al., 2012). Estas especies se caracterizan por una esperanza de vida media-alta alcanzando en promedio entre 15 y 30 años de edad (www.fishbase.org). La madurez sexual es alcanzada a los 20-30 cm de longitud corporal equivalente a 2-4 años de edad (Abramov & Kotlyar, 1980; Adrianov, 1985; Nekrasov, 1994; Leal et al., 2013; Perea et al., 2013), existiendo antecedentes de madurez más temprana en machos que en hembras (Adrianov, 1985; Leal et al., 2013) lo que se ha asociado a diferencias en el costo energético entre la reproducción y crecimiento entre sexos. El jurel es un desovante parcial asincrónico (Leal et al., 2013) con frecuencia de desove media de 7 días (Sepúlveda et al., 2005) y fecundidad parcial mayor 50.000 ovocitos (Perea et al., 2013). El desove de jurel es pelágico (Santander & De Castillo, 1983) con tiempos de desarrollos que van entre 3 y 8 días dependiendo de la temperatura del medio, los cuales generan larvas de desarrollo lento con una duración larval pelágica media en torno a los 90 días (Santander & Flores, 1983). Las especies de este género manifiestan migraciones verticales diurno-nocturno, pudiendo ser observadas en capas profundas durante el día (hasta 150-300 m; Hancock et al., 1995; Bertrand et al., 2004) dependiendo de la profundidad del fondo, aunque también se sugiere que la profundidad de la oxiclina limita su extensión vertical (Bertrand et al., 2004). La alimentación de las especies de este género está mayoritariamente compuesta de crustáceos, micronecton, larvas de peces y pequeños cefalópodos (Gerlotto et al., 2012).

2.2.2 Antecedentes pesqueros de *Trachurus murphyi*, y su estructura poblacional en el Pacífico suroriental

El jurel, *Trachurus murphyi*, es una especie pelágica de amplia distribución en el Pacífico Suroriental y su pesquería se desarrolla principalmente frente a Perú y Chile; incluyéndose, en esta última área a la fracción oceánica que se distribuye frente a las costas de la zona centro-sur de Chile y sobre la cual operó con éxito la flota de arrastre de media agua de la ex Unión Soviética entre los años 1978 y 1991 (Serra 1991, Gretchina et al., 1998). En esta misma región, luego de diez años de ausencia de operaciones pesqueras, a partir del año 2000 ha comenzado nuevamente la explotación del recurso jurel por una flota internacional compuesta por embarcaciones de origen asiático (China, Corea), de la Comunidad Europea, del Perú, Rusia y de banderas de conveniencia (Belize, Islas Faroe, Vanuatu), las cuales en conjunto alcanzaron capturas máximas por temporada de pesca durante los años 2007-2008, superiores a las 400 mil toneladas (SWG-03, SPRFMO, 2012). Desde el año 2002 y hasta el año 2011, incluyendo la fracción oceánica fuera de la ZEE de Chile, el recurso jurel incrementó significativamente su importancia también en las capturas totales anuales de la flota industrial nacional de cerco, con porcentajes de más de un 40% (incluso de un 60%) de la cuota global para algunos años. Sin embargo, luego de este marcado aporte de la fracción oceánica en las capturas globales del recurso y que ha permitido a éstas mantenerse entre los años 2002-2007 en un nivel entre 1,7 y 2,0 millones de toneladas anuales, desde el año 2008 se produce una declinación progresiva de las capturas totales, tanto en las regiones oceánicas como costeras, disminuyendo a 727 mil toneladas en 2010, 606 mil toneladas en 2011 y 417 mil toneladas en 2012, cifras provistas por la Secretaría interina de la Organización Regional del Pacífico Sur al grupo de trabajo científico de esta organización (SWG-03, SPRFMO, 2012). Esta caída de las capturas de todas las flotas continuó en el

año 2013. Las cifras preliminares para 2013 indican que éstas prácticamente no superan una barrera de 300 mil toneladas.

Más adelante estas capturas van en aumento, así, para el año 2021, el límite de captura del jurel en todo el Pacífico Sur fue establecido en 782 mil toneladas, 15% más que en 2020.

2.2.3 Antecedentes pesqueros de *Trachurus murphyi*, y su estructura poblacional en las costas chilenas

A lo largo de las costas chilenas se identifican las siguientes unidades de pesquerías: a) Zona Norte (18° – 24°S), b) Caldera (27°S) - Coquimbo (30°S); y c) Zona Centro-Sur (32° – 42°S), incluyendo el sector oceánico fuera de la ZEE. Estas pesquerías lograron una captura máxima de 4,4 millones de toneladas en 1995. En 1997-1998, la pesquería de jurel entra en crisis debido a la alta incidencia de jurel juvenil menor a la talla mínima legal de 26 cm de longitud horquilla en la zona centro-sur, que coincide con el desarrollo en el Pacífico Ecuatorial de un evento extremo El Niño y que se sugiere coincidente con el término de un régimen climático cálido y el inicio de un régimen climático frío en el Pacífico Suroriental (SWG-11-8a, SPRFMO, 2012). A contar del 2001 comienza un período de ordenamiento de la pesquería con la entrada en vigencia de la Ley de Capturas Máximas por Armador. En el período 2002-2006 los desembarques de jurel en la zona centro-sur bordearon en promedio los 1,2 millones de toneladas anuales, verificando un incremento de su talla media de 26 cm de LH en el año 2002 a 32 cm de LH en el año 2006. El año 2007 si bien se mantuvo la magnitud del desembarque, la flota no logró capturar la totalidad de la cuota asignada, quedando un remanente superior a doscientas mil toneladas, producto principalmente de la baja disponibilidad del recurso en las áreas históricas (próximas a las costas) de pesca. Desde el año 2008, a pesar de

inclusión activa de las zonas oceánicas a la pesquería, como fue ya indicado, la tendencia de quedarse con un remanente no capturado de la cuota asignada se mantiene, como se mantiene también una tendencia progresiva hacia la disminución de las capturas anuales totales en la zona centro-sur: desde 1,13 millones toneladas en 2007 hasta 195 mil toneladas en 2010 (SWG-03, SPRFMO, 2012); para estabilizarse en un nivel de 210 mil toneladas en 2012-2013, nivel de cuota regulada por la Subsecretaría de Pesca y en atención a las recomendaciones de la Organización Regional del Pacífico Sur (ORP-PS).

El jurel, es un pez pelágico de tamaño medio, que posee una amplia distribución en el océano Pacífico suroriental, habitando desde las costas de Chile y Perú hasta más allá de las 1000 millas frente a Chile centro-sur. Una fracción de este stock alcanza las aguas de Nueva Zelanda y Tasmania (Cárdenas et al., 2009). De acuerdo a antecedentes biológicos y pesqueros, *Trachurus murphyi* muestra un fuerte patrón migratorio relacionado a procesos de alimentación y reproducción, con una migración hacia la zona oceánica durante primavera en donde se desarrolla el desove, y una migración hacia la costa durante la época otoñal relacionada con una mayor disponibilidad de alimento en el sector costero (Quiñones et al. 1997, Arcos et al., 2001, Cubillos et al., 2008). De acuerdo a lo reportado a la fecha, la estructura poblacional del jurel incluye tres hábitats diferentes: i) un área de crianza situada en el sur de Perú y norte de Chile, ii) un área de alimentación ubicada en la zona centro-sur de Chile, en donde ocurre el reclutamiento (individuos de 2-3 años de edad) y finalmente, iii) una extensa área de desove situada en la zona oceánica frente a Chile en donde se lleva a cabo la reproducción durante la primavera (Arcos et al., 2001). Dicha zona de desove es recurrente a través de los años y muestra una alta actividad reproductiva desde octubre a diciembre, con un máximo en noviembre. En este periodo el jurel, bajo condiciones de alta fecundidad, se dispersa hacia una vasta área en

aguas oceánicas, sin formar cardúmenes o agregaciones comerciales (Konchina et al., 1996; Barbieri et al., 1999; Cubillos et al., 2008).

La oceanografía del área en que se desarrolla la población de jurel se caracteriza por presentar un gradiente costa océano asociado al alto nivel productivo del sector costero, como parte del sistema de surgencia de Perú-Chile. En la zona norte y central de Chile, vientos hacia el ecuador se registran de manera persistente alcanzando su máximo en la zona central durante primavera-verano influenciados por la presencia del anticiclón subtropical (Strub et al., 1995; Shaffer et al., 1999). En el sector costero, la dirección, intensidad y rotor del viento produce una dinámica de surgencia (~100 km) que se refleja en marcados gradientes de temperatura superficial del mar durante el verano (Yáñez et al., 1994) y que redundan en altos niveles de productividad biológica que sustenta, entre otras, importantes poblaciones de peces pelágicos. Por otra parte, existe una fuerte variabilidad de mesoescala en la región donde interactúan aguas costeras y oceánicas. Esta región está asociada a altos niveles de actividad cinética, lo que genera una zona de transición costera altamente dinámica (Hormazábal et al., 2004). Dicha zona promueve el intercambio de propiedades desde el sector costero al oceánico, extendiendo las áreas de producción costa afuera, por ejemplo, aumentando los niveles de producción de clorofila oceánica (Correa-Ramírez et al., 2007) o extendiendo el área de distribución de copépodos hacia el océano (Morales et al., 2010). Entre las estructuras que promueven el intercambio entre el sector oceánico y el costero, destaca la presencia de remolinos de mesoescala y corrientes de meandros producto de una elevada energía cinética que caracteriza a la zona de transición costera frente a las costas de Chile centro-sur (Leth & Shaffer, 2001; Hormazábal et al., 2004; Chaigneau & Pizarro, 2005) y que podrían interactuar directamente con los estados tempranos de desarrollo de jurel e influenciar a

los procesos de conectividad y sobrevivencia de estadios tempranos (Vásquez et al., 2013).

2.2.4 La población de jurel como objeto de estudio mediante modelación espacial, acoplando con información genómica

Durante las últimas décadas, la población del jurel ha disminuido en su tamaño poblacional, influenciando su estructura espacial (Zhu et al., 2014; Gretchina et al., 2015). Varios factores pueden ser atribuidos como causantes de estas variaciones, particularmente la sobrepesca. Sin embargo, estudios paleoceanográficos (Salvatecci, 2013) han demostrado que los niveles de biomasa han evidenciado fluctuaciones con anterioridad al comienzo de la pesquería comercial, sugiriendo que el ambiente es un factor clave en la modulación de los patrones poblacionales del jurel (Bertrand et al., 2016). En este contexto la OROP-PS, tiene dentro de sus objetivos el manejo de la población de jurel y el establecimiento de niveles de capturas globales para el Pacífico sur, los cuales están estrechamente ligados al modelo conceptual de la dinámica poblacional de la especie, incluyendo la estructura poblacional. Considerando como hipótesis inicial que la población del jurel es sensible a los cambios del medio ambiente, el entendimiento de estas relaciones puede entregar señales importantes respecto a la dinámica espacio-temporal de la especie y finalmente a la estructura de la población. En este contexto, en el marco de la OROP-PS han sido propuestas varias hipótesis respecto a la estructura poblacional del jurel en el Pacífico sur, variando desde una población única a varias poblaciones discretas (Gerlotto et al., 2010). En este contexto, es aún una temática controversial y no resuelta, aunque las hipótesis más plausibles han sido resumidas a la de meta-población pelágica (Gerlotto et al., 2012; Hintzen et al., 2014) y a la de población única (Gretchina et al., 2015; Vásquez et al., 2017). La continuidad de

hábitat del jurel a lo largo de su área de distribución podría favorecer la ocurrencia de una población única, mientras que la presencia de discontinuidades ambientales o barreras físicas o de productividad biológica podrían propiciar la formación de múltiples poblaciones discretas (Bertrand et al., 2016).

Entendiendo que la estructura poblacional de una especie no sólo responde a escalas ecológicas, el estudio de los patrones de la diversidad y divergencias genéticas, integrando la escala evolutiva, viene a dar mayor soporte y entendimiento a los modelos biofísicos espaciales. Así lo han demostrado varios estudios (Galindo et al., 2006; Foster et al., 2012; Horoiwa et al., 2021; Benestan et al., 2021), donde acoplando o integrando información genómica a los modelos biofísicos, la predicción de la estructura poblacional, mezcla y conectividad son mejoradas.

Es así que como resultado de la presente propuesta técnica se propone integrar la información genómica generada de los SNPs de jurel en el Pacífico Sur Oriental, a los modelos biofísicos que viene desarrollando INPESCA para el mismo dominio espacial de estudio. Esta es la mejor forma para obtener el modelo conceptual respecto a los patrones de divergencia genética y los procesos de conectividad evidenciados en el jurel, *Trachurus murphyi* en aguas del Pacífico Sur, y ser discutido en el contexto de la OROP-PS.

2.2.5 Antecedentes genéticos de *Trachurus murphyi*

La adecuada identificación de unidades poblacionales es de gran importancia en todo ejercicio de evaluación de recursos pesqueros, así como para la estimación, formulación y aplicación de límites máximos de captura y otras medidas de ordenación pesquera.

En Chile el recurso jurel *Trachurus murphyi*, dada su importancia comercial a nivel nacional como internacional, ha sido objeto de varios estudios que han tenido como propósito determinar si en su distribución esta especie presenta estructuración genética poblacional. En cuanto a los antecedentes genéticos de la especie se ha indicado que debido a su conducta migratoria no se ha podido detectar diferencias genéticas en su distribución geográfica, esto basado en diferentes marcadores genéticos utilizados. De esta manera los antecedentes que encontramos son: Galleguillos y Torres (1988) analizando muestras de jurel provenientes desde Chiloé, Talcahuano, Juan Fernández, Iquique, Perú y muestras oceánicas (39°24'S; 76°45'W) y utilizando loci enzimáticos polimórficos no se detectan diferencias significativas entre ellas. Posteriormente, utilizando nuevamente loci enzimáticos (Arancibia et al. 1996) para muestras provenientes de Chile no se observan diferencias significativas, corroborando los resultados obtenidos en el estudio previo con loci enzimáticos. Posteriormente y utilizando un marcador molecular que presenta una mayor cantidad de polimorfismo como lo es la técnica PCR RFLP se digirió el fragmento correspondiente al ITS2 (Internal Transcribed Spacer) con la enzima MspI. En este estudio por primera vez se incorporaron muestras del océano Pacífico sur occidental (Nueva Zelanda y Australia). El estudio nuevamente no detecta diferencias genéticas significativas entre las muestras analizadas, observándose patrones de homogeneidad genética en el área de estudio para este marcador genético (Sepúlveda et al. 1996). Posteriormente, con la finalidad de utilizar una herramienta molecular que pudiese tener mayor información, Cárdenas et al. (2009) mediante ADN mitocondrial (región control) y nuclear (loci microsatélites heterólogos) ponen a prueba la hipótesis de homogeneidad genética en muestras provenientes del océano Pacífico sur oriental y océano Pacífico sur occidental. Los resultados encontrados dieron cuenta de un fragmento del ADN mitocondrial con muy baja variabilidad (en comparación con otros

peces pelágicos) y loci microsatélites polimórficos, no obstante los resultados no dieron cuenta de diferencias genéticas entre las zonas analizadas. En un esfuerzo multidisciplinario en el proyecto FIP N°2007-27 se utilizaron loci microsatélites heterólogos (utilizados por Cárdenas et al. 2009) y tres loci especie específicos descritos por Canales-Aguirre et al. (2010). Estos marcadores fueron utilizados en un total de 522 muestras correspondientes a 11 localidades y no fueron determinantes para encontrar diferencias entre las diferentes zonas analizadas, corroborando los resultados encontrados en estudios anteriores (Ferrada et al., 2023). Posteriormente el proyecto FIP 2010- 18 (Serra et al. 2014) utilizando 10 loci microsatélites (tres heterólogos y 7 especie-específicos) para analizar 852 individuos en dos temporadas de muestreo mostró como resultados valores del índice F_{st} por pares de localidades para cada temporada que indicaban la ausencia de estructuración genética espacial de la especie en su distribución geográfica (F_{st} bajos y no significativos). Por otro lado, el análisis temporal, basado en el índice F_{st} , no dio cuenta de diferencias genéticas temporales significativas. Por lo que estos resultados concuerdan con estudios anteriores concluyendo que en términos genéticos el jurel se comporta como una población homogénea.

Si bien los microsatélites son útiles para determinar diferencias poblacionales, la utilización de un bajo número de loci podría subestimar diferencias genéticas.

En *T. trachurus* (horse mackerel) se ha desarrollado a nivel mundial sólo un estudio con SNPs, realizado en aguas del Atlántico, incluyendo 700 muestras desde aguas de África hasta Irlanda. Utilizando más de 12,8 millones de SNPs bialélicos polimórficos, evidenciaron diferencias genéticas significativas, con un quiebre importante en agua de Portugal (Fuentes-Pardo et al., 2020).

Como parte del proyecto FIPA N°2021-28 se identificaron y caracterizaron para *Trachurus murphyi* 8.000 SNPs neutrales y 500 SNPs potencialmente adaptativos, mostrando diferencias significativas las muestras analizadas desde Nueva Zelanda, del resto de las muestras del Océano Pacífico.

3. Objetivo general

Monitorear la diversidad genética y caracterizar patrones de conectividad genética de jurel (*Trachurus murphyi*) del Pacífico Suroriental (PSO) en un contexto espacio-temporal, a partir de la data empírica genómica e informativa para la conservación y el manejo pesquero, conforme a los compromisos suscritos por Chile en el marco del Comité Científico de la Organización Regional de Pesca del Pacífico Sur.

3.1 Objetivos específicos

1. Generar y validar un panel de marcadores moleculares Single Nucleotide Polymorphism (SNPs), generados a partir de antecedentes genómicos resultantes del FIPA N°2021-28, que permitan monitorear la diversidad y conectividad genética de la especie, para fines de conservación y manejo pesquero de jurel en el PSO en el marco de la OROPS-PS.
2. Diseñar e implementar un plan de muestreo costo-efectivo en un contexto espacio-temporal para jurel (*Trachurus murphyi*), que permita caracterizar la diversidad y conectividad genética de la especie en aguas del Pacífico Suroriental (PSO), actualizando y profundizando los antecedentes genómicos generados históricamente en el marco de la OROP-PS.
3. Generar un conjunto de marcadores moleculares *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) a partir de Whole Genome Sequencing (WGS) para jurel, que permitan monitorear, caracterizar la diversidad y divergencia genética de la especie, para fines de conservación y manejo pesquero de jurel en el PSO en el marco de la OROP-PS.

4. Estimar la diversidad y conectividad genética a escala espacio-temporal, así como también, la proporción de mezcla entre los grupos genéticamente divergentes que se evidencien en el jurel (*Trachurus murphyi*) en aguas del Pacífico Suroriental. Esto a partir de los marcadores moleculares SNPs de los objetivos específicos 2 y 3.
5. Analizar, exponer y/o visualizar en un contexto espacio-temporal, la diversidad y divergencia genética evidenciada en el presente estudio, e investigaciones afines enmarcadas en la OROP-PS.

4. Propuesta metodológica por objetivos

Para guiar de mejor manera la lectura del informe, en términos temporales, cambiamos el orden de los objetivos 1 y 2, dejando primero el desarrollo del objetivo 2 en donde se presenta toda la información relativa al plan de muestreo, para luego describir el resto de los objetivos específicos.

4.1 Objetivo específico 2.

*–Diseñar e implementar un plan de muestreo costo-efectivo en un contexto espacio-temporal para jurel (*Trachurus murphyi*), que permita caracterizar la diversidad y conectividad genética de la especie en aguas del Pacífico Suroriental (PSO), actualizando y profundizando los antecedentes genómicos generados históricamente en el marco de la OROP-PS.”*

Para dar cumplimiento al presente objetivo específico se diseñó y ejecutó un plan de muestreo para *Trachurus murphyi* que permitió rescatar sus características biológicas y pesqueras, y al mismo tiempo contrastar la hipótesis microevolutiva de homogeneidad genética en muestras provenientes del océano Pacífico sur oriental, de acuerdo a los antecedentes genéticos presentados en la página 29.

4.1.1 Metodología de diseño de muestreo

4.1.1.1 Época de colecta de ejemplares

La operación de pesca y mayor fuente de colecta posible de ejemplares de jurel en el Pacífico Suroriental se desarrolla principalmente por parte de las diferentes flotas que operan sobre este recurso, luego de que éste concluye el período de desove y cambia su estrategia conductual, moviéndose desde áreas oceánicas hacia las costas

sudamericanas con la finalidad de cambiar desde el hábito de desove al hábito de alimentación en diferentes zonas de productividad compuestas preferencialmente por enjambres de eufáusidos de *Euphausia mucronata*, especie clave en la trama trófica del ecosistema de la corriente de Humboldt y distribuida a lo largo de la costa sudamericana (Antezana, 2002; Antezana 2010).

El jurel se encuentra regulado por cuotas de captura anuales que son asignadas por la Comisión de la Organización Regional de Manejo Pesquero del Pacífico Sur (sigla en inglés: SPRFMO) basándose en recomendaciones del Comité Científico de esta organización. En la zona centro-sur de Chile, es habitual que el jurel inicie su ingreso a las zonas tradicionales de pesca a partir de mediados de diciembre de cada año y siendo la principal zona de capturas de este recurso, los desembarques de esta especie se registran predominantemente en el verano/otoño de cada año (entre diciembre y junio/julio).

En el caso de la pesquería del área norte de distribución del jurel (Ecuador y Perú), la mayor parte de las capturas se realizan entre los meses de verano (diciembre a marzo) y en el caso de las naves de Alta Mar, éstas regularmente inician su operación entre marzo y abril de cada año, extendiendo su operación hasta julio.

Por este motivo se realizó el proceso de colecta en el período estival de 2023/2024 para las localidades costeras y puertos de desembarque, para posteriormente considerar a partir de marzo/abril las operaciones de Alta Mar.

Un aspecto relevante a considerar es que, al igual que en proyectos anteriores de esta temática, se oriente la colecta de ejemplares considerados como adultos de jurel, idealmente en un rango de tallas entre 30 y 40 cm LH.

4.1.1.2 Disponibilidad de muestras desde análisis y estudios anteriores

Inpesca cuenta con una colección de registros de forma del cuerpo y distancias de marcas morfométricas de jurel obtenidas por una serie de años para diferentes localidades de Chile para el período 1991 a 1999. Hernández et al. (1998) analizaron parte de esta información para muestras de jurel provenientes de localidades de la costa chilena. Más detalles se presentan en Tabla de sección metodológica de morfometría. Para fines de análisis genético se dispone de muestras tejido de jurel, que fueron colectadas en los proyectos FIPA N° 2007-27, FIPA N° 2010-18 y FIPA N°2021-28.

4.1.1.3 Distribución geográfica de las muestras

El jurel, *Trachurus murphyi*, presenta una amplia distribución en el Océano Pacífico Sur-Oriental. Por el norte llega hasta 1° 38'N y alrededor de las Islas Galápagos y por el sur, hasta el extremo de Chile (55°S) (Serra, 1991). Tanto frente a Perú como en Chile, su distribución sobrepasa el límite de las 200 mn de ZEE; frente a la zona centro sur de Chile su distribución sobrepasa las 1000 mn (Figura 1). Esta especie expandió su distribución colonizando hacia el oeste a través de la corriente de Deriva del Oeste y es capturado junto a otras 2 especies en localidades como Tauranga en Nueva Zelandia, donde fue detectado a mediados de la década 1980 en torno a aguas de este país (Evsenko, 1987, Bailey, 1989, Serra, 1991,) y posteriormente, hasta las aguas en torno a Tasmania. Su presencia es detectada en aguas de Nueva Zelandia por primera vez en 1987 (Kasahara et al., 1988, En: Taylor, 2002).

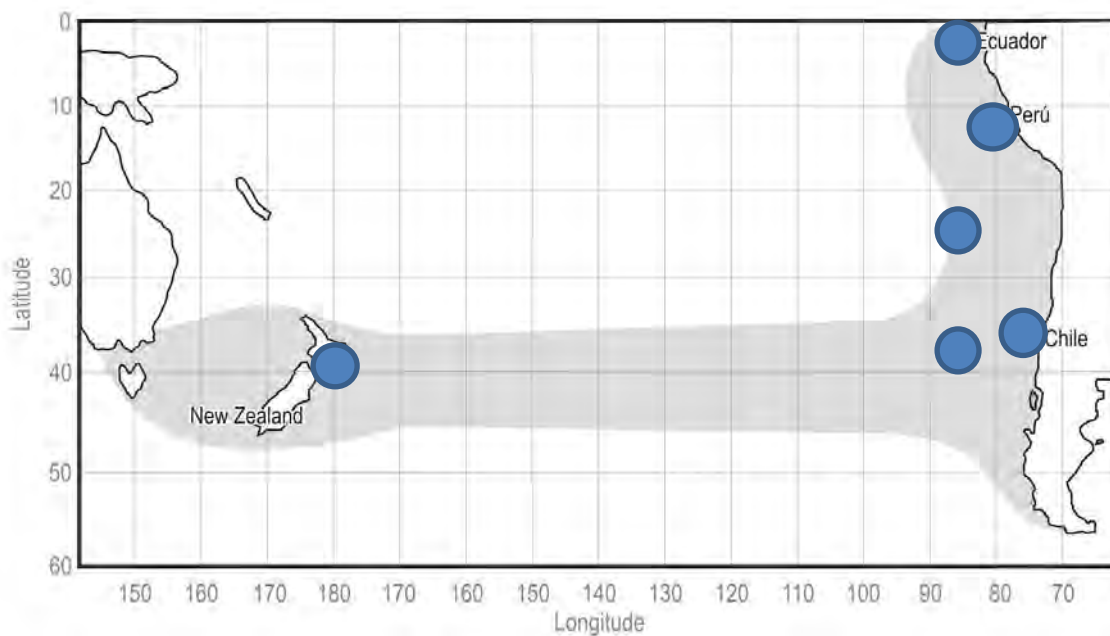


Figura 1. Distribución espacial del jurel en el Pacífico Sur y localidades propuestas para la colecta de muestras.

En este estudio se consideró la obtención de muestras desde localidades de los países ribereños de la costa sudamericana: Ecuador, Perú y Chile; y de aguas de Nueva Zelanda.

También se consideró la obtención de muestras provenientes desde barcos factoría que operan en la Alta Mar, regularmente estas naves ingresan a puertos de la Región del Bío-Bío y existen convenios entre Inpesca y armadores de naves de la Unión Europea a efectos de recibir y analizar muestras congeladas que son tomadas a bordo de estas naves.

La propuesta considera muestras de jurel desde 13 localidades: Ecuador (1), Perú (3), Chile (6), Nueva Zelandia (1) y Alta Mar (2).

4.1.2 Resultados del muestreo

Se obtuvo un total de 510 ejemplares de jurel proveniente de las localidades de Iquique, Caldera, Quintero, Maule, Golfo de Arauco, Isla Mocha y Valdivia en Chile, Chimbote, Callao y San Juan de Marcona en Perú, y dos muestras provenientes desde Nueva Zelanda (Tabla 2 y Figura 2). Aquí se da cuenta del estado total del muestreo en el que existen 16 puntos con información referente a la distribución espacial del jurel dentro del Océano Pacífico.

Las Tablas 1 y 2 resumen las muestras recolectadas durante los proyectos FIPA N°2021-28 y FIPA 2023-18, dando cuenta que para el actual proyecto en curso se ha logrado igualar la distribución de muestreo dentro de las costas chilenas, además de obtener muestras actuales provenientes desde Perú y Nueva Zelanda. En las tablas se indica información asociada a cada localidad de muestreo y el acrónimo utilizado para la identificación de las localidades dentro de los mapas y análisis. Las muestras provenientes desde Ecuador no fue posible conseguirlas dado que durante la temporada de Jurel en curso no se registraron capturas de *Trachurus murphyi*. La comparación de muestreos entre estos dos proyectos puede visualizarse de mejor manera mirando la Figura 2.

En el Anexo 1 se encuentra el registro completo con la información recolectada de cada uno de los ejemplares de jurel para el proyecto FIPA N°2023-18.

Tabla 1. Listado de muestras de jurel obtenidas como parte del Proyecto FIPA N°2021-28.

Embarcación	Localidad	Acrónimo	Fecha	Latitud	Longitud	N° muestras
BF ADMIRAL SHABALIN	Perú_oceánico	POC	19-11-2022	-17,89	-77,93	63
Artesanal	Arica	ARC	17-03-2022	-18,56	-70,38	55
Isaac	Iquique_1	IQQ_1	28-03-2022	-19,88	-70,14	41
PAM TRUENO	Mejillones	MEJ	03-05-2022	-23,02	-70,88	30
L/M Fortuna IV	Caldera	CAL	26-01-2022	-26,98	-70,88	39
Garota	Coquimbo	CQB	10-03-2022	-30,1	-71,51	59
El Reno	Guanaquero	GNQ	02-02-2022	-30,12	-71,45	29
PAM CORSARIO I	Topocalma	TPC	23-07-2022	-33,85	-72,1	30
Bucanero I	Golfo_de_Arauco_5	GAR_5	28-12-2021	-33,61	-73,64	30
RAPA NUI	Golfo_de_Arauco_1	GAR_1	25-01-2022	-36,63	-73,71	12
RAPA NUI	Golfo_de_Arauco_2	GAR_2	10-01-2022	-36,46	-73,65	30
Pam-Lonco	Golfo_de_Arauco_3	GAR_3	07-12-2021	-36,02	-73,15	30
Vesterveg	Golfo_de_Arauco_4	GAR_4	28-12-2021	-36,48	-73,61	30
RAPA NUI	Golfo_de_Arauco_6	GAR_6	23-04-2022	-38,08	-73,96	5
Don Edmundo	Golfo_de_Arauco_7	GAR_7	09-06-2022	-36,94	-73,75	11
Ruth	Isla_Mocha_1	IsM_1	14-04-2022	-38,33	-74,04	40
Corsario I	Isla_Mocha_2	IsM_2	20-04-2022	-38,85	-73,75	40
Claudio I	Niebla	NBL	31-03-2022	-39,84	-73,43	33
Total muestras						607

Tabla 2. Listado de muestras de jurel obtenidas como parte del Proyecto FIPA N°2023-18.

Embarcación	Localidad	Acrónimo	Fecha	Latitud	Longitud	N° muestras
Artesanal	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	30
Artesanal	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	30
Artesanal	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	30
KL855 MARGIRIS	Perú oceánico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	40
Artesanal	Iquique_4	IQQ_4	08-07-2024	-20,09	-70,14	38
Don Jose Miguel	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	30
PAM VENTISQUERO	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40
Yelcho I	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	45
Yelcho I	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	30
Don Manuel	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	30
PAM COBRA	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	30
Don Edmundo	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	10
Yelcho I	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	30
RAPA NUI	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	40
Takatu Sealord	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14	18
Takatu Sealord	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11	39
					Total muestras	510

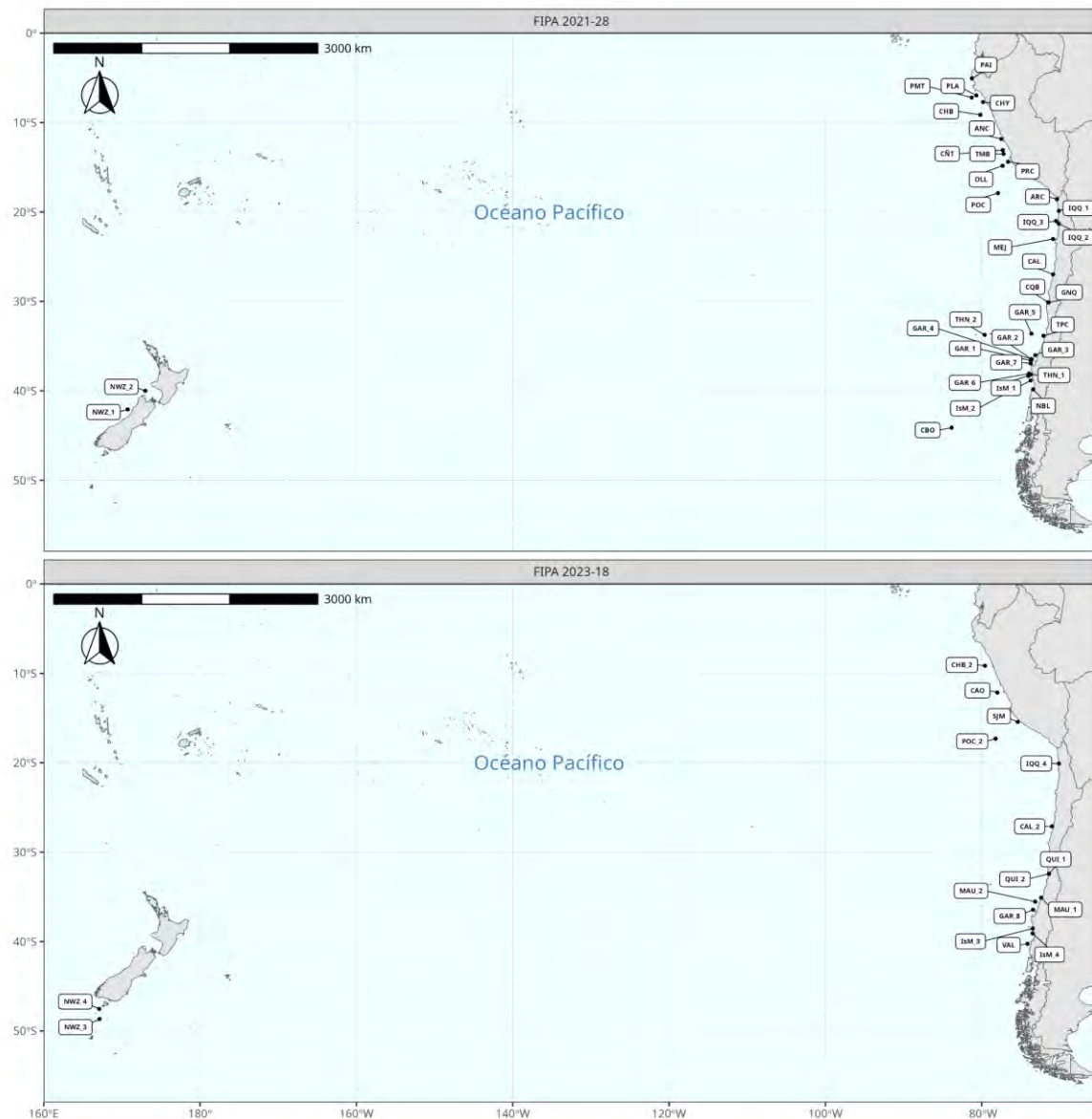


Figura 2. Mapas con localidades de muestreo de *Trachurus murphyi* para los FIPA N°2021-28 y FIPA N°2023-18.

De cada ejemplar muestreado se registraron datos biológicos, pesqueros, morfométricos y se colectaron otolitos y tejido para el análisis genético. A continuación, se describen cada uno de estos procedimientos:

4.1.2.1 Registro de datos biológicos, pesqueros, morfométricos y colecta de muestras biológicas para análisis genético

Las especificaciones de la toma de datos biológicos y pesqueros se ajustan a lo realizado por el INPESCA, y a la iniciativa internacional Fish Barcode of Life (FISH-BOL) (Steinke and Hanner 2011). En general los datos a compilar se presentan así, procurando en todos los casos la completa trazabilidad de cada una de las muestras:

4.1.2.2 Datos biológicos y pesqueros de jurel en el Pacífico Sur

1. Número correlativo de la muestra
2. Nombre completo de la embarcación, más código y matrícula
3. Arte o aparejo de pesca con que fue capturado el ejemplar
4. Indicar si es pesca artesanal o industrial
5. Indicar si es la especie objetivo o especie acompañante
6. Localidad y/o nombre del puerto y/o caleta
7. Latitud y Longitud usando el World Geodetic Systems 1984
8. La información se desagrega por lance la información, posición geográfica del lance
9. Fecha de muestreo o colección (dd-mm-año)
10. Talla (cm LH)
11. Peso total (kg) con 1 gramo de precisión
12. Determinación del sexo a través de la observación las gónadas o estructuras externas, aplicando criterios macroscópicos.
13. Medidas morfométricas

Secuencia de muestreo realizado para los ejemplares de Jurel obtenidos durante el desarrollo del proyecto:

1. Los jureles se recibieron en el Laboratorio húmedo de pesquerías en las dependencias de INPESCA. Fueron contados, ordenados y revisados para saber si contaban con las condiciones mínimas para ser fotografiados (morfometría) y muestreados con fines genéticos (Figura 3).



Figura 3. Muestras de jureles. FIPA N°2023-18.

2. Cada individuo fue dispuesto en bandejas y se marcaron los hitos con alfileres para ser fotografiados cumpliendo con el protocolo para el análisis morfométrico (más detalle sección de metodología de morfometría) (Figura 4). Es aquí donde se asignó un número a cada individuo para ser reconocido (Figura 5).



Figura 4. Sección de laboratorio en INPESCA para la toma de fotografías para el análisis morfométrico de *Trachurus murphyi*. FIPA N°2023-18.



Figura 5. Ejemplares de jurel con hitos marcados para las fotografías. FIPA N°2023-18.

3. Una vez fotografiados se procedió a obtener los datos del muestreo biológico descritos en el listado indicado arriba (e.i. peso, talla, sexo), y además se realizó la extracción de otolitos para la determinación de la edad (Figura 6).



Figura 6. Tablero con otolitos de jureles. FIPA N°2023-18.

4. Finalmente en otra sección del Laboratorio adecuada para realizar el muestreo genético se diseccionó de cada ejemplar tejido de musculatura blanca y se almacenó en etanol para análisis.

La metodología y resultados de la determinación de la edad de cada ejemplar mediante lectura de otolitos y el análisis morfométrico se detallan en Anexos 2 y Anexo 3.

4.1.2.3 Colección de muestras biológicas para análisis genético

En este sentido se siguieron las directrices generales dadas por Steinke & Hanner (2011) como parte de la iniciativa internacional FISH-BOLD.

4.1.2.4 Protocolo de colección de muestras biológicas para análisis genético

El desarrollo de marcadores moleculares SNPs requiere de extracciones de ADN genómico de alta pureza, calidad y no degradado, asegurando de esta forma librerías genómicas de buena calidad, y propicias para la identificación de variantes genéticas SNPs (Psifidi et al. 2015). De esta forma y para resguardar la calidad de las muestras de tejidos biológicos que serán sometidas a extracción de ADN, cada muestra fue almacenada en etanol absoluto para análisis.

A continuación, se describe el protocolo seguido por cada uno de los profesionales muestreadores.

Los muestreadores en terreno fueron capacitados para el seguimiento estricto de los procedimientos de almacenamiento de muestras biológicas. Los tubos de transporte con etanol absoluto fueron enviados listos para agregar la muestra biológica correspondiente, evitando de esta forma una mayor manipulación durante el proceso de muestreo que pueda generar contaminación.

Protocolo de colección de tejido para análisis genético. Disectar de cada ejemplar, un trozo de tejido de 1x1x1 cm (1 cm^3) desde la musculatura blanca. El tejido debe almacenarse sin restos de fluidos, limpiando con agua destilada y papel absorbente, reduciendo así la probabilidad de contaminar las muestras con bacterias y/o parásitos.

Protocolo para almacenamiento en etanol puro: el trozo de tejido disectado debe depositarse en un tubo de transporte de 10 ml que contenga Alcohol Etílico Puro (96%)

para análisis (no técnico), enrasar el tubo a 9 ml antes de agregar la muestra. La relación volumen muestra/volumen alcohol en el tubo es de 1:9. El tejido debe quedar flotando en el tubo, para este fin si es necesario, seccionar en pequeños trozos el tejido muestreado tal como se indica en la Figura 7.

Para la disección del tejido se debe usar un bisturí nuevo y/o estéril para cada animal, (esto evita la contaminación cruzada entre individuos que puede llevar a errores en los genotipos detectados). Para este efecto cambiar la hoja del bisturí entre ejemplar y/o lavar insistentemente con agua. Las pinzas a utilizar deben ser lisas (pinzas con dientes pueden contener tejido entre ellos de muestra en muestra, lo que podría contaminarlas). Luego de depositar el tejido en el tubo de transporte, colocar en un interior un trozo de papel diamante con el código de identificación de la muestra escrito con lápiz mina, NO utilizar lápiz pasta o de otro material (el alcohol se encarga de borrar el rótulo además de contaminar la muestra con colorantes). Para finalizar cerrar el tubo y sellar con un trozo de Parafilm, almacene hasta su envío en un lugar fresco, o refrigerado. Registre todos los datos en su bitácora de muestreo.



Figura 7. Ejemplo de almacenamiento de tejido dentro de cada tubo. FIPA N°2023-18.

4.1.2.5 Incorporación de muestras de jurel de los proyectos FIPA N°2007-27, FIPA N°2010-18 y FIPA N°2021-28 al análisis genético con SNPs para el análisis temporal

Con la finalidad de obtener los mejores resultados, y abarcar un espacio temporal más amplio en el análisis genético con SNPs, se incorporaron al análisis muestras almacenadas de jurel, que fueron colectadas en los proyectos FIPA N° 2007-27, N° 2010-18 y N°2021-28.

4.1.3 Identificación de ejemplares de *Trachurus murphyi* en muestras de Nueva Zelanda

Debido a que en aguas de Nueva Zelanda están descritas tres especies de Jureles: *Trachurus murphyi*, *T. novaezelandiae* y *T. declivis*, antes de proceder a utilizar estas muestras en el análisis GTseek y lcWGS, donde sólo debemos analizar a *Trachurus murphyi* es imperativo realizar un análisis filogenético para identificar cuántas y cuáles de estas muestras (N=57) corresponden a la especie objetivo.

4.1.3.1 Metodología

4.1.3.1.1 Extracción de ADN genómico, visualización y cuantificación

El ADN genómico total se obtuvo mediante el kit comercial de extracción de ADN genómico AccuPrep (K-3032) siguiendo los pasos descritos por el distribuidor. Específicamente se siguieron los siguientes pasos:

- 1) Homogenizar la muestra (25 - 50 mg) con un mortero, colocarlos en un tubo limpio de 1,5 ml y añadir 200 ul de TL Buffer.
- 2) Añadir 20 ul de proteinasa K y 10 ul de RNasa A. Mezclar con vórtex.
- 3) Incubar a 60°C durante 1 hora o hasta que el tejido esté completamente digerido.
- 4) Añada 200 ul de tampón GB y mezcle con vórtex.
- 5) Agregue 400 ul de etanol absoluto y mezcle bien con pipeta.
- 6) Transfiera con cuidado el lisado al depósito superior del tubo de la columna de unión (ajuste en un tubo de recolección) sin mojar el borde. Cerrar el tubo y centrifugar a 8.000 rpm durante 1 min. Deseche la solución del tubo de recolección y reutilice el tubo de recolección.
- 7) Añadir 500 ul de tampón WA1 sin mojar el borde, cerrar el tubo y centrifugar a 8.000 rpm durante 1 min. Deseche la solución del tubo de recolección y reutilice el tubo de recolección.
- 8) Añadir 500 ul de tampón W2 sin mojar el borde, cerrar el tubo y centrifugar a 8.000 rpm durante 1 min. Deseche la solución del tubo de recolección y reutilice el tubo de recolección.
- 9) Centrifugue una vez más a 13.000 rpm durante 1 minuto para eliminar completamente el etanol y compruebe que no haya ninguna gota adherida al fondo del tubo de la columna de unión.
- 10) Transfiera el tubo de la columna de unión a un nuevo tubo de 1,5 ml para la elución, agregue 50-200 ul de tampón EA al tubo de la columna de unión y espere al menos 1

minuto a temperatura ambiente (15-25 ° C). Centrifugar a 8.000 rpm durante 1 minuto para eluir.

El extracto de ADN genómico total fue visualizado mediante una matriz de agarosa al 1% y teñido con bromuro de etidio para determinar el éxito de la extracción, esto es determinar si presenta ADN de alto peso molecular (> 10000 pb) o fragmentado. Se determinó la calidad y cantidad de ADN extraído utilizando un Nanodrop, el cual registra absorbancias a 230 nm (hidratos de carbono, péptidos, fenoles y combinaciones aromáticas), 260 nm (ADN), 280 nm (proteínas y fenol) y 320 nm (turbidez) de cada muestra. Además nos entrega la razón de absorbancias A260/280 y A260/230, para determinar la calidad de nuestro ADN.

4.1.3.1.2 Desarrollo marcador molecular mitocondrial Dloop en *Trachurus murphyi*

Para analizar el marcador molecular mitocondrial Dloop de *Trachurus murphyi* se utilizaron los partidores JUR1 5'-CAGAAAAGGAGACTCTAACTCCTG-3' y JUR2 5'-TGCTTGCGGGGCTTTCTA-3' diseñados por Cárdenas et al. (2009), estos partidores flanquean el fragmento de interés, obteniendo alrededor de 800 pb al secuenciar en sentido forward.

Las condiciones de PCR que se seleccionaron para la totalidad de las muestras fueron: un volumen final de 30 µl conteniendo 120 ng de ADN molde, 1,5 mM de MgCl₂, 1X de buffer 10× (0,1 M Tris-HCl, pH 8,5), 0,2 mM de dNTP mix, 0,2 pM de cada primer, 1,5 U de Taq ADN polimerasa (Taq DNA polymerase recombinant, Invitrogen). Con un programa de temperatura en un termociclador MJ Research PTC-200 con los siguiente

tiempos y temperaturas: un ciclo inicial de 94°C por 300 s, seguido de 33 ciclos de 95 ° C por 30 s, 54°C por 120 s, 72°C por 90 s y un ciclo final de 72°C durante 600 s.

Los fragmentos de la amplificación por PCR del gen Dloop fueron separados mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% y teñidos con SYBR Green ® para visualizarse mediante un transiluminador led de luz azul (Safe Imager™, Invitrogen™). Una vez terminado este proceso las muestras amplificadas exitosamente fueron enviadas a Macrogen Chile para su purificación y secuenciación. La secuenciación se llevó a cabo utilizando un secuenciador ABI 3730xl, obteniendo secuencias de buena calidad y óptimas, de aproximadamente 800 pb para el análisis filogenético.

4.1.3.1.3 Análisis Filogenético

Del total de 57 muestras obtenidas desde Nueva Zelanda, se logró secuenciar con éxito 54 que fueron incluidas dentro del análisis filogenético. A estas muestras se les sumó 4 secuencias descargadas desde Genbank correspondientes a *Trachurus murphyi* (AY532708), *T. novaezelandiae* (AY533475), *T. japonicus* (AP003092) y *T. declivis* (AY533476).

El total de secuencias recopiladas fueron revisadas, alineadas y editadas en el programa SEQUENCHER 4.8 (Gene Codes Corp., Ann Arbor, MI, USA).

Para el análisis filogenético se utilizó el programa BAYESPHYLOGENIES (Pagel & Meade, 2004) que fue corrido con 100.000.000 de iteraciones, muestreados cada 1,000 árboles. Terminado el análisis se descartó el 20% del total de muestras y la visualización del árbol se realizó en el programa BAYESTREE (Mead, 2011). Finalmente, luego de alcanzar la zona de convergencia se calculó un árbol de consenso para denotar las relaciones de ancestro-descendencia inferidas.

4.1.3.2 Resultados

Los resultados obtenidos mediante el análisis del marcador Dloop indican que de las 57 secuencias extraídas en laboratorio desde las muestras que llegaron de Nueva Zelanda, 13 de los individuos pertenecientes a la muestra de NWZ_3 codificadas como 1_JUR1, 2_JUR1, 4_JUR1 - 8_JUR1, 11_JUR1 - 13_JUR1, 16_JUR1 - 18_JUR1 corresponden con una alta probabilidad posterior a la especie *Trachurus murphyi*, las cuales fueron agrupadas además con 5 secuencias que se colocaron como blancos positivos que pertenecían al proyecto FIPA N°2021-28 (58_JUR1 - 62_JUR1), grupo de secuencias destacadas en color azul. Del mismo modo, es altamente probable que el resto de las secuencias (41) pertenezcan a la especie *T. declivis*, grupo de secuencias destacadas en color rojo (Figura 8).

4.1.3.3 Conclusión

De los 57 individuos muestreados desde aguas de Nueva Zelanda 13 corresponden a *Trachurus murphyi* y son los ejemplares que se consideraron para realizar los análisis dentro del presente informe, tanto para GT-seek, como para WGR.

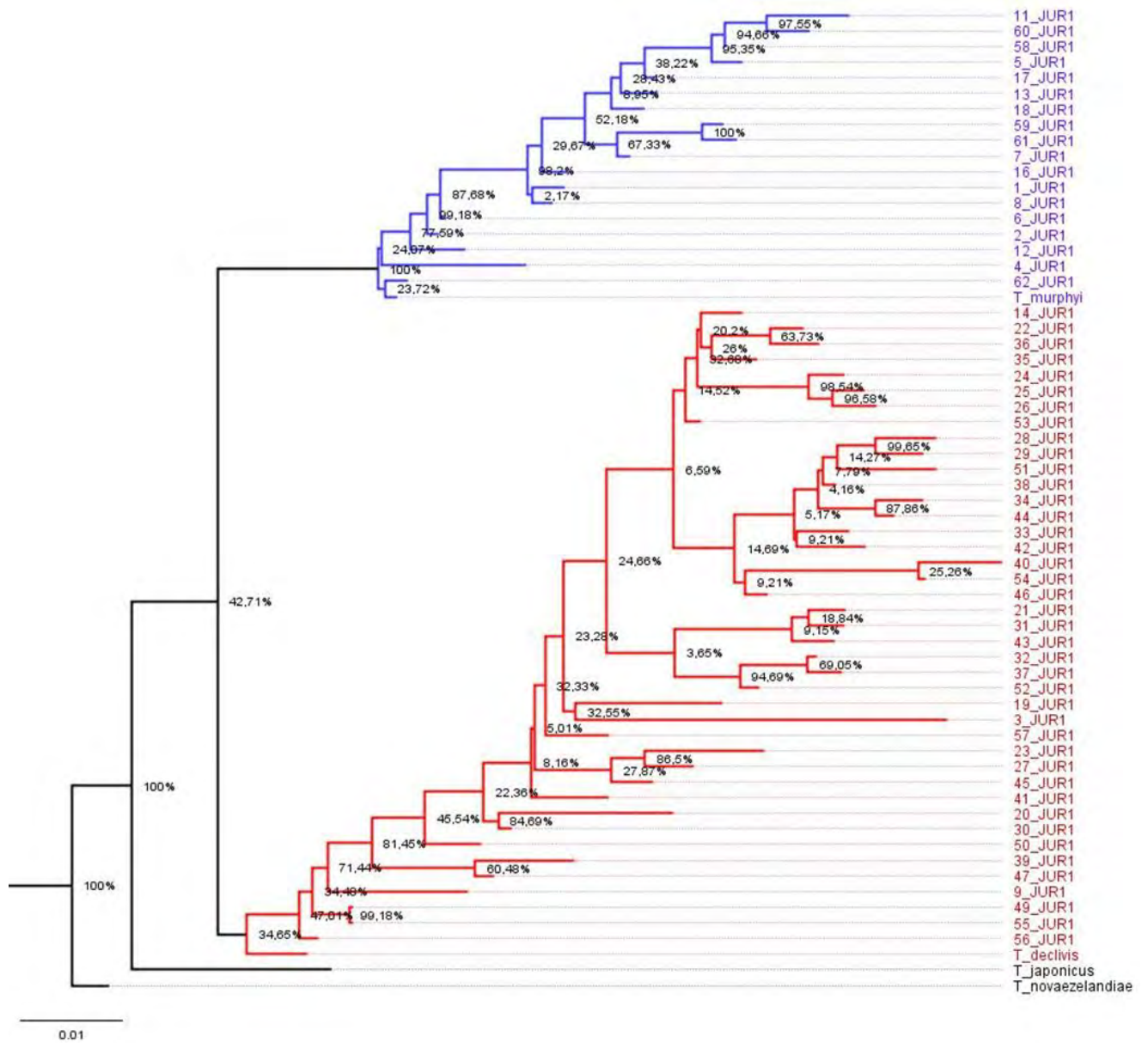


Figura 8. Relaciones filogenéticas obtenidas por medio del análisis Bayesiano del marcador molecular Dloop en *Trachurus murphyi*.

4.2 Objetivo específico 1.

“Generar y validar un panel de marcadores moleculares Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), generados a partir de antecedentes genómicos resultantes del FIPA N°2021-28, que permitan monitorear la diversidad y conectividad genética de la especie, para fines de conservación y manejo pesquero de jurel en el PSO en el marco de la OROP-PS”

Un panel genético de SNP (polimorfismos de un solo nucleótido) tiene como objetivo analizar un grupo de marcadores genéticos específicos, los SNP, en el ADN de un individuo para obtener información sobre su diversidad genética. Un panel de SNPs permite estudiar la variación de un conjunto de loci SNP en diferentes poblaciones para describir y monitorear la diversidad genética a escala espacial y temporal, así como identificar y estudiar en profundidad loci SNPs específicos que pueden variar como respuesta de una población frente a cambios o presiones ambientales.

El objetivo del panel de SNPs que se desarrolla a continuación es disponer de una herramienta de alta resolución a nivel genómico que permita monitorear variantes genéticas específicas y describir la diversidad genética de la especie a través de su distribución. El ensayo de este panel de SNPs en distintas escalas temporales y espaciales puede revelar loci relacionados con caracteres fenotípicos potencialmente útiles para la conservación de la especie a través de su distribución y puede ser utilizado por otros grupos de investigación.

4.2.1 Metodología

4.2.1.1 Base de datos para identificación de loci SNPs en *Trachurus murphyi*

Para el diseño y desarrollo del panel de SNPs de *Trachurus murphyi* se seleccionaron loci correspondientes a genes candidatos y/o informativos, definidos más adelante según criterios basados en su diversidad genética. Estos loci se refieren a genes o secuencias de ADN potencialmente asociados a rasgos específicos, como adaptación ambiental, enfermedad, características fenotípicas o niveles de variabilidad genética (Know & Goate, 2000). En función de esta información, un locus se considera candidato para un estudio más profundo, en este caso enfocado en sus niveles de diversidad genética a escala poblacional microevolutiva. La identificación de los loci incorporados en el panel se basó en datos genómicos generados en el marco del proyecto FIPA N°2018-23. Específicamente en ese proyecto se destacan tres grandes hitos. 1) Se generó el genoma de referencia a nivel cromosómico para esta especie, compuesto por 24 cromosomas; 2) se identificó un cromosoma sexual y 20 loci asociados al sexo, así como el sistema de determinación sexual de esta especie, y 3) se identificaron 12.072 SNP en 332 individuos (484 loci potencialmente adaptativos y 11.588 neutrales); los loci adaptativos mostraron una clara diferencia entre Nueva Zelanda y las localidades del océano pacífico sur oriental (i.e. Perú, Chile y áreas oceánicas).

Considerando estos hallazgos, se establecieron los criterios para definir los loci que potencialmente podrían ser incluidos en el panel de SNPs para el monitoreo de la diversidad genética de la especie. Como etapa inicial, se seleccionó un total de 500 loci, incluyendo loci sexuales, neutrales con un índice F_{ST} alto (0,1), neutrales al azar y adaptativos. Como medida adicional, se consideraron sólo los loci que se encuentran en

ensambles a nivel de cromosoma, esto es no scaffolds o contigs. Los 500 loci fueron clasificados (Anexo 4) de la siguiente manera:

i) 20 loci asociados con el sexo, de los cuales dos se identificaron como completamente fijados, homocigotos para los machos y heterocigotos para las hembras; ii) 79 loci adaptativos, seleccionados luego de calcular la contribución de cada locus adaptativo al patrón del DAPC (es decir, la segregación de Nueva Zelanda con respecto a los demás). Para calcular la contribución de cada locus, se utilizó la función *var.contr* en *adegenet* (Jombart et al. 2008), obtenida tras realizar el DAPC. Específicamente, se obtuvo la contribución de cada locus para los tres principales ejes. Los loci que mostraron una contribución relativa $> 0,005$ (umbral arbitrario de corte) fueron seleccionados. Estos 79 loci seleccionados mantienen el patrón de segregación entre muestras del océano Pacífico occidental (Nueva Zelanda) y oriental (Chile-Perú); iii) 37 loci neutrales que mostraron un índice F_{st} mayor a 0,05, indicando un alto grado de estructura poblacional; iv) 139 loci neutrales, seleccionados según la contribución de cada locus al patrón del DAPC (es decir, grupos oceánicos algo diferenciados). El procedimiento para obtener estos loci fue similar al descrito para los loci adaptativos, solo que se modificó el umbral arbitrario a $> 0,0025$; v) Finalmente, 225 loci neutrales fueron seleccionados aleatoriamente utilizando la función *base sample*, incluyendo como parámetro de selección aquellos loci que en general tuvieran una mayor frecuencia de alelo menor.

Tabla 3. Resumen del número de loci SNPs seleccionados como primer paso para incluir en el panel SNPs de *Trachurus murphyi* (n=500)

Categoría	Criterio	Seleccionados
Neutrales		
	High Fst	37
	> contribución DAPC	139
	al azar	225
Adaptativos (potenciales)		
	> contribución DAPC	79
Cromosoma sexual		
	loci asociados al sexo	20
Total		500

4.2.1.2 Diseño de primers para el panel de SNPs de *Trachurus murphyi*

Los loci seleccionados y que cumplieron los criterios establecidos en el paso anterior se trabajaron en conjunto con la empresa de servicios biotecnológicos GTseek (<https://gtseek.com/>). Se consideró esta empresa debido a que GTseek desarrolló la aproximación de genotipificación masiva mediante secuenciación GT-seq (Campbell et al., 2015), el cual es un método de secuenciación de amplicones de código abierto para la genotipificación de SNPs de manera rápida, eficiente y rentable. Este método permite la genotipificación simultánea de muestras individuales para cientos de loci de SNPs mediante secuenciadores Illumina. En esta segunda etapa, el objetivo fue diseñar un total

de 350 parejas de primers desde los 500 loci identificados que cumplieron los criterios, para incluir en el panel de SNPs.

Para diseñar los primers, primero se extrajo desde el genoma de referencia de *Trachurus murphyi* un fragmento de 300 pares de bases que flanquean la posición de la variante SNPs identificada. Aquí se consideró que cualquier sitio SNP variable fue enmascarado con códigos de ambigüedad de bases (KMRSWY) para evitar diseñar primers sobre sitios con variación conocida. Los primers fueron diseñados como sigue: los primers se diseñaron identificando primero áreas en los flancos izquierdo y derecho de las secuencias objetivo. El largo de los primers diseñados osciló entre 18 y 25 nucleótidos y el amplicón que incorpora la variante objetivo está dentro del rango de 100 a 150 nucleótidos. El porcentaje de Guanina y Citocina (G+C) de los primers osciló entre 36 y 67%. Se verificó que los primers diseñados no formarán estructuras de horquilla estables y que no tuvieran bases complementarias en el extremo 3' de otros primers que pudieran causar artefactos o interferir con la PCR multiplex (dímeros de primers). De las parejas de primers que pasaron (N = 383) se mapean en el genoma de referencia de *Trachurus murphyi* (Figura 9), y se seleccionó un conjunto final de 350 parejas de primers (Anexo 5) excluyendo 33 loci que presentaron una baja frecuencia del alelo menor. Se corroboró *in silico* que cada loci mapeara el genoma de *Trachurus murphyi* una sola vez.

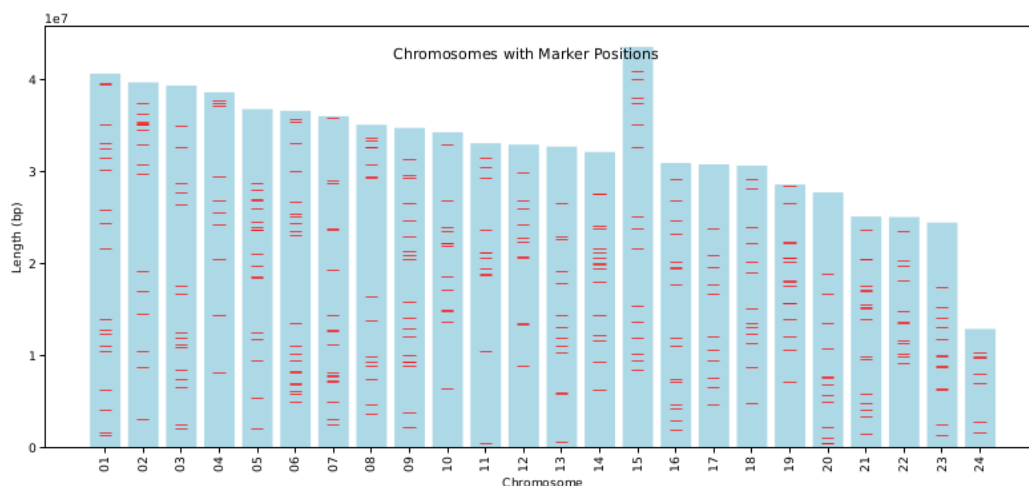


Figura 9. Mapeo en el genoma de referencia de 350 loci donde se han diseñado primers para el panel de SNPs de *Trachurus murphyi*.

4.2.1.3 Prueba del panel de loci SNPs/GT-seq para *Trachurus murphyi*

La prueba del panel de SNPs/GT-seq incluyó finalmente 300 loci (de aquí en adelante panel SNPs/GT-seq) que cumplieron con los criterios previamente descritos y para los cuales se diseñaron primers. Sobre este conjunto de loci se realizaron las pruebas genotipificación por GTSeek (<https://gtseek.com/>), bajo la guía de investigadores del FIPA N°2023-18. Este panel se testeo primeramente en 96 muestras (i.e., una placa, ver Tabla 5) donde enviamos un trozo de tejido de musculatura blanca de jurel almacenados en etanol absoluto a la empresa GTSeek en Sacramento, EE.UU. Este tejido fue utilizado para la extracción de ADN genómico, utilizando un protocolo simple basado en la resina Chelex con digestión utilizando proteinasa K. En resumen, este protocolo fue el siguiente: se aseguró que la placa tuviera un identificador único y que estuviera etiquetada con las iniciales del responsable y la fecha. Se tomó un trozo de 3 mm de cada tejido de *Trachurus murphyi* y este se colocó en el fondo de los pocillos de una placa de 96 pocillos mediante centrifugación. La placa se manipuló con precaución, ya que los tejidos secos

podían salir fácilmente debido a la electricidad estática; se movió lentamente y se evitaron sacudidas bruscas. Se preparó una solución de Chelex al 10% (1,0 g de resina Chelex en 10 ml de agua destilada), pesando la resina y colocándola en un reservorio de agitación magnética con el agua destilada correspondiente. Luego, se añadieron 5 µl de Proteinasa K (almacenada a 4°C) a cada pocillo con tejido utilizando una pipeta repetidora, y se centrifugó la placa. Después, se transfirieron 50 µl de solución de Chelex a cada pocillo con una pipeta multicanal y puntas de orificio ancho, evitando tocar la placa con las puntas. Posteriormente, se centrifugó de nuevo y se verificó que los niveles de Chelex fueran uniformes entre los pocillos. La placa se selló con calor y se incubó a 55°C durante la noche, registrando la hora y la fecha de inicio en el mapa de placas. A la mañana siguiente, se retiró la placa del incubador, se dejó reposar entre 15-20 minutos, se centrifugó y se verificó la integridad del sello térmico, reemplazándolo cuando fue necesario. Luego, se agitó brevemente en vortex, se centrifugó nuevamente y se almacenó en el refrigerador a 4°C, registrando la hora y la fecha de finalización de la incubación en el cuaderno de laboratorio.

Para probar el panel de SNPs/GT-seq se utilizó 2 µL de cada extracto de ADN genómico para la biblioteca genómica preparada para las primeras 96 muestras (una placa). En esta placa se incluyeron muestras de jurel del año 2024 (FIPA N°2023-18) desde el Golfo de Arauco y Perú (Callao, Chimbote, San Juan de Marcona) y muestras de años anteriores de Nueva Zelanda (año 2008 y 2011) y Perú oceánico (año 2022). Esto último con la finalidad de evaluar el rendimiento y calidad del ADN de muestras con más de 15 años de antigüedad que nos permita monitorear la variabilidad genética del jurel en retrospectiva.

4.2.1.4 Validación del panel de SNPs/GT-seq en nuevas muestras de *Trachurus murphyi*

Para la validación del panel SNPs/GT-seq se genotipificó cuatro placas con un total de 384 muestras de jurel de la temporada de pesca 2023-2024, abarcando el Pacífico sur, con un total de 16 sitios de muestreo (Anexo 6). Una vez genotipificados las 505 muestras (1 placa prueba para el diseño de panel y prueba de partidores, más 4 placas para validación del panel, más 25 individuos como réplicas técnicas), los genotipos fueron organizados en tres archivos en formato de llamado de variantes (VCF) para posteriores análisis.

4.2.1.5 Filtros para obtener base de datos para análisis estadísticos posteriores (objetivos 4 y 5)

Dado que cada locus incluido en el panel SNPs/GT-seq corresponde a una secuencia de ~300 pb que contiene la variante objetivo, y considerando que la diversidad intraespecífica puede incluir variantes de baja frecuencia, variantes multialélicas o errores de genotipado asociados a la calidad del extracto de ADN, el conjunto de datos fue sometido a un proceso de filtrado. Para ello se utilizó el set completo de 505 individuos, sobre el cual se aplicaron filtros de calidad. El panel generado por GTseek, que consistió en 300 lecturas, incluyó 5.572 variantes (i.e. SNP multialélicos y estructurales), las cuales fueron excluidas de la base de datos antes de realizar los análisis posteriores. Específicamente, para filtrar y procesar las variantes genómicas, se utilizó el lenguaje de programación awk. En primer lugar, se identificaron y contabilizaron las lecturas duplicadas (identificador de locus). Para

cada locus duplicado, se seleccionaron todas las variantes con un valor de calidad (QUAL) mayor o igual a 999. En los casos donde no se encontraron variantes con QUAL \geq 999, se seleccionaron todas las variantes con el mayor valor de QUAL disponible, incluso si este valor estaba duplicado en múltiples filas. Este enfoque aseguró la retención de la información más relevante y de mayor calidad en cada lectura para los análisis posteriores. Las lecturas identificadas fueron almacenadas en un archivo VCF filtrado para su uso en los siguientes pasos del análisis genético (objetivos 4 y 5).

4.2.2 Resultados

4.2.2.1 Prueba del panel de loci SNPs/GT-seq para *Trachurus murphyi*

La prueba del panel SNPs/GT-seq para las 96 muestras fue exitosa entre las muestras utilizadas. Después de los filtros de calidad sólo 300 loci mostraron resultados confiables ya que algunas secuencias estuvieron fuera de su región objetivo. Los primers de estos loci fueron omitidos para su aplicación en el resto de las muestras. Este procedimiento permitió reforzar el proceso generado por tecnología GTseek, que facilita el genotipado de regiones objetivo de interés para el desarrollo de un panel de baja densidad aplicable en monitoreos de diversidad genética. Es común que algunos primers sean excluidos en esta etapa, ya que no todos logran amplificarse exitosamente. Además, es importante considerar que el diseño de los primers se basa en las regiones flanqueantes asociadas a la variante de interés. Sin embargo, para acceder a estas regiones flanqueantes se utiliza un único genoma de referencia, y no se tiene certeza de que dichas regiones sean conservadas en otros individuos. Esto podría generar una variabilidad tal que impida una adecuada hibridación de los primers diseñados.

4.2.2.2 Validación del panel de loci SNPs/GT-seq en totalidad de las muestras

La secuenciación con metodología GTseek generó tres archivos con genotipos, los cuales corresponden a i) un archivo con 300 loci (lecturas de secuenciación) para 505 individuos, ii) un archivo eliminando los individuos que mostraron un llamado de variantes menor al 70% (i.e. 276 individuos, 300 loci), y iii) un archivo eliminando los individuos que mostraron un llamado de variantes menor al 70% y manteniendo los loci que presentaron una frecuencia del alelo menor de mayor a 0,05 (i.e. 276 individuos, 235 loci). Al validar el panel SNPs/GT-seq utilizando una mayor cantidad de muestras (384 muestras organizadas en 4 placas), fue posible observar su desempeño real, ya que en esta etapa se amplió el número de individuos testeados. Considerando el procedimiento de filtrado llevado a cabo por GTseek, se observó que no todos los individuos tuvieron éxito en el llamado de todas las variantes. La tasa de llamado por individuo fue superior al 70% en 276 individuos, lo que podría indicar que aún existen parejas de primers que presentan variación en las regiones flanqueantes. Por otro lado, 235 loci mostraron una frecuencia alélica mayor al 5%, lo que sugiere que algunos loci se encuentran en baja frecuencia y podrían corresponder a variantes únicas que aún no están fijadas en la población, al menos en el 5% de esta. Este resultado podría explicarse por la gran cantidad de alelos privados identificados en el proyecto FIPA N° 2021-28, correspondientes a loci adaptativos y neutrales, identificados principalmente para muestras de Nueva Zelanda.

4.2.2.3 Filtros para obtener base de datos para análisis posteriores (objetivos 4 y 5)

Este archivo VCF final contuvo un total de 300 lecturas con un total de 653 variantes para 276 individuos, las cuales incluían variantes sexuales, neutrales y adaptativas. La base de datos filtrada para todos los individuos presentó loci con variantes multialélicas y estructurales (indels, regiones repetidas), las cuales fueron eliminadas con el fin de mantener el número de loci, aunque no necesariamente el número total de variantes. Esta exclusión se realizó para evitar posibles sesgos en los resultados. Además, la mayoría de los análisis que utilizan variantes codominantes en SNPs consideran únicamente variantes bialélicas; por lo tanto, aunque técnicamente es posible incluir más de dos alelos, esto excede los supuestos en los que se basan dichos análisis. Finalmente, esta base de datos se utilizó en los análisis posteriores.

4.2.3 Discusión

El diseño y generación del panel de marcadores moleculares tipo SNPs para *Trachurus murphyi* fue exitoso. Finalmente, este panel está compuesto por 300 loci que mostraron resultados confiables para las muestras con perfiles de extracción de ADN adecuados para estos fines y que cumplen con criterios adecuados para representar la diversidad genética de la especie. El procedimiento permitió ratificar la utilidad del proceso GTseek (Campbell et al. 2015), que facilita el genotipado de regiones objetivo de interés para el desarrollo de un panel de baja densidad aplicable en monitoreos de diversidad genética y otros fines.

Es importante destacar que entre el proceso de diseño de primers y posteriores pruebas en PCRs es común que parejas de primers sean excluidos del panel final, ya que no todas las parejas de primers logran amplificar exitosamente en todas las muestras.

Esto principalmente debido a que el diseño de los primers se basa en las regiones flanqueantes asociadas a la variante de interés, y en nuestro caso para acceder a estas regiones flanqueantes se utiliza el único genoma de referencia de *Trachurus murphyi*, y no se tiene certeza de que dichas regiones sean conservadas en otros individuos.

La presencia de loci en baja frecuencia sugiere que algunos alelos corresponden a variantes únicas aún no fijadas en la población. Esto podría explicarse por la gran cantidad de alelos privados identificados en los SNPs en el proyecto FIPA N° 2021-28, tanto en loci adaptativos como neutrales, principalmente para muestras de Nueva Zelanda.

El panel de SNPs/GT-Seq para *Trachurus murphyi* contiene finalmente un total de 300 lecturas con 651 variantes o loci SNPs, las cuales incluyen 15 variantes sexuales, 538 neutrales y 45 adaptativas.

Los resultados y el desempeño del panel SNPs/GT-Seq desarrollado en este proyecto para *Trachurus murphyi* son consistentes con lo esperado para plataformas GT-seq de baja densidad (300 SNPs) diseñadas para genotipar cientos o miles de individuos en diversas especies (Hayward et al., 2022; Homola et al., 2023). Este tipo de paneles destaca por su alta reproducibilidad y bajo costo por muestra, lo que los hace especialmente útiles en monitoreos poblacionales de especies de interés comercial, ecológico, amenazadas o en peligro de extinción (Campbell et al., 2015). Además, han sido aplicados con éxito en el seguimiento de especies amenazadas, minimizando la manipulación de los individuos (Garrett et al., 2024).

La incorporación simultánea de loci que muestran distintos patrones de herencia (sexuales, neutrales y adaptativos) es un resultado esperable y deseable en este tipo de paneles, ya que incrementa su versatilidad para abordar diversas preguntas biológicas y de manejo. La inclusión de loci sexuales permite identificar el sexo de los individuos

directamente desde el mismo panel, lo que facilita controlar el posible sesgo que los cromosomas sexuales pueden generar en estimaciones de estructura genética neutra (flujo génico y deriva). Además, posibilita analizar patrones demográficos o de dispersión diferenciados por sexo (Fu et al., 2024; Sember et al., 2021). Por otro lado, los loci neutrales aportan información sobre procesos demográficos, conectividad y variación temporal, que son métricas estándar en programas de monitoreo genético en pesquerías (Hayward et al., 2022). Finalmente, la inclusión de loci adaptativos permite detectar diferenciación asociada a factores ambientales (selección natural). En muchos casos, el flujo génico puede enmascarar señales adaptativas, y la incorporación de estos loci revela patrones de adaptación local ocultos en la variación neutral general de la especie. Su presencia en paneles de loci SNPs favorece la identificación de unidades poblacionales y la evaluación de su vulnerabilidad frente al cambio ambiental y la presión pesquera.

En Chile, algunos estudios recientes han evidenciado este enmascaramiento de los patrones adaptativos bajo señales neutrales amplias en especies con alto flujo génico (Canales-Aguirre et al., 2022; Claire et al., 2025). Los loci sexuales identificados e incorporados en este panel también fueron recientemente destacados en la determinación molecular del sexo y en la caracterización del sistema de determinación sexual de *T. murphyi* (Canales-Aguirre et al., 2025).

En conjunto, los resultados obtenidos se alinean con experiencias previas donde paneles SNPs/GT-Seq han sido desarrollados exitosamente y llevados a la práctica en especies de importancia pesquera (McKinney et al. 2020, Ledger et al. 2023), destacando su adopción por agencias para el monitoreo operativo de diversidad y estructura genética. Esto respalda la aplicabilidad del presente panel en *Trachurus murphyi* dentro de marcos regionales de manejo, como el de la SPRFMO.

4.2.4 Conclusiones

1. El procedimiento GT-seq, publicado por Campbell et al. (2015), corresponde a una estrategia costo-efectiva para acceder a la información de variantes objetivo. Algunos loci SNPs propuestos para ser parte del panel finalmente no fueron incluidos finalmente debido a que no se amplificaron exitosamente en la totalidad de las muestras, resultando en un panel final de 300 loci SNPs para *Trachurus murphyi*.
2. Algunos loci SNPs propuestos para conformar el panel presentaron variantes multialélicas y estructurales (indels, regiones repetidas), por lo cual fueron eliminados de este panel. Se eliminaron también loci que presentaron una frecuencia alélica menor al 5% e individuos cuya tasa de llamado fuera inferior al 70%.
3. Considerando los filtros aplicados para obtener una base de datos de genotipos representativa de la diversidad genética de *Trachurus murphyi* se generó un panel de SNPs de 276 individuos para 300 lecturas que resultaron en un total de 653 loci SNPs.
4. El panel de SNPs/GT-seq desarrollado para *Trachurus murphyi* es una herramienta flexible, donde en la medida que se genere nueva información o surjan nuevas hipótesis y preguntas biológicas, se pueden excluir o agregar loci para su monitoreo temporal y espacial.
5. Un programa de monitoreo genético anual o bianual para *Trachurus murphyi* es indispensable, siempre considerando en el muestreo la mayor cantidad de información biológica y pesquera asociada a cada muestra, es decir, una metadata robusta.

4.3 Objetivo específico 3.

“Generar un conjunto de marcadores moleculares Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) a partir de Whole Genome Sequencing (WGS) para jurel, que permitan monitorear, caracterizar la diversidad y divergencia genética de la especie, para fines de conservación y manejo pesquero de jurel en el PSO en el marco de la OROP-PS.”

4.3.1 Secuenciación mediante WGS de *Trachurus murphyi*

El genotipado permite analizar variantes polimórficas del genoma, es decir, aquellas que presentan alta variabilidad entre individuos y que, en general, tienen una frecuencia superior al 1 % en la población. Las técnicas de genotipado examinan aproximadamente 700.000 posiciones genómicas por individuo. En contraste, la secuenciación del genoma completo (Whole Genome Sequencing, WGS) analiza la totalidad del genoma, lo que permite detectar variantes poco frecuentes que suelen tener un alto impacto en el desarrollo de fenotipos específicos, como enfermedades, susceptibilidad a agentes patógenos o adaptaciones ambientales, entre otros rasgos (Bonetta et al. 2010, Bick et al. 2017, Gilchrist et al. 2015).

El WGS constituye una herramienta potente para detectar con mayor precisión variaciones genéticas específicas, como SNPs (Khromykh et al. 2015, Fuentes Pardo et al 2017). Existen diversas metodologías y plataformas para obtener genomas completos, que difieren en costos, tiempos de procesamiento y cantidad de información generada (Fuentes Pardo et al 2017). Sin embargo, el elevado costo actual del WGS — particularmente en laboratorios chilenos— limita su aplicación masiva en el presente proyecto, que contempla 390 muestras, además de material adicional de estudios anteriores. Por ello, este análisis se considera de carácter exploratorio, y se aplicó a un

subconjunto de 45 individuos de jurel (*Trachurus murphyi*), distribuidos equitativamente entre Perú, Chile y Nueva Zelanda (15 muestras por país), representando los extremos de la distribución en el Pacífico Sur Oriental.

Esta aproximación permitió identificar nuevos SNPs con mayor cobertura genómica, mapearlos sobre el genoma de referencia desarrollado en el marco del proyecto FIPA N°2021-28, y caracterizar la diversidad genética asociada a estas nuevas variantes. En el futuro, los SNPs informativos identificados mediante WGS podrán ser incorporados en paneles específicos para el monitoreo espacial y temporal de la especie.

Entre las metodologías disponibles para WGS se encuentran la secuenciación de novo del genoma completo y la Whole Genome Resequencing (WGR) (Fuentes-Pardo & Ruzzante, 2017) (Figura 10). Dado que *Trachurus murphyi* ya cuenta con un genoma de referencia (FIPA N°2021-28), se recomienda utilizar WGR. Esta estrategia no solo permite detectar SNPs, sino también variantes estructurales y mutaciones en elementos regulatorios, lo que incrementa el poder para detectar señales de selección natural, adaptaciones locales y la base genética de fenotipos específicos.

Dentro de la WGR, una estrategia costo-efectiva es la re-secuenciación de baja cobertura desde múltiples individuos (low-coverage WGR, lcWGR) (Figura 11). Esta técnica permite, a través de un flujo de trabajo estandarizado, obtener datos genómicos individuales y construir la base de datos correspondiente (Figura 12). En el presente objetivo, se empleó la estrategia lcWGR para estimar la diversidad y conectividad genética de *Trachurus murphyi* en aguas del Pacífico Sur Oriental.

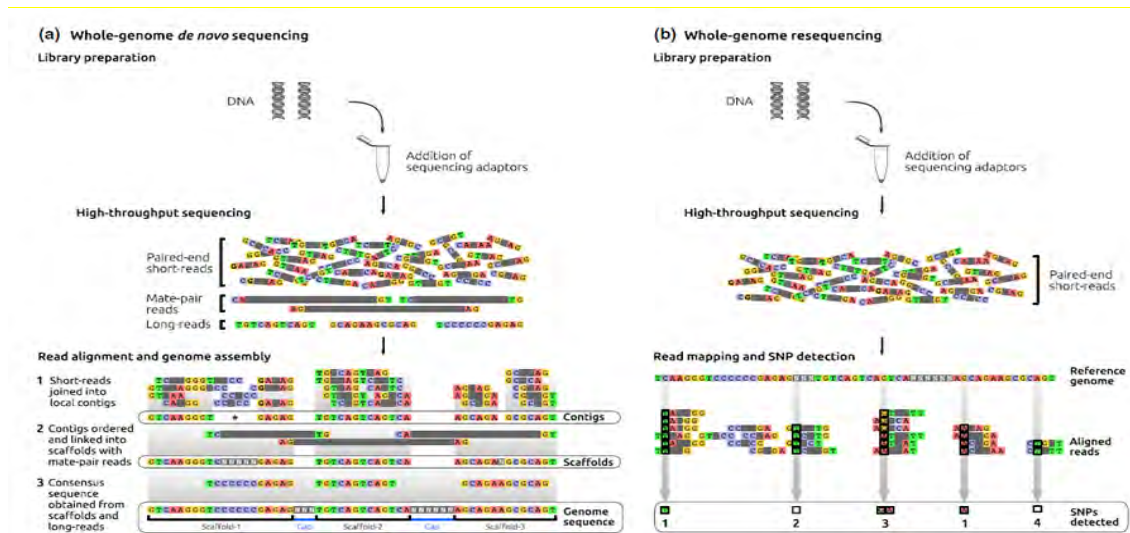


Figura 10. Esquema de procedimientos generales de secuenciación del genoma completo, Whole Genome Sequencing (WGS). a) Whole -genome *de novo* sequencing y b) Whole -genome resequencing (WGR). Extraído desde Fuentes-Pardo & Ruzzante, 2017.

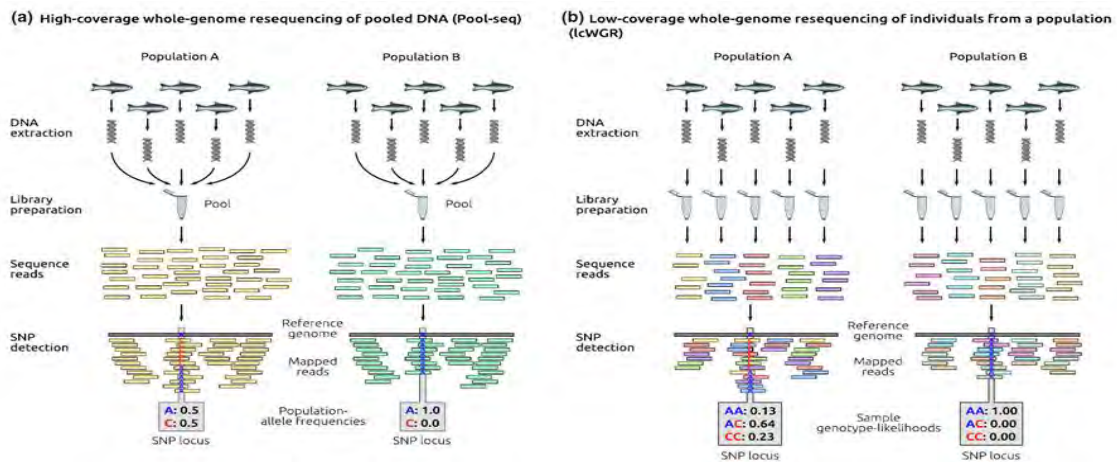


Figura 11. Flujo de adquisición de datos desde poblaciones con métodos basados en WGR. a) Re secuenciación de alta cobertura en el genoma a partir de un pool de ADN (Pool-seq) desde individuos de una población y b) Re secuenciación de baja cobertura en el genoma a partir de individuos de una población (lcWGR). Extraído desde Fuentes-Pardo & Ruzzante, 2017.

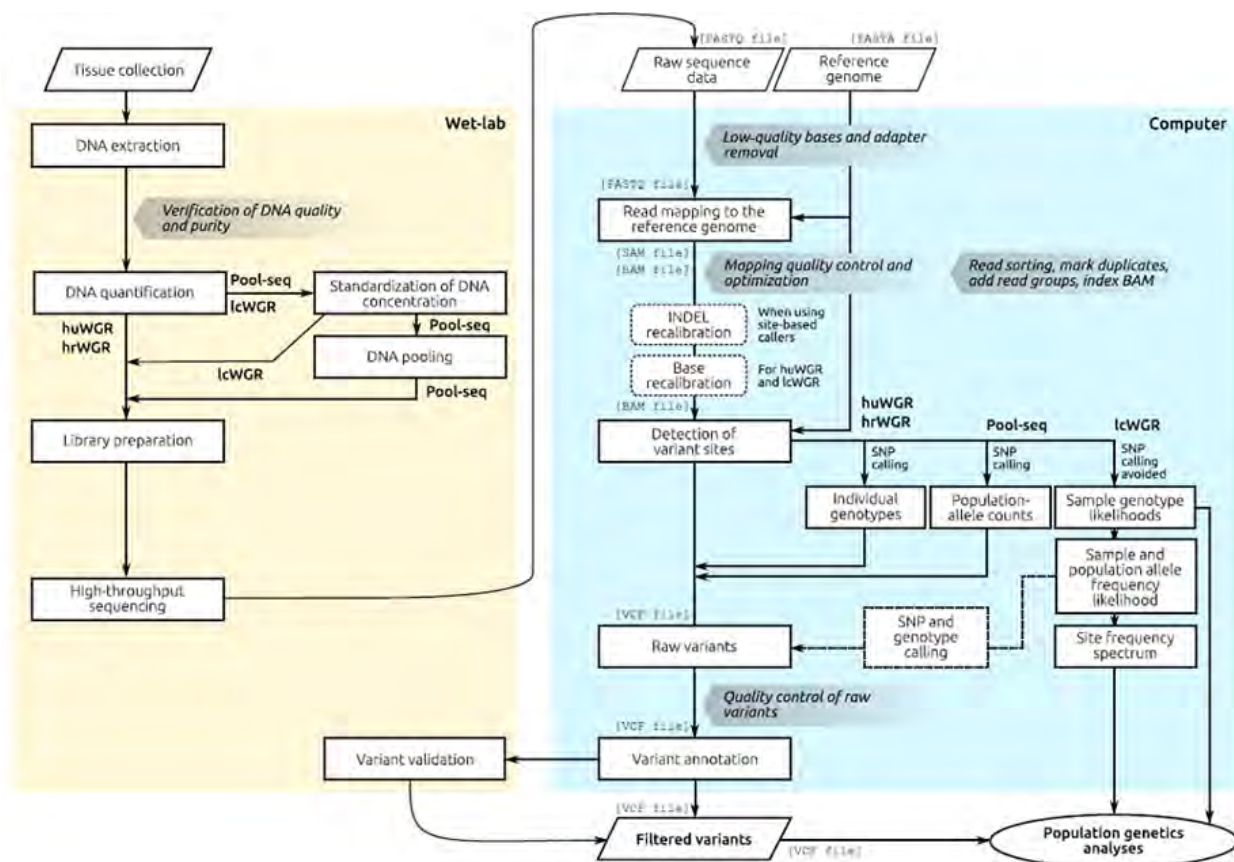


Figura 12. Flujo de trabajo general para la metodología de Whole -genome resequencing (WGR) donde se individualiza, entre otros, el procedimiento lcWGR. Extraído desde Fuentes-Pardo & Ruzzante, 2017.

4.3.2 Metodología

Las localidades de muestreo fueron seleccionadas para maximizar la cobertura en el rango de distribución geográfica de *Trachurus murphyi* en el Pacífico Sur.

Las muestras de jurel fueron recolectadas en la temporada de pesca entre enero y agosto de 2024, incluyendo localidades de Perú, Chile y Nueva Zelanda. En la Tabla 4 se indican las muestras seleccionadas para el análisis de lcWGR, *Low Coverage Whole Genome Resequencing* (lcWGR). Es importante destacar que las muestras de jurel de aguas de Nueva Zelanda fueron capturadas en abril de 2024, por la embarcación industrial

arrastrera TAKATU del SEALORD Group Limited (<https://www.sealord.com/>) que descarga su captura y muestras a fines de julio de 2024. Recién con las muestras en bodega en tierra de SEALORD Group Limited se pudieron tramitar los permisos correspondientes para su importación a Chile. Esto implicó que las muestras arribaran a Chile el 30 de agosto de 2024 (Anexo 7). Con las muestras de jurel de Nueva Zelanda en dependencias del Laboratorio de Genética y Acuicultura de la Universidad de Concepción, se completó el diseño de muestreo propuesto del jurel en el Pacífico Sur como parte del FIPA N°2023-18, y se finalizó el envío de muestras para análisis de lcWGR en Novogene (<https://www.novogene.com/us-en/>). Considérese que en aguas de Nueva Zelanda cohabitan tres especies de jureles; *Trachurus declivis*, *Trachurus novaezelandiae* y *Trachurus murphyi*. Especies difíciles de individualizar por su fenotipo, razón por la cual antes de seleccionar las muestras de jurel para completar el análisis de lcWGR se procedió a corroborar la especie de cada ejemplar realizando un análisis filogenético, a partir de secuenciación Sanger del gen DLoop del ADN mitocondrial, análisis que fue informado en el Objetivo específico 2.

Tabla 4. Muestras de *Trachurus murphyi* seleccionadas para el análisis genómico de *Low Coverage Whole Genome Resequencing* (lcWGR).

N° Placa	Muestra	País	Localidad	Fecha Muestreo	Latitud	Longitud	Longitud Total (cm)	Peso Total (gramos)	Sexo	Edad asignada
A1	809	Perú	Callao	25-01-2024	-17,15	-78,01	58	1293	M	7
B1	810	Perú	Callao	25-01-2024	-17,15	-78,01	49	631	M	5
C1	818	Perú	Callao	25-01-2024	-17,15	-78,01	49,5	1084	H	7
D1	827	Perú	Callao	25-01-2024	-17,15	-78,01	46	849	H	5
E1	833	Perú	Callao	25-01-2024	-17,15	-78,01	50,5	935	H	6
F1	839	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	417	H	4
G1	840	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	482	M	5
H1	841	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	553	M	4
A2	846	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	518	H	5
B2	848	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	461	H	5
C2	869	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	33	301	M	3
D2	870	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	33,5	324	M	3
E2	871	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	37	433	M	5
F2	872	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	33	352	H	3
G2	874	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	31,5	265	H	4
H2	1094	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	37	402,1	M	3
A3	1095	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	41	581,8	H	3
B3	1096	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	692,9	M	6
C3	1098	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	653,6	H	5
D3	1099	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42	601,4	H	6
E3	783	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	40	537,1	M	2
F3	784	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	441,8	H	3
G3	785	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	508,5	H	4
H3	786	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	33,5	355,2	H	4
A4	787	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	203,1	M	4
B4	1054	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	874,5	H	6
C4	1055	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	950,8	M	8
D4	1056	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	873,8	M	6
E4	1057	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	1097,6	H	7

F4	1059	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	45	733,8	M	3
G4	1132	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1220		
H4	1133	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1260		
A5	1135	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1240		
B5	1136	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1210		
C5	1137	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1225		
D5	1138	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1345		
E5	1139	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1295		
F5	1142	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1215		
G5	1143	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1325		
H5	1144	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1235		
A6	1147	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1270		
B6	1148	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1310		
C6	1149	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1235		
D6	1154	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,58	167,15		635		
E6	1155	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,59	167,16		600		

4.3.2.1 Extracción de ADN genómico de *Trachurus murphyi*

La extracción de ADN se realizó a partir de 50 mg de tejido de musculatura blanca utilizando el protocolo estándar de *Qiagen DNEasy Blood and Tissue Kits*, con modificaciones al protocolo para maximizar la cantidad y calidad del extracto de ADN genómico de cada muestra (Schweizer & DeSaix, 2023). La cantidad y calidad del ADN se determinó mediante el parámetro de calidad de control, QG, en equipo Qubit® fluorómetro (Thermo Fisher), los ejemplares seleccionados son aquellos con concentraciones de ADN $\geq 10 \text{ ng}/\mu\text{L}$, con una cantidad $\geq 200 \text{ ng}$. Considerándose además cocientes de $\text{OD}_{260/280} = 1,8 - 2,0$ para ADN no contaminado ni degradado.

4.3.2.2 Control de calidad, preparación y secuenciación de la biblioteca genómica

Desde las muestras de ADN hasta los datos finales, cada paso, incluyendo el análisis de la muestra, la preparación de la biblioteca y la secuenciación influye en la calidad de los datos, y esta calidad impacta directamente en los resultados del análisis (Figura 13). Para garantizar la fiabilidad de los datos, Novogene (<https://www.novogene.com/us-en/>), realiza un control de calidad (CC) en cada paso del procedimiento (Figura 13A).

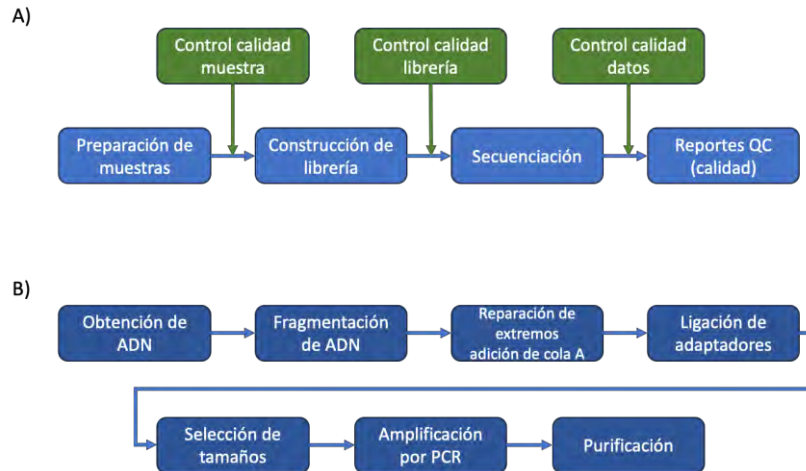


Figura 13. Flujo de trabajo asociado a control de calidad del ADN (A) y (B) procedimientos experimentales de preparación de la biblioteca o librería de ADN para *Trachurus murphyi*.

4.3.2.3 Controles de calidad

El procedimiento tuvo tres etapas de control de calidad (Figura 13A): i) control de calidad de muestras, ii) de la librería; y iii) de los datos. El control de calidad de muestras fue realizado utilizando dos pasos: (1) Nanodrop, para una cuantificación preliminar de cada muestra, y (2) Electroforesis en gel de agarosa, para visibilizar potencial degradación del ADN y contaminación. El control de calidad de la librería constó de tres pasos: (1) Qubit 2.0, para una cuantificación preliminar de la concentración de la biblioteca; (2) qPCR, para una cuantificación precisa de la concentración efectiva de la biblioteca; (3) Agilent 2100, para conocer el tamaño del inserto. Control de calidad de datos: En este paso se calculó la tasa de error ("e") y el valor de calidad Qphred mediante la ecuación: $Q_{phred} = -10\log_{10}(e)$; donde: e: Tasa de error por base (probabilidad de error de secuenciación) y Qphred: Valor de calidad en escala Phred (mayor valor indica menor probabilidad de error).

4.3.2.4 Construcción de la biblioteca genómica y secuenciación

El procedimiento de construcción de biblioteca genómica y posterior secuenciación tiene diferentes etapas (Figura 13B). El ADN genómico se cortó aleatoriamente en fragmentos más cortos. Posteriormente, se repararon los extremos de los fragmentos obtenidos, se les añadió una cola A y se ligaron con adaptadores Illumina. Los fragmentos resultantes con adaptadores se seleccionaron por tamaño, se amplificaron por PCR, y se purificaron. La biblioteca se cuantificó mediante Qubit y qPCR, y la distribución de tamaño se detectó con un analizador de fragmentos Agilent 2100. Las bibliotecas cuantificadas se agruparon y secuenciaron en plataformas Illumina de acuerdo con la concentración efectiva de la biblioteca y la cantidad de datos requerida.

4.3.2.5 Procesamiento de datos de secuenciación

La depuración inicial de las lecturas crudas se realizó utilizando fastp v0.24.0, una herramienta eficiente para el recorte de adaptadores y filtrado de baja calidad en datos de secuenciación masiva (Chen et al., 2018). Los informes generados por fastp se emplearon para evaluar estadísticas de calidad tanto de las secuencias sin procesar como de las ya recortadas. Estas métricas fueron compiladas e integradas mediante MultiQC v1.28, lo que permitió una visualización comparativa eficiente de los resultados de calidad (Ewels et al., 2016). La evaluación de calidad incluyó el análisis de tasas de duplicación de lecturas, número de lecturas después del filtrado, contenido de GC, porcentaje de lecturas que pasaron el filtro (% PF) y contenido de adaptadores. Estas métricas fueron fundamentales para evaluar la calidad general de la corrida de secuenciación e identificar posibles problemas en muestras específicas. Posteriormente, las lecturas limpias fueron

alineadas al genoma de referencia del jurel (*Trachurus murphyi*) mediante BWA v0.7.18 utilizando el algoritmo de alineación mem, adecuado para lecturas de longitud media y larga (Li & Durbin, 2009). Los archivos BAM resultantes fueron ordenados e indexados usando Samtools v1.20 (Li et al., 2009). Para evaluar la calidad de la alineación y estimar la profundidad de cobertura por sitio, se utilizó Qualimap v2.3, que permitió identificar posibles sesgos en la cobertura y otros indicadores de calidad (García-Alcalde et al., 2012).

La detección de variantes de tipo SNP se realizó a partir de los archivos BAM individuales mediante el comando mpileup de Bcftools v1.19, estableciendo un umbral máximo de profundidad de lectura de 50 por sitio para evitar artefactos debidos a regiones altamente repetitivas o mal mapeadas (Danecek et al., 2021). Los archivos VCF individuales resultantes fueron posteriormente combinados en un único archivo VCF ordenado mediante el comando merge de la misma herramienta. El archivo conjunto fue filtrado utilizando Vcftools v0.1.16 bajo criterios estrictos para garantizar una alta calidad en el conjunto de datos final. Se conservaron únicamente SNPs bialélicos con un conteo mínimo de alelo menor de 3, un número máximo de 12 individuos con datos faltantes (de un total de 28), una profundidad promedio máxima de 20 lecturas por sitio en todos los individuos, y una calidad mínima de genotipo de 20 (Danecek et al., 2011). Además, se eliminaron los sitios localizados en el scaffold 95, identificado previamente como correspondiente al ADN mitocondrial.

Finalmente, para los análisis que requieren independencia entre loci, se generó un segundo conjunto de datos a partir del archivo filtrado, aplicando además un filtrado adicional mediante el parámetro --thin para seleccionar SNPs separados por al menos 20.000 pares de bases. Este procedimiento asegura un conjunto de SNPs no ligados, apropiado para análisis de estructura poblacional o inferencia de historia demográfica.

4.3.2.6 Análisis de datos de diversidad genética y divergencia poblacional

La diversidad genética se estimó mediante los estadísticos resumen por localidad, heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e), número privado de alelos (PA) y coeficiente de endogamia (F_{IS}). Todos estos parámetros fueron estimados en el paquete hierfstat v0.04-10 (Goudet 2005).

Para estimar la estructura poblacional de los datos obtenidos se utilizaron dos aproximaciones: i) el índice de estructuración poblacional F_{ST} por pares de localidades, y ii) un análisis de discriminantes de componentes principales (DAPC, en inglés). i) Calculamos los valores de F_{ST} por pares para las diferentes áreas y realizamos pruebas de significancia para cada par utilizando 10,000 permutaciones en el paquete STAMPP (Pembleton et al. 2013). La estimación de F_{ST} siguió el método de Wright (1949), pero se corrigió por el tamaño desigual de las poblaciones según la actualización de Weir y Cockerham (1984) (ver Pembleton et al. 2013). ii) El análisis discriminante de componentes principales (DAPC) que se enfoca en la variabilidad entre grupos fue realizado en el paquete de R ADEGENET v.2.1.10 (Jombart 2008; Jombart and Ahmed 2011). El análisis discriminante, define un modelo en el que la variación genética se divide en un componente entre grupos y otro dentro de grupos, y produce variables sintéticas que maximizan el primero y minimizan el segundo (Jombart et al. 2010). Así, resume la diferenciación genética entre grupos, minimizando la variación intragrupo, logrando la mejor discriminación de los individuos en grupos predefinidos (i.e., áreas). Similar a PCA, no está sujeto a modelos o supuestos genéticos, sin embargo, DAPC es un método basado en hipótesis (Rencher 2002; Thia 2022). Este análisis se llevó a cabo realizando primero un PCA desde los datos de frecuencia alélica (función: tab), donde los datos

faltantes fueron reemplazados por la media de la frecuencia alélica del SNP dado (parámetro: NA.method = "mean"). Posteriormente se realizó una validación cruzada para encontrar el número óptimo de componentes principales (PCs en inglés) a retener en el DAPC (función: xvalDapc; resultado obtenido 200 PCs). El DAPC se llevó a cabo utilizando las áreas como información a priori. Se calculó el porcentaje de varianza para cada eje.

Tanto los análisis de diversidad como los de divergencia genética se realizaron sobre el conjunto de SNPs no ligados.

4.3.3 Resultados

Los datos crudos de WGR mostraron en general buenos resultados. El análisis con MultiQC reveló datos de secuenciación consistentemente de alta calidad en las 28 muestras analizadas finalmente hasta la selección de loci SNPs y análisis poblacional (Tablas 5 y 6).

Tabla 5. Estadísticas generales para muestras de secuenciación de genoma completo para *Trachurus murphyi*.

País	Localidad	ID	% Duplicaciones	Lecturas luego del filtrado	Contenido GC	% lecturas pasando el filtro	% Adaptadores
Peru	CAO	A2	11,6%	51,8M	59,6%	99,0%	1,0%
Peru	CAO	A3	14,3%	62,5M	59,5%	99,0%	0,5%
Peru	CAO	A4	14,5%	53,5M	59,5%	98,9%	0,6%
Peru	CHI	A7	12,4%	57,9M	56,5%	98,7%	1,2%
Peru	CHI	A9	12,4%	51,9M	59,8%	99,0%	0,4%
Peru	CHI	A10	12,6%	56,2M	58,7%	99,0%	0,6%
Peru	SJM	B1	10,4%	49,6M	55,5%	99,0%	1,3%
Peru	SJM	B2	10,2%	51,0M	58,7%	99,0%	0,7%
Peru	SJM	B3	13,8%	59,0M	59,4%	98,9%	0,5%
Peru	SJM	B4	11,6%	54,2M	58,9%	99,0%	0,7%
Peru	SJM	B5	11,9%	57,0M	58,6%	99,0%	0,6%
Chile	IQQ	B6	13,8%	62,5M	58,5%	99,0%	0,8%
Chile	IQQ	B7	12,1%	58,5M	57,9%	99,0%	1,1%
Chile	IQQ	B8	12,3%	67,1M	57,0%	99,0%	1,1%

Tabla 6. Estadísticas generales para muestras de secuenciación de genoma completo para *Trachurus murphyi*.

País	Localidad	ID	% Duplicaciones	Lecturas luego del filtrado	Contenido GC	% lecturas pasando el filtro	% Adaptadores
Chile	IQQ	B9	13,2%	63,5M	58,6%	99,0%	0,9%
Chile	IQQ	B10	11,6%	52,6M	59,1%	99,1%	0,6%
Chile	GAR	C1	11,0%	56,3M	57,3%	98,9%	1,0%
Chile	GAR	C2	13,0%	57,1M	57,6%	98,9%	1,0%
Chile	GAR	C3	7,1%	61,6M	52,8%	98,9%	3,3%
Chile	GAR	C4	13,1%	62,7M	58,6%	99,0%	0,8%
Chile	GAR	C5	11,7%	55,8M	57,1%	98,9%	1,1%
Chile	VAL	C6	11,3%	62,9M	55,6%	98,9%	1,3%
Chile	VAL	C7	11,3%	53,2M	58,4%	99,0%	1,4%
Chile	VAL	C8	14,6%	53,9M	58,7%	99,0%	0,8%
Chile	VAL	C9	14,0%	50,3M	57,8%	99,0%	0,8%
Chile	VAL	C10	13,4%	61,6M	58,5%	99,0%	1,0%
New Zealand	NWZ	D1	15,8%	68,6M	59,4%	99,1%	1,1%
New Zealand	NWZ	D2	13,0%	59,3M	59,6%	99,0%	0,4%

El porcentaje de lecturas que pasaron el filtro (% PF) fue excepcionalmente alto, oscilando entre 98,7% y 99,1%, lo que indica una excelente calidad general de secuenciación (Tablas 5 - 6). Las tasas de duplicación variaron entre muestras, con un rango de 7,1% a 15,8%, lo que sugiere cierta variación en la complejidad de las bibliotecas. El número de lecturas después del filtrado varió entre 49,6 millones y 68,6 millones, proporcionando una profundidad suficiente para los análisis posteriores. La puntuación de calidad por cada posición a lo largo de las lecturas mostró un valor cercano a 40 (Q-score, Phred 40), lo cual indica que cada nucleótido a lo largo de cada secuencia presenta una gran calidad (Figura 14A y E). La distribución del porcentaje de tasa de error dio cuenta de un leve aumento hacia el final de la lectura 150 pb y 300 pb (Figura 14B). El contenido de GC fue relativamente constante entre muestras, variando entre 52,8% y 59,8%, dentro del rango esperado para la mayoría de los organismos (Figura 14C). La contaminación por adaptadores fue generalmente baja, con la mayoría de las muestras mostrando menos del 1,5% de contenido de adaptadores, aunque una muestra (C3) presentó una tasa ligeramente más alta del 3,3% (Tablas 5 - 6, Figura 14D). Estos resultados indican que los datos de secuenciación son de alta calidad y adecuados para análisis posteriores, con sólo variaciones menores entre muestras que deben ser consideradas en las siguientes etapas del estudio.

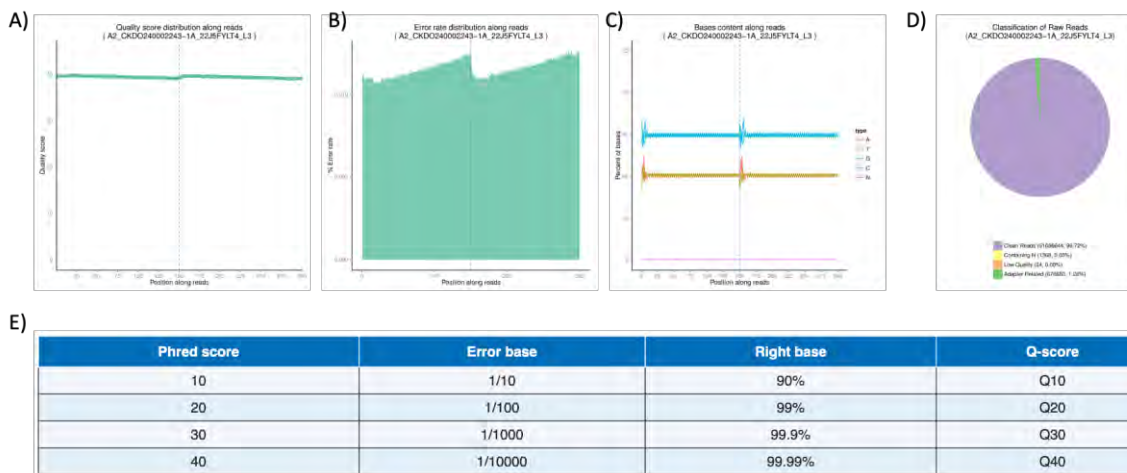


Figura 14. Estadísticas generales para resultados de secuenciación de genoma completo.

A) Distribución de la puntuación de calidad, B) porcentaje de la tasa de error, C) contenido de bases nitrogenadas a lo largo de las lecturas. D) Contenido de lecturas claras, ambigüedades, lecturas de baja calidad y adaptadores. E) Puntuación de calidad para cada posición a lo largo de la lectura.

El porcentaje de lecturas mapeadas contra el genoma de referencia de *Trachurus murphyi* fue bajo y osciló entre 6,1 (A9, Perú) a 51,6 (C3, Chile, Golfo de Arauco) por ciento. Esto indica contaminación en las lecturas, pese a su excelente calidad (Tabla 7).

Tabla 7. Resumen de lecturas mapeadas contra genoma de referencia de *Trachurus murphyi*

ID	Lecturas (M)	Lecturas mapeadas (M)	% Lecturas mapeadas
A10	49,26	5,39	10,9
A2	45,83	3,25	7,1
A3	53,58	3,42	6,4
A4	45,75	3,03	6,6
A7	51,26	12,59	24,6
A9	45,38	2,77	6,1
B1	45,02	13,92	30,9
B10	46,60	4,24	9,1
B2	45,90	5,49	12,0
B3	50,91	3,85	7,6
B4	48,05	5,10	10,6
B5	50,35	6,23	12,4
B6	53,97	6,24	11,6
B7	51,73	8,73	16,9
B8	59,29	12,80	21,6
B9	55,29	7,31	13,2
C1	50,45	10,39	20,6
C10	53,52	6,91	12,9
C2	49,96	8,84	17,7
C3	58,47	30,17	51,6
C4	54,60	6,86	12,6
C5	49,69	10,72	21,6
C6	56,44	16,80	29,8
C7	47,39	6,94	14,6
C8	46,14	4,95	10,7
C9	43,50	6,96	16,0
D1	57,83	5,11	8,8
D2	51,55	2,89	5,6

En resumen, el conjunto de datos inicial, se secuenció un promedio de 57.25 millones de lecturas por individuo, con una profundidad media de lectura de aproximadamente 1,09×. A pesar del bajo alineamiento de las lecturas contra el genoma de referencia, resultado de una potencial contaminación, se pudo identificar variantes SNPs. A partir de estas lecturas alineadas, se detectaron 21.048.522 SNPs crudos, los cuales fueron filtrados hasta obtener 5.522 y 4.189 sitios para los conjuntos de datos de SNPs ligados y no ligados, respectivamente.

4.3.3.1 Diversidad genética y divergencia poblacional para *Trachurus murphyi*

Los estadísticos resúmenes de la diversidad genética en las áreas muestradas de Perú, Chile y Nueva Zelanda, utilizando datos de SNPs derivados de secuenciación de genoma completo se muestran en la Tabla 8. El número de muestras por área varió entre 2 (NWZ, Nueva Zelanda) y 6 (PerB, Perú-Chimbote) individuos. En cuanto a los alelos privados (PA), solo el área PerB (Chimbote) presentó alelos exclusivos ($n = 3$). Los niveles de heterocigosidad observada (H_o) fueron generalmente altos en Chile y Perú, con valores que oscilaron entre 0,234 (PerB, Callao-Chimbote) y 0,464 (Chil, Valdivia). En contraste, las muestras de Nueva Zelanda (NWZ) presentaron el valor más bajo de H_o (0,136). La heterocigosidad esperada (H_e) mostró un patrón similar, con los valores más altos registrados en Chile (0,350 en Chil, Valdivia) y el valor más bajo también en NWZ (0,124). Los coeficientes de endogamia (F_{is}) fueron negativos en todas las localidades. Este patrón fue particularmente marcado en las poblaciones chilenas, donde los valores de F_{is} oscilaron entre -0,243 (ChiA, Iquique) y -0,275 (ChiG, Golfo de Arauco). Así, las

poblaciones chilenas (ChiA, Iquique - Chil- Valdivia) de *Trachurus murphyi* mostraron una mayor diversidad genética en comparación con las poblaciones de Perú y Nueva Zelanda.

Tabla 8. Estadísticos resumen de diversidad genética en SNPs obtenidos desde WGR.

País	Área	N	PA	Ho	He	Fis
Perú	PerB	6	0	0,234	0,209	-0,082
Perú	PerC	5	3	0,341	0,283	-0,157
Chile	ChiA	5	0	0,437	0,336	-0,243
Chile	ChiG	5	0	0,446	0,334	-0,275
Chile	Chil	5	0	0,464	0,350	-0,272
Nueva Zelanda	NWZ	2	0	0,136	0,124	-0,101

N, número de muestras; PA, Alelos privados; Ho, Heterocigosidad observada; He, Heterocigosidad esperada; Fis, coeficiente de endogamia.

El análisis de diferenciación genética basado en los valores de F_{st} entre pares de áreas indicó una baja estructuración poblacional entre las localidades muestreadas de *Trachurus murphyi* (Tabla 9). La mayoría de los valores de F_{st} fueron cercanos a cero o negativos.

Entre las áreas peruanas (PerB, Callao-Chimbote y PerC, San Juan de Marcona), el valor de F_{st} fue prácticamente nulo (-0,001, valor-p = 0,736). Del mismo modo, las comparaciones entre las áreas chilenas (ChiA, ChiG, Chil) también presentaron valores muy bajos o negativos (rango: -0,007 a 0,005) con valores no significativos entre sus comparaciones. La comparación entre Nueva Zelanda (NWZ) y las demás áreas arrojó valores ligeramente negativos o cercanos a cero, con F_{st} de hasta -0,009 con PerC, San Juan de Marcona y 0,035 con ChiA, Iquique. Sin embargo, los valores de probabilidad

asociados indican que estas diferencias no son estadísticamente significativas comparadas con muestras de Perú, pero sí comparado con muestras de Chile. En general, no se detectaron diferencias genéticas significativas entre ningún par de poblaciones por país, más si entre Chile y las demás, lo que no sugiere una estructura poblacional panmíctica o una alta conectividad entre áreas geográficamente distantes.

Tabla 9. Estadístico Fst por pares de áreas (bajo la diagonal) y valores de probabilidad (sobre la diagonal) para loci SNPs generados por WGR en *Trachurus murphyi*.

	PerB	PerC	ChiA	ChiG	Chil	NwzA
PerB	-	0,7366	0	0	0	1
PerC	-0,001	-	0,7255	0,0246	0,0097	0,9947
ChiA	0,035	-0,001	-	0,9957	0,9999	0
ChiG	0,049	0,004	-0,005	-	0,9622	0
Chil	0,046	0,005	-0,007	-0,004	-	0
NWZ	-0,04	-0,009	0,035	0,058	0,052	-

El análisis de discriminantes de componentes principales (DAPC) no reveló una clara estructura genética entre las áreas de *Trachurus murphyi* (Figura 15). La primera dimensión discriminante (Axis 1), que explica el 73,1% de la variación genética, separa parcialmente a los individuos de Perú (PerB, Callao-Chimbote, PerC, San Juan de Marcona) de aquellos de Chile (ChiA, ChiG, Chil), aunque con una superposición al centro del diagrama. La segunda dimensión (Axis 2), que explica un 17,5% adicional de la variación, no contribuye sustancialmente a una separación entre grupos geográficos. Los individuos de Nueva Zelanda (NWZ) se posicionaron cercanos a los individuos

muestreados en Perú en el espacio discriminante, indicando una mayor afinidad genética con estos en comparación con los individuos chilenos. Sin embargo, esta agrupación no es estricta, y se observa solapamiento entre individuos de diferentes localidades, lo que sugiere una débil diferenciación genética entre áreas geográficas pese a que algunas muestras chilenas están algo segregadas. En conjunto, el análisis DAPC respalda los resultados obtenidos a partir de los valores de F_{st} , indicando una estructura poblacional poco pronunciada y alta conectividad genética a lo largo del rango de distribución analizado.

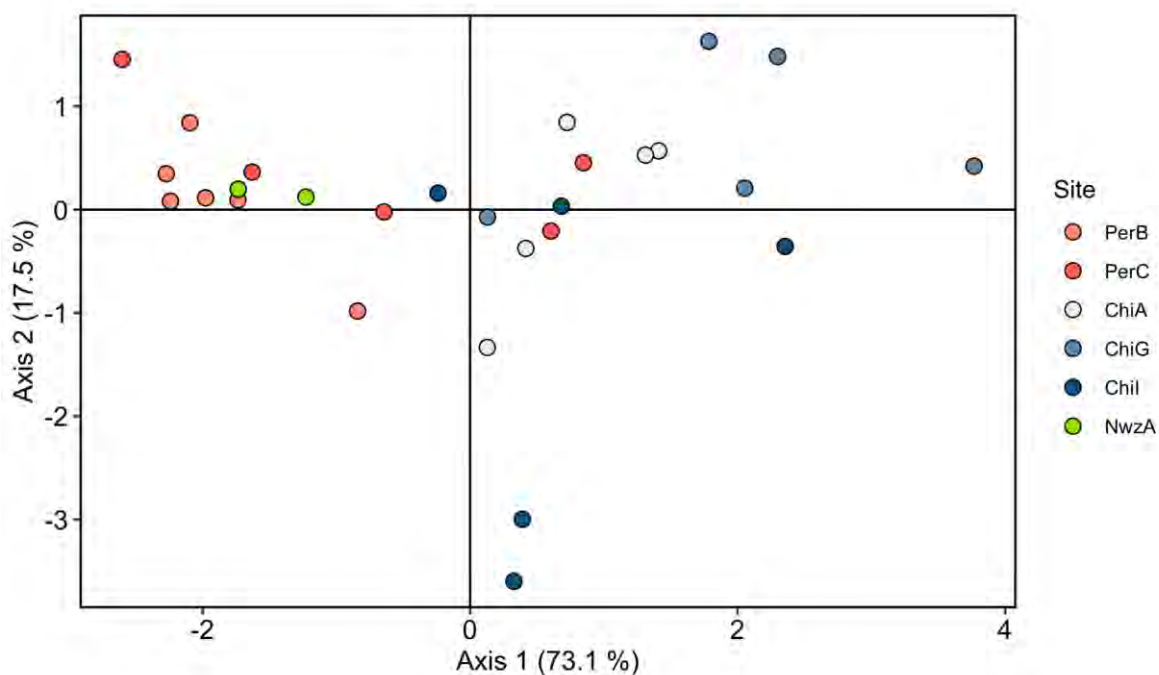


Figura 15. Análisis de discriminantes de componentes principales (PCA) basado en 4.189 SNPs no ligados para individuos de Chile, Nueva Zelanda y Perú.

4.3.4 Discusión

Los resultados del análisis de secuenciación de genoma completo (WGR) indican que la calidad de los datos generados es alta y consistente entre muestras, lo que proporciona una base sólida para los análisis genómicos posteriores. La elevada proporción de lecturas que pasaron los filtros de calidad ($>98,7\%$), junto con valores Q cercanos a 40 y una baja presencia de adaptadores, indican que las bibliotecas generadas y las condiciones de secuenciación fueron óptimas. La tasa de duplicación observada, aunque variable ($7,1\% - 15,8\%$), se encuentra dentro de los rangos esperados para estudios de esta naturaleza y puede estar asociada con diferencias en la complejidad del ADN de origen o con variaciones técnicas entre preparaciones de muestras. El contenido de GC fue consistente y no se observaron valores atípicos, lo cual respalda la ausencia de sesgos sistemáticos en la secuenciación. Asimismo, la profundidad de secuenciación alcanzada (~ 57 millones de lecturas por muestra, $\sim 1\times$ de cobertura) fue suficiente para detectar un gran número de SNPs (~ 21 millones), que luego fueron filtrados rigurosamente para obtener conjuntos de datos informativos y de alta calidad. Desafortunadamente, a pesar de que las secuencias presentaban excelente calidad estas presentaron contaminación generando solo alineamientos entre 5 y 50%. Consideramos que el transporte y la modalidad de envío indicada por la empresa promovió la generación y proliferación de bacterias *Pseudomona* spp. A pesar de esto, las lecturas que fueron alineadas contra el genoma de referencia de *Trachurus murphyi* fueron suficientes para identificar loci informativos para estudios de diversidad y divergencia genética.

Los análisis de diversidad genética muestran una clara tendencia: las poblaciones chilenas de *Trachurus murphyi* presentan los mayores niveles de heterocigosidad observada y esperada, así como los valores más negativos de Fis, lo que sugiere una

estructura genética con poca endogamia y una alta variabilidad genética. En contraste, la población de Nueva Zelanda presentó los niveles más bajos de diversidad, probablemente asociados al reducido número de individuos muestreados y a posibles cuellos de botella poblacionales o efectos fundadores. La presencia de alelos privados sólo en el norte de Perú, Chimbote (PerB) revela diversidad genética particular que debería ser monitoreada de *Trachurus murphyi*.

4.3.5 Conclusiones

1. Los datos de secuenciación de genoma completo generados en este estudio son de alta calidad, con parámetros técnicos dentro de los estándares aceptados y adecuados para análisis de diversidad y estructura genética.
2. Los 4189 loci SNPs detectados y caracterizados mediante secuencia completa del genoma de *Trachurus murphyi* pueden ser agregados al panel **SNPs/GT-seq**.
3. El transporte de las muestras promovió la proliferación de bacterias y pese a la buena calidad de las secuencias sólo un bajo porcentaje correspondió a *Trachurus murphyi*. No obstante, suficiente para identificar SNPs y realizar los análisis comprometidos.
4. Se detectó una considerable diversidad genética en las poblaciones de *Trachurus murphyi*, particularmente en las localidades chilenas, que presentaron los valores más altos de heterocigosidad y los coeficientes de endogamia más negativos.
5. Los análisis de diferenciación genética (F_{st}) y de agrupamiento (DAPC) no revelaron una clara estructura poblacional marcada entre las áreas geográficas muestreadas, lo que sugiere una alta conectividad genética o una dispersión histórica reciente.

6. En conjunto, los resultados apoyan la hipótesis de una población ampliamente interconectada de *Trachurus murphyi* a lo largo del Pacífico suroriental y occidental, con implicaciones importantes para su manejo pesquero y conservación genética.
7. Los resultados deben ser considerados con cautela dado el bajo alineamiento contra el genoma de referencia de la especie.

4.4 Objetivo específico 4.

*–Estimar la diversidad y conectividad genética a escala espacio-temporal, así como también, la proporción de mezcla entre los grupos genéticamente divergentes que se evidencien en el jurel (*Trachurus murphyi*) en aguas del Pacífico Suroriental. Esto a partir de los marcadores moleculares SNPs de los objetivos específicos 2 y 3”*

4.4.1 Introducción

El jurel, *Trachurus murphyi*, una especie pelágica ampliamente distribuida en el océano Pacífico Suroriental, constituye uno de los recursos pesqueros más importantes de la región, tanto por su volumen de captura como por su relevancia económica y ecológica (Serra et al. 1991). A pesar de su relevancia, aún hay incerteza respecto a su estructura poblacional, los patrones de conectividad entre grupos espaciales y temporales, y la dinámica de mezcla entre linajes genéticamente diferenciados, que ha resultado en varias investigaciones que tratan de dilucidar esto (e.g., Cárdenas et al. 2009; Canales-Aguirre et al. 2010, 2025; Galleguillos et al. 2011, 2012; Ferrada Fuentes et al. 2023,). Estas interrogantes no sólo tienen implicancias científicas fundamentales en el estudio de la evolución y ecología de especies marinas altamente migratorias, sino que también son críticas para el diseño de estrategias de manejo pesquero sostenibles y adaptativas en un escenario cambiante tanto ambiental como político.

La delimitación de unidades biológicas y el entendimiento de sus patrones de conectividad son aspectos centrales en la biología de la conservación y en el manejo de especies explotadas (Reiss et al. 2009). Tradicionalmente, la estructura poblacional en peces pelágicos ha sido difícil de caracterizar debido a la alta capacidad de dispersión, la ausencia de barreras físicas obvias y la homogeneidad ambiental a gran escala. Sin

embargo, avances recientes en genómica poblacional han permitido superar las limitaciones impuestas por los marcadores genéticos clásicos (e.g., microsatélites o marcadores mitocondriales; Cárdenas et al. 2009, Ferrada Fuentes et al. 2023), proporcionando herramientas de alta resolución, como los polimorfismos de nucleótido único (SNPs), que permiten detectar patrones sutiles de diferenciación genética y flujos génicos en especies con historia demográfica compleja o conectividad parcial (e.g., Canales-Aguirre et al. 2022).

En este contexto, estudiar la diversidad y conectividad genética de *Trachurus murphyi* mediante marcadores SNPs representa una oportunidad para conocer procesos evolutivos y ecológicos subyacentes a la dinámica poblacional de esta especie. Diversos estudios previos han propuesto la existencia de más de una unidad poblacional en el Pacífico Suroriental, pero los resultados han sido inconsistentes y, en muchos casos, dependientes del marcador utilizado o del marco espacial y temporal del muestreo (Serra et al. 1991; Cubillos et al. 2008, George-Nascimento et al. 2000; Oliva 1999; Vázquez et al. 2013; Cardenas et al. 2009, Ferrada Fuentes et al. 2023, Canales-Aguirre et al. 2025) . Estas inconsistencias resaltan la necesidad de abordar la estructura poblacional con un enfoque integrador, que combine alta resolución genética con un diseño de muestreo explícitamente espacio-temporal.

La estimación de la proporción de mezcla entre grupos genéticamente divergentes es particularmente relevante en el caso del jurel, dado que la especie presenta una amplia distribución geográfica, una alta capacidad de desplazamiento y potenciales eventos de migración masiva asociados a corrientes oceánicas, como la corriente de Humboldt. Tales eventos pueden generar patrones de mezcla no aleatoria entre grupos con historia

evolutiva diferenciada, afectando tanto la estabilidad de las poblaciones locales como las estrategias óptimas de manejo a nivel regional. Además, la presencia de mezcla genética no detectada o mal interpretada puede llevar a subestimar la vulnerabilidad de subpoblaciones a la sobreexplotación o al cambio ambiental, especialmente si existen diferencias en los rasgos de historia de vida entre linajes.

Desde una perspectiva aplicada, comprender la estructura genética y los patrones de conectividad en *Trachurus murphyi* es crucial para avanzar hacia un manejo pesquero ecosistémico, basado en unidades biológicas reales y no arbitrarias. Este enfoque es particularmente relevante en el contexto de pesquerías transfronterizas, como la del jurel, que requiere una coordinación internacional efectiva y sustentada en evidencia científica sólida. La genómica poblacional puede proporcionar dicha evidencia, ofreciendo estimaciones robustas de diferenciación genética, diversidad intra e intergrupal, conectividad histórica y contemporánea, así como inferencias acerca de la proporción de mezcla entre linajes o stocks.

Por lo tanto, el presente objetivo se enfoca en estimar la diversidad y conectividad genética a escala espacio-temporal, así como la proporción de mezcla entre los grupos genéticamente divergentes que se evidencien en *Trachurus murphyi* en aguas del Pacífico Suroriental, utilizando como base los datos genómicos obtenidos a partir de marcadores SNPs desarrollados en el objetivo específico 2. Este enfoque permitirá integrar los patrones observados con procesos biológicos y oceanográficos subyacentes, aportando elementos clave para la delimitación de unidades de manejo y la evaluación del estado poblacional de la especie bajo un marco de conservación evolutiva.

4.4.2 Metodología

4.4.2.1 Estadísticos resumen de diversidad genética por área del Pacífico Sur para *Trachurus murphyi*

Para este objetivo se aplicó el panel de loci SNPs generado en el objetivo 1, el cual contiene un total de 300 lecturas con 651 variantes para 276 individuos. Se utilizaron las áreas destacadas en verde en la figura 16, las cuales incluyen áreas con muestras desde el año 2007 al 2024. Áreas en las cuales no se pudo obtener muestras para la temporada 2023-2024 fueron excluidas de los análisis. Por ejemplo, en el caso de las muestras de Nueva Zelanda, estas incluyeron individuos del 2008, 2011 y 2024.

Se estimó estadísticos resumen de diversidad genética, agrupando localidades en un área determinada por su cercanía geográfica (Figura 16) (Tabla 10). Se estimó la heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e), número privado de alelos (PA) y coeficiente de endogamia (F_{IS}). Todos los parámetros estimados en el paquete hierfstat v0.04-10 (Goudet 2005).

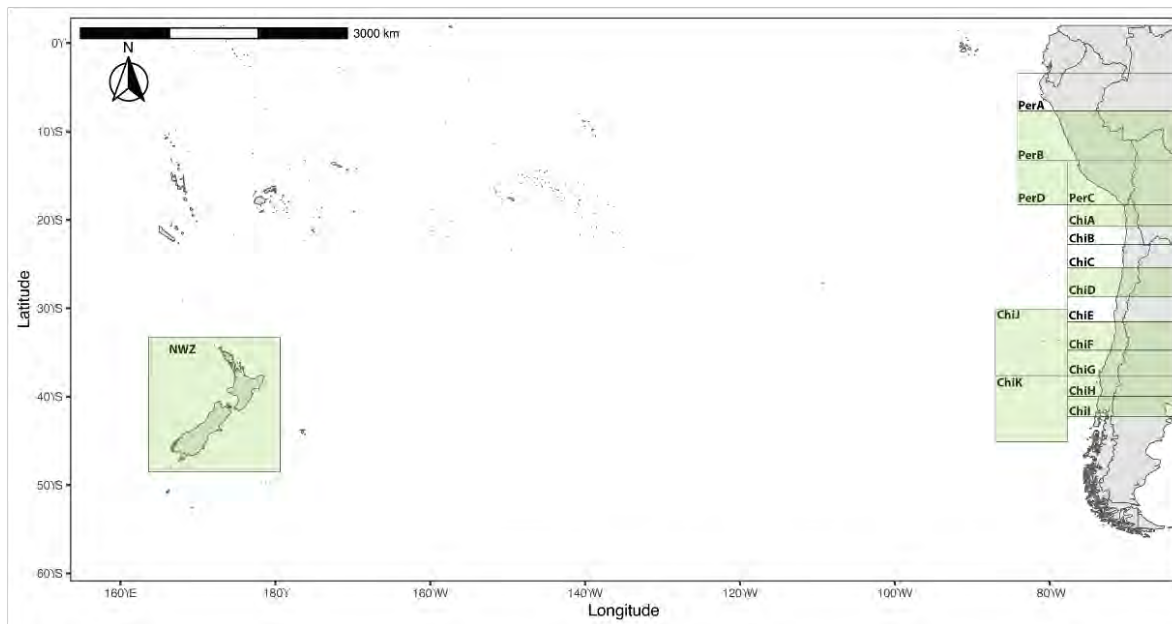


Figura 16. Áreas utilizadas para los análisis estadísticos de *Trachurus murphyi*.

Tabla 10. Localidades de muestreo de *Trachurus murphyi* agrupadas en áreas según su cercanía geográfica. FIPA 2023-18.

País	Nombre área	Nombre localidad	Acrónimo	Año muestreo	LAT	LONG
Perú	PerB	Chimbote_2	CHB_2	2024	-9,15	-79,59
	PerB	Callao	CAO	2024	-12,2	-78,01
	PerC	San Juan de Marcona	SJM	2024	-15,4	-75,4
	PerD	Perú_oceanico	POC	2022	-17,2	-78,23
	PerD	Perú_oceanico_2	POC_2	2022	-17,3	-78,23
Chile	ChiA	Iquique_4	IQQ_4	2024	-20,1	-70,14
	ChiD	Caldera_2	CAL_2	2024	-27,1	-71,01
	ChiF	Quintero_1	QUI_1	2024	-32,4	-71,4
	ChiF	Quintero_2	QUI_2	2024	-32,4	-71,41
	ChiG	Golfo_de_Arauco_5	GAR_5	2021	-33,6	-73,64
	ChiJ	Talcahuano_2	THN_2	2007	-33,8	-79,63
	ChiG	Maule_1	MAU_1	2023	-35,1	-72,39
	ChiG	Maule_2	MAU_2	2024	-35,5	-73,16
	ChiG	Golfo_de_Arauco_3	GAR_3	2022	-36	-73,15
	ChiG	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	2024	-36,4	-73,43
	ChiG	Golfo_de_Arauco_2	GAR_2	2022	-36,5	-73,65
	ChiG	Golfo_de_Arauco_4	GAR_4	2021	-36,5	-73,61
	ChiG	Golfo_de_Arauco_1	GAR_1	2022	-36,6	-73,71
	ChiG	Golfo de Arauco_7	GAR_7	2022	-36,9	-73,75
	ChiH	Isla Mocha_3	IsM_3	2024	-38,6	-73,48
	ChiH	Isla Mocha_4	IsM_4	2024	-39,1	-73,49
	Chil	Niebla	NBL	2021	-39,8	-73,43
	Chil	Valdivia	VAL	2024	-40,3	-74,14
	ChiK	Chiloé oceánico	CBO	2007	-44,1	-83,85
Nueva Zelanda	NwzA	Nueva_Zelanda_2	NZW_2	2011	-40	173
	NwzA	Nueva_Zelanda_1	NZW_1	2008	-42,1	170,8
	NwzA	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	2024	-47,5	167,1
	NwzA	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	2024	-48,7	167,1

4.4.2.2 Estimadores de estructura genética poblacional para *Trachurus murphyi* en el Océano Pacífico Sur

Para estimar y visualizar la estructura genética poblacional de los datos obtenidos se utilizaron tres aproximaciones: i) el índice de estructuración poblacional de Wright, llamado F_{ST} por pares de áreas, ii) un análisis de discriminante de componentes principales (DAPC, en inglés), y iii) un análisis bayesiano de cluster (también llamados conglomerados) genéticos. i) Calculamos los valores de F_{ST} por pares para las diferentes áreas y realizamos pruebas de significancia para cada par utilizando 10.000 permutaciones en el paquete STAMPP (Pembleton et al. 2013). La estimación de F_{ST} siguió el método de Wright (1949), pero se corrigió por el tamaño desigual de las poblaciones según la actualización de Weir y Cockerham (1984) (ver Pembleton et al. 2013). ii) El análisis discriminante de componentes principales (DAPC) que se enfoca en la variabilidad entre grupos fue realizado en el paquete de R ADEGENET v.2.1.10 (Jombart 2008; Jombart and Ahmed 2011). El análisis discriminante, define un modelo en el que la variación genética se divide en un componente entre grupos y otro dentro de grupos, y produce variables sintéticas que maximizan el primero y minimizan el segundo (Jombart et al. 2010). Así, resume la diferenciación genética entre grupos, minimizando la variación intragrupo, logrando la mejor discriminación de los individuos en grupos predefinidos (i.e., áreas). Similar a PCA, no está sujeto a modelos o supuestos genéticos, sin embargo DAPC es un método basado en hipótesis (Rencher 2002b; Thia 2022). Este análisis se llevó a cabo realizando primero un PCA desde los datos de frecuencia alélica (función: *tab*), donde los datos faltantes fueron reemplazados por la media de la frecuencia alélica del SNP dado (parámetro: *NA.method* = "mean"). Posteriormente se realizó una validación cruzada para encontrar el número óptimo de componentes principales (PCs en inglés) a retener en el DAPC (función: *xvalDapc*; resultado obtenido

200 PCs). El DAPC se llevó a cabo utilizando las áreas como información a priori. Se calculó el porcentaje de varianza para cada eje. Finalmente, el análisis bayesiano de agrupamientos genéticos se llevó a cabo ya que los modelos bayesianos capturan la estructura genética poblacional describiendo la variación genética en cada población utilizando una distribución de probabilidad posterior conjunta separada sobre los loci, por lo que incorporan la incertidumbre en los análisis, complementando los análisis anteriores. Se utilizó el programa STRUCTURE v.2.3.3 (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2003) para conducir los análisis, ya que este programa es capaz de cuantificar la proporción de cada genoma individual en cada cluster genético inferido (cluster genético equivalente a subpoblaciones), sin necesidad de determinar los cluster a priori. Este programa asume equilibrio de Hardy-Weinberg y de ligamiento dentro de cada cluster genético (i.e., poblaciones). Para identificar el número más probable de poblaciones (K), se testeó un rango de K entre 1 a 6 ($K=1 - 6$), donde $K=1$ significa que los datos genéticos dan cuenta de un sólo cluster genético (no hay estructuración genética significativa) y $K = n$ donde los datos dan cuenta de n cluster genéticos en el set de datos analizados. Los parámetros de los análisis usados fueron: un modelo con mezcla con frecuencias alélicas correlacionadas, cada K se testeó por cinco réplicas de forma independiente, se usó 1000 iteraciones iniciales no utilizadas en el análisis (burning en inglés), y 10000 iteraciones de análisis muestreando cada 1000. Todos los análisis se realizaron utilizando las áreas como información a priori para mejorar la detección de estructura cuando éstas podían ser débiles (Hubisz et al. 2009). Para identificar cual K testeado es el más probable en el set de datos, se estimó el índice ΔK de Evanno (Evanno et al. 2005). Este se basa en la tasa de cambio de la probabilidad logarítmica de los datos entre valores K sucesivos (i.e., $K=1 - 6$).

4.4.2.3 Conectividad genética de *Trachurus murphyi* en el Pacífico sur: estimación de migración relativa

Para comprender el proceso que da lugar a las diferencias genéticas poblacionales evidenciadas en los análisis previos, calculamos las tasas de migración direccional entre áreas utilizando la función `divMigrate` incluida en la aplicación Shiny `divMigrate-online` (Sundqvist et al., 2016). La concepción en la que se basa la función `divMigrate` es que, para cada par de área, se crea un grupo hipotético de migrantes utilizando las frecuencias alélicas inferidas de las dos áreas comparadas. A continuación, se estima una medida de diferenciación genética para el conjunto hipotético y entre cada par de áreas. Esta diferenciación genética direccional obtenida se utiliza entonces para calcular la migración relativa entre las dos áreas. Específicamente, utilizando ambos conjuntos de datos, exploramos las tasas de migración utilizando el índice del número efectivo de migrantes (N_m ; Alcala et al., 2014), como estadística para calcular la migración relativa. Para probar la significancia estadística de las estimaciones de migración asimétricas entre pares de áreas se utilizó 1000 bootstraps. Las estimaciones se realizaron para las 12 áreas indicadas en la Tabla 10.

4.4.3 Resultados

4.4.3.1 Estadísticos resumen de diversidad genética para *Trachurus murphyi* en el océano Pacífico Sur

Los estadísticos resumen de diversidad genética para el panel de loci SNPs/GT-seq de las áreas analizadas en Perú, Chile y Nueva Zelanda se muestran en Tabla 10. Los resultados muestran valores de heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e), que oscilan entre 0,201 (PerC, San Juan de Marcona) – 0,267 (ChiA, Iquique) y 0,180 (PerC, San Juan de Marcona) – 0,217 (ChiA, Iquique), respectivamente (Tabla 11). Por otro lado, el coeficiente de endogamia (F_{is}) para cada área estudiada oscilo entre un menor estimado en ChiaA (Iquique) con un F_{is} de -0,136 y una mayor endogamia en Nueva Zelanda con un estimado de a -0,031 (Tabla 11). En cuanto a los alelos privados, o variantes genéticas exclusivas de un área en estudio, se observa una mayor presencia en Nueva Zelanda y Chile (ChiA, Iquique), con un menor estimado en Perú (San Juan de Marcona).

Tabla 11. Estadísticos resumen de diversidad genética en el panel SNPs/GT-seq de *Trachurus murphyi*.

País	Área	N	PA	Ho	He	Fis
Perú	PerB	70	0	0.205	0.186	-0.053
	PerC	35	1	0.201	0.180	-0.065
	PerD	28	0	0.211	0.194	-0.052
Chile	ChiA	38	0	0.267	0.217	-0.136
	ChiD	30	0	0.202	0.180	-0.076
	ChiF	49	0	0.220	0.192	-0.074
	ChiG	87	2	0.214	0.194	-0.063
	ChiH	40	4	0.204	0.184	-0.065
	Chil	54	0	0.233	0.200	-0.075
	ChiJ	10	2	0.242	0.203	-0.114
	ChiK	10	2	0.244	0.196	-0.084
Nueva Zelanda	NwzA	53	14	0.210	0.194	-0.031

N, número de muestras; PA, Alelos privados; Ho, Heterocigosidad observada; He, Heterocigosidad esperada; Fis, coeficiente de endogamia.

4.4.3.2 Estimadores de estructura genética poblacional de *Trachurus murphyi* en el Océano Pacífico Sur

El índice de estructuración poblacional de Wright (F_{st}) mostró valores bajos, oscilando entre -0,012 (Quintero y Golfo de Arauco) y 0,046 (Tabla 12). Los valores de F_{st} entre áreas peruanas no evidenciaron diferencias significativas. Comparaciones con áreas chilenas evidencian diferencias entre el área de Iquique (ChiA) y las áreas de Perú, y aquellas áreas que involucran zonas oceánicas (ChiJ, Talcahuano y ChiK, Chiloé oceánico) y del extremo sur (Chil-Valdivia y Niebla) de la distribución geográfica de *Trachurus murphyi*. Estas áreas mostraron un índice de estructura genética bajo pero significativo respecto de otras áreas chilenas, más no con áreas de Perú. Esto evidencia a Chile, como una región de alta diversidad y complejidad genética considerando el oceánico Pacífico Sur como el espacio de estudio, el patrón de diferenciación más evidente es donde el área de Nueva Zelanda muestra diferencias genéticas significativas con todas las áreas de Chile y Perú (Tabla 12).

Tabla 12. Estadístico Fst por pares de 12 áreas (bajo la diagonal) y valores de probabilidad (sobre la diagonal) de *Trachurus murphyi* del océano Pacífico Sur. Valores altamente significativos a un valor-p menor o igual a 0,001.

	PerB	PerC	PerD	ChiA	ChiD	ChiF	ChiG	ChiH	ChiI	ChiJ	ChiK	NwzA
PerB	-	0,0804	0,0798	0,0000	0,4230	0,3451	0,4318	0,0244	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
PerC	0,003	-	0,2057	0,0000	0,0029	0,0162	0,0236	0,1622	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
PerD	0,002	0,002	-	0,0995	0,1495	0,3066	0,2564	0,0001	0,0001	0,0000	0,0004	0,0004
ChiA	0,032	0,028	0,015	-	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0125	0,0000	0,0000
ChiD	0,001	0,009	0,004	0,023	-	0,7097	0,9562	0,3734	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
ChiF	0,001	0,006	0,002	0,019	-0,001	-	0,9168	0,1031	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
ChiG	0,000	0,004	0,001	0,017	-0,009	-0,012	-	0,9104	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
ChiH	0,003	0,002	0,001	0,023	0,001	0,003	-0,001	-	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
ChiI	0,019	0,022	0,007	0,008	0,018	0,011	0,011	0,017	-	0,1747	0,0000	0,0000
ChiJ	0,023	0,027	0,015	0,006	0,029	0,023	0,017	0,025	0,002	-	0,0709	0,0051
ChiK	0,036	0,036	0,022	0,029	0,046	0,032	0,032	0,044	0,015	0,006	-	0,0000
NwzA	0,009	0,011	0,005	0,023	0,013	0,012	0,011	0,016	0,010	0,007	0,012	-

Si se realiza una comparación en general para las diversidades y estructura genética obtenidas a partir de ambas metodologías (WGS y GT-seq) se observa que primero los número de muestras son muy variables para ambas metodologías, los valores de heterocigosidad observada, heterocigosidad esperada y coeficiente de endogamia en general son más altos para WGS que para GT-seq, pero esto puede deberse a que para ambas metodologías son diferentes SNPs analizados y dentro de la estimación de estos

parámetros el número total individuos de cada área influye, por lo que del total de diversidad encontrada en la muestra se reparte en una mayor cantidad de individuos en el caso de GT-seq.

Los niveles de heterocigosidad observada (H_o) en WGS fueron generalmente altos en Chile y Perú en contraste con las muestras de Nueva Zelanda (NWZ) que presentaron el valor más bajo de H_o (0,136). En cambio, con GT-seq los niveles de H_o fueron más similares entre los tres países.

En ambas metodologías los coeficientes de endogamia (F_{is}) fueron negativos en todas las localidades. Este patrón fue particularmente marcado en las poblaciones chilenas para WGS. En cambio, para GT-seq los valores son más cercanos para los tres países.

Para WGS el análisis de diferenciación genética basado en los valores de F_{st} entre pares de áreas indicó una baja estructuración poblacional entre las áreas muestreadas (Tabla 9). La mayoría de los valores de F_{st} fueron cercanos a cero o negativos y no significativos. Y con el análisis GT-seq los valores de F_{st} siguen siendo bajos pero significativos, en donde el patrón de diferenciación más evidente es el área de Nueva Zelanda que muestra diferencias genéticas significativas con todas las áreas de Chile y Perú.

La manera correcta en podríamos realizar una comparación significaría utilizar los mismos loci e individuos en ambas metodologías para saber si existe correspondencia entre ellos o no, ya que las discordancias entre los valores en magnitud a partir de la secuenciación de GT-seq y WGS podrían estar dadas por esta razón, ya que en ambos análisis se podrían estar utilizando loci diferentes (Garrett et al. 2025).

El análisis DAPC realizado sobre el panel de loci SNPs/GT-seq evidenció agrupaciones geográficas entre individuos provenientes de diferentes áreas (Figura 17). Así, el patrón más evidente se observa en el eje 1 explicando un 30 % de la variación genética y separa principalmente a los individuos del área de Nueva Zelanda (NwzA) del resto de las áreas del Océano Pacífico Sur oriental. La consideración de muestras temporales en el área de Nueva Zelanda hacen que este patrón de divergencia genética a macroescala sea consistente.

El mismo eje 1 explica el 30% de la variación genética asociada a áreas oceánicas de Chile (ChiI- Valdivia-Niebla, ChiJ - Talcahuano oceánico y ChiK - Chiloé oceánico) y el resto de las áreas. Estas divergencias deben ser interpretadas con precaución, ya que, estas muestras provienen de áreas únicas y que no tienen réplica temporal, por lo que es importante corroborar la estabilidad espacial y temporal mediante un programa de monitoreo genético. El eje 2, explica el 15,2 % de la variación genética y contribuye a distinguir estas áreas oceánicas de Chile, del área de Nueva Zelanda. Las áreas de Perú, en comparación con el resto de áreas no oceánicas de Chile, se agruparon estrechamente, mostrando una menor variación genética entre ellas, y como consecuencia, una menor diferenciación genética, en comparación con la divergencia genética evidenciada entre el océano Pacífico Sur Oriental y el océano Pacífico Sur Occidental (Figura 17).

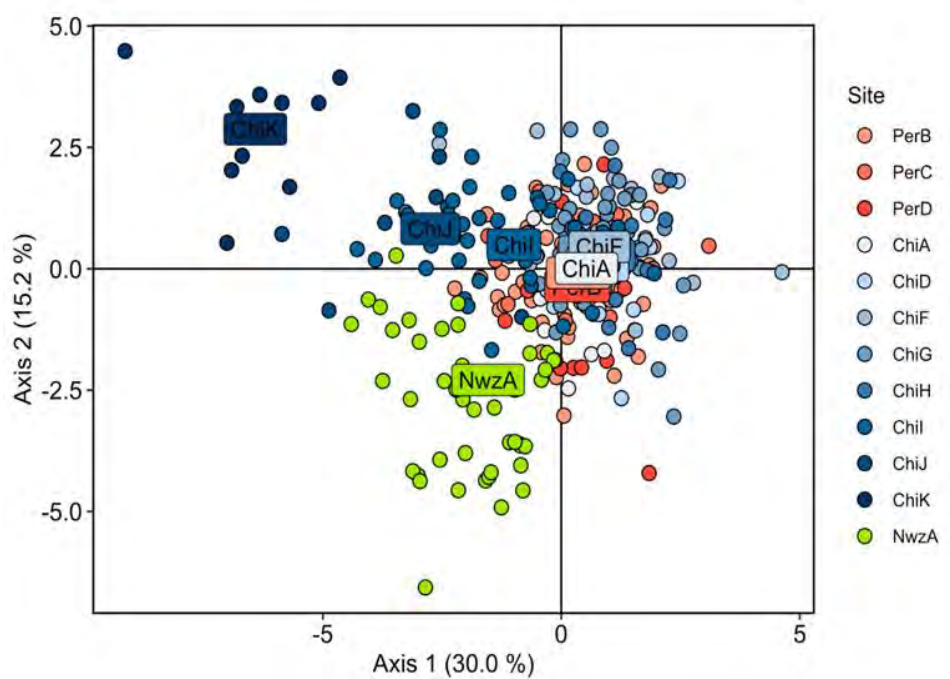


Figura 17. Análisis de discriminantes de componentes principales (DAPC) basado en panel SNPs/GT-seq para 12 áreas Chile, Nueva Zelanda y Perú de *Trachurus murphyi*.

Se realizó un segundo análisis de componentes principales discriminantes (DAPC) (Figura 18), considerando solo aquellas áreas donde se dispone de muestras temporales y un número equilibrado de ejemplares analizados en comparación con otras áreas. El objetivo fue maximizar la variación genética y resaltar los patrones evidenciados a macroescala. Este análisis se llevó a cabo excluyendo las áreas de Talcahuano oceánico (ChiJ) y Chiloé oceánico (ChiK), las cuales no cuentan con una réplica temporal, por lo que solo son muestras únicas. Estas áreas requieren una muestra temporal adicional para corroborar la estabilidad espacial y temporal de la agrupación observada

En este caso el patrón más evidente se observa en el eje 1 explicando un 31.6 % de la variación genética y separa principalmente a los individuos del área de Nueva Zelanda

(NwzA) del resto de las áreas del Océano Pacífico Sur oriental (Figura 18). La consideración de muestras temporales en el área de Nueva Zelanda hacen consistente este patrón de agrupación espacial a macroescala. En el mismo eje 1 el área de Niebla-Valdivia (ChiI) presenta algún grado de variación genética pero siempre solapándose con el resto de las áreas del océano Pacífico Sur Oriental.

El eje 2, explica el 17 % de la variación genética y contribuye a distinguir estas áreas del océano Pacífico Sur Oriental del área de Nueva Zelanda. Las áreas de Perú, respecto al resto de áreas de Chile, se agruparon estrechamente, con una menor variación genética entre ellas, y por consecuencia, una menor diferenciación genética. Este resultado contrasta con el patrón de agrupación evidenciado entre el océano Pacífico Sur Oriental y el océano Pacífico Sur Occidental (Figura 18).

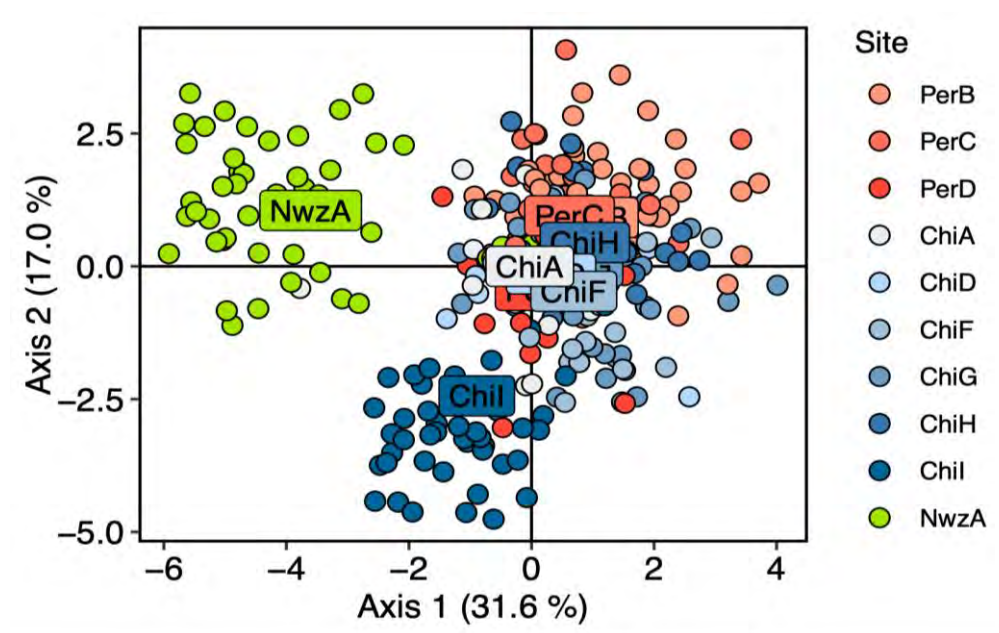


Figura 18. Análisis de discriminantes de componentes principales (DAPC) basado en panel SNPs/GT-seq para 10 áreas Chile, Nueva Zelanda y Perú de *Trachurus murphyi*.

El análisis de STRUCTURE evidencia con mayor probabilidad la existencia de tres clusters genéticos ($K = 3$) según el criterio de Evanno, sin embargo, dada la compleja estructura poblacional y comportamiento migratorio de *Trachurus murphyi* es necesario además visualizar los cluster sucesivos. En general el patrón muestra mezcla entre los individuos para los diferentes cluster identificados. Las áreas localizadas en Perú (PerB–PerD) mostraron a sus individuos asignados a los tres cluster genéticos (designados con colores naranja, verde y púrpura). Las áreas localizadas en Chile (ChiA–Chil) mostraron mezcla también entre los tres cluster genéticos, destacando mayormente su membresía a los cluster verde y púrpura. En el caso de las muestras del área de Nueva Zelanda (NwzA), presentan en todos los escenarios (desde $k = 1$ a $K = 6$) un menor patrón de mezcla entre los tres cluster genéticos más probables, afiliándose mayoritariamente al cluster genético naranja, sugiriendo aislamiento geográfico. Este patrón se robustece a medida que aumenta el número de cluster testeados para $K = 3$, e incrementa su diferenciación hacia K mayores (i.e. $K = 4$ a $K = 6$). Este resultado ratifica el patrón general de diferenciación genética evidenciado desde los estimados de F_{st} y desde al análisis de DAPC, donde las muestras de Nueva Zelanda muestran diferencias genéticas significativas respecto a las muestras de la costa este del océano Pacífico Sur, y las muestras de la costa oriental muestran altos niveles de mezcla genética y por lo tanto reproductiva, siendo un patrón típico de población panmíctica.

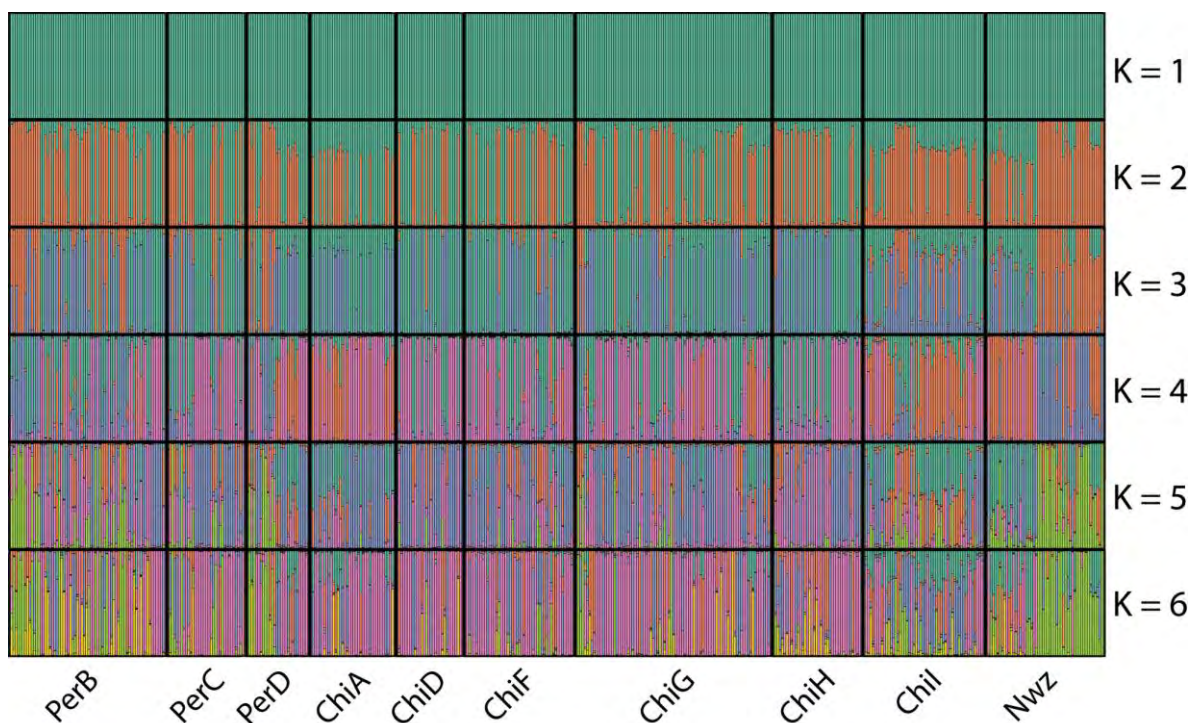


Figura 19. Resultados del análisis bayesiano de cluster genéticos en loci del panel SNPs/GT-seq para 10 áreas (relacionadas con figura 18). Barras verticales representan un vector de coeficientes de pertenencia (valores Q) de genotipos individuales al número más probable de grupos genéticos ($K = 1 - 6$). El criterio de Evanno indicó un $K = 3$ más probable. Las líneas verticales blancas separan las diferentes áreas analizadas. La sigla de cada área se encuentra bajo el gráfico de barras.

4.4.3.3 Conectividad genética y migración relativa de *Trachurus murphyi*

Las estimaciones de migración relativa bidireccional, utilizadas para evaluar cómo la conectividad da cuenta de la mezcla genética entre áreas, mostraron rangos de valores de 0,107 entre Nueva Zelanda a Golfo de Arauco y 1,0 entre Caldera y Perú Oceánico. La mayoría de las tasas de migración relativa entre las áreas oceánicas de Chile (ChiJ -

Talcahuano oceánico y ChiK - Chiloé oceánico) fueron bajas, y aún menores entre en el área de Nueva Zelanda respecto al resto del océano Pacífico Sur Oriental (Tabla 13).

Tabla 13. Tasas de migración relativa bidireccional entre áreas del océano Pacífico Sur para *Trachurus murphyi*.

	PerB	PerC	PerD	ChiA	ChiD	ChiF	ChiG	ChiH	Chil	ChiJ	ChiK	NwzA
PerB	NA	0,470	0,591	0,330	0,597	0,318	0,201	0,486	0,664	0,370	0,303	0,263
PerC	0,548	NA	0,610	0,299	0,656	0,365	0,222	0,485	0,532	0,380	0,213	0,162
PerD	0,795	0,647	NA	0,442	1,000	0,491	0,280	0,685	0,612	0,387	0,267	0,186
ChiA	0,480	0,465	0,679	NA	0,668	0,420	0,248	0,429	0,385	0,331	0,204	0,141
ChiD	0,559	0,629	0,939	0,407	NA	0,629	0,259	0,815	0,652	0,496	0,243	0,142
ChiF	0,430	0,502	0,820	0,359	0,960	NA	0,283	0,597	0,498	0,404	0,216	0,126
ChiG	0,338	0,337	0,491	0,265	0,548	0,338	NA	0,466	0,385	0,330	0,186	0,107
ChiH	0,442	0,492	0,649	0,327	0,868	0,392	0,236	NA	0,553	0,443	0,208	0,137
Chil	0,673	0,496	0,405	0,241	0,595	0,297	0,184	0,497	NA	0,603	0,368	0,215
ChiJ	0,323	0,285	0,235	0,172	0,343	0,208	0,141	0,264	0,482	NA	0,236	0,110
ChiK	0,361	0,226	0,222	0,150	0,261	0,174	0,111	0,207	0,447	0,318	NA	0,180
NwzA	0,348	0,224	0,175	0,139	0,218	0,137	0,094	0,208	0,355	0,258	0,242	NA

4.4.4 Discusión

Este estudio representa la evaluación más completa de la variación genómica del jurel, *Trachurus murphyi*, del océano Pacífico realizada hasta la fecha. La combinación de un amplio muestreo geográfico y marcadores moleculares SNPs validados, proporcionó un conjunto de datos potente que permitió evidenciar patrones de divergencia genética a gran escala. Además, desarrollamos una herramienta genética, panel de marcadores

SNPs, que permite distinguir los principales grupos biológicos de la especie a través de su distribución geográfica.

En particular, la diversidad genética por área muestra valores bajos de heterocigosidad observada y esperada (H_o y H_e), junto con coeficientes de endogamia (F_{is}) negativos, sugiriendo un exceso de heterocigotos, posiblemente asociado a efectos de mezcla reciente o selección en contra de homocigotos en algunas áreas.

Los resultados obtenidos a partir del análisis de loci SNPs proporcionan evidencia de divergencia genética significativa entre áreas del océano Pacífico Sur Oriental (Chile-Perú) versus Océano Pacífico Sur occidental (Nueva Zelanda). Este patrón de divergencia viene a corroborar y ampliar los resultados obtenidos con diez marcadores neutrales en *Tachurus murphyi* (Canales-Aguirre et al., 2025) entre los años 2010 - 2011 en la misma área de estudio.

De esta manera, se confirma que los polimorfismos de nucleótido, SNPs, tienen un alto potencial para identificar y delimitar estructuras poblacionales en especies marinas (Bernaś et al., 2020, Krück et al., 2013, Moen et al., 2008), independiente del tamaño y del conocimiento previo del genoma (Altshuler et al., 2000, Baird et al., 2008, Davey et al., 2011; Rodríguez-Ezpeleta et al., 2016). Los SNPs han permitido evaluar la existencia de poblaciones divergentes o panmícticas en otras especies de peces pelágicos que muestran complejos patrones de comportamientos migratorios y de agregación a través de su distribución, similar al ciclo de vida de *Trachurus murphyi*. Claros ejemplos de la utilidad de estos marcadores moleculares con fines de delimitación de agrupaciones reproductivas encontramos en el jurel del Atlántico (*Trachurus trachurus*; Fuentes – Pardo et al., 2023), la caballa japónica (*Scomber japonicus*; Anaya-Godíz et al., 2025), caballa del Atlántico (*S. scombrus*; Bourret et al., 2023; Rodríguez-Ezpeleta et al., 2016), el arenque del Atlántico (*Clupea harengus*; Limburg et al., 2012), la anchoveta japonesa

(*Engraulis japonicus*; Zhang et al., 2020) y la sardina europea (*Sardina pilchardus*; da Fonseca et al., 2024), entre otros.

En este estudio se observa significativa diferenciación genética a pesar de los bajos valores estimados del índice F_{st} , que varían entre 0.012 a 0.046, en comparación con otros peces marinos con altos valores estimados de F_{st} , como el Bacalao de profundidad, *Disostichus eleginoides*, cuyo estimados de F_{st} llegan hasta 0.181 a partir de marcadores microsatélites (Canales et al., 2017). Este tipo de patrón es concordante con organismos con alta dispersión, donde se muestran F_{st} bajos pero significativos. Tal es el caso del congénico, jurel del Atlántico, *Trachurus trachurus*, donde a partir de 12,8 millones marcadores SNPs incluyendo 700 muestras desde África hasta Irlanda, evidenciaron diferencias genéticas significativas entre varias localidades. A pesar de los bajos estimados de F_{st} globales, variando 0.001 a 0.012, se identifica un quiebre genético importante en aguas de Portugal versus el resto, divergencia genética que no había sido evidenciada con otros tipos de marcadores moleculares (Fuentes-Pardo et al., 2020).

La divergencia genética evidenciada a partir de los estimados del F_{st} , se refuerza con el análisis DAPC con una segregación significativa entre Nueva Zelanda y las áreas de la costa este del océano Pacífico (Perú-Chile). El análisis bayesiano concuerda con este patrón global, con una mezcla mayor en el margen oriental del Pacífico, y la presencia de una agrupación genética más estable en las áreas de Nueva Zelanda. Esto sugiere una agrupación biológicamente relevante, posiblemente vinculada a patrones de dispersión larval limitados, patrones oceanográficos y/o historia demográfica divergente.

En contraste, la baja diferenciación genética entre las áreas de Perú y Chile, son consistentes con una alta conectividad reproductiva, potencialmente facilitada por corrientes costeras o la ausencia de barreras geográficas efectivas frente al desplazamiento de huevos, larvas y juveniles. Al respecto, estudios de biología

reproductiva del jurel indican que la etapa juvenil (menor a 12 cm de longitud horquilla) duraría aproximadamente hasta los dos años de edad (Grechina, 1998), quedando durante este periodo sin autonomía para su movimiento, guiado hasta entonces por las corrientes y masas de agua. El flujo genético ocurriría predominantemente entre áreas vecinas mediante el transporte pasivo de huevos y larvas pelágicas por las corrientes oceánicas. Además, el gran tamaño poblacional censal de esta especie implica un mínimo efecto de la deriva genética en la configuración de los patrones de diversidad genética, propendiendo a la homogeneidad genética.

Destacamos, con una menor explicación de la variación genética, que las áreas oceánicas de Chile muestreadas Chil - Niebla-Valdivia, ChiJ - Talcahuano oceánico y ChiK -Chiloé oceánico) evidencian grados de divergencia genética, cuya estabilidad temporal y especial deben ser corroborados en un programa de monitoreo genético (discutido al final de este documento). De corroborarse esta divergencia, se demostraría que, a pesar de la proximidad geográfica entre algunas áreas, podrían existir barreras al flujo génico que estarían promoviendo la diferenciación, especialmente en ambientes más extremos de la distribución sur del Jurel en el océano el Pacífico oriental.

Las estimaciones de migración relativa complementan estos hallazgos, mostrando una conectividad reducida entre las áreas más diferenciadas, como ChiJ (Talcahuano oceánico), ChiK (Chiloé oceánico) y Nueva Zelanda. Esto respalda la hipótesis de que estas áreas actúan como unidades demográficas semi-independientes, con flujos génicos limitados hacia o desde otras poblaciones. En cambio, las altas tasas de migración observadas entre zonas costeras de Chile y Perú refuerzan la idea de intercambio genético sostenido a lo largo del margen sudeste del Pacífico.

4.4.5 Conclusiones

1. Las poblaciones analizadas presentan niveles bajos de diversidad genética, con heterocigosidad moderada y coeficientes de endogamia negativos, lo que sugiere poblaciones genéticamente saludables sin señales fuertes de consanguinidad.
2. Se evidencia estructura genética geográfica, con diferencias significativas entre Nueva Zelanda y las áreas del océano Pacífico Sur Oriental, divergencia evidenciada por los estimados del índice F_{st} , el análisis DAPC y el análisis de agrupamiento bayesiano.
3. Las áreas oceánicas de Chile muestran una menor conectividad genética con el resto de las áreas estudiadas, lo que sugiere segregación genética, sin embargo la estabilidad de este patrón debe ser corroborado en la escala espacial y temporal.
4. La baja diferenciación genética entre áreas de Chile y Perú sugiere un alto nivel de conectividad, probablemente mediado por procesos oceanográficos y/o dispersión de huevos, larvas y juveniles.
5. A macro escala se evidencia la existencia de dos agrupaciones genéticas del jurel en el océano Pacífico Sur, una ubicada en el sector occidental, en aguas de Nueva Zelanda y la otra en aguas del Pacífico oriental, en Perú y Chile.

4.5 Objetivo específico 5.

“Analizar, exponer y/o visualizar en un contexto espacio-temporal, la diversidad y divergencia genética evidenciada en el presente estudio, e investigaciones afines enmarcadas en la OROP-PS”

4.5.1 Introducción

La diferenciación genética de las poblaciones está determinada en gran medida por la interacción entre el efecto homogeneizador del flujo de genes y la diferenciación promovida por la selección espacialmente variable y la deriva genética. Estos procesos microevolutivos están a su vez influenciados por las características ambientales, como el clima y la estructura topográfica que influyen en los patrones de dispersión (Broquet *et al.*, 2009). Esta interacción se puede resumir estableciendo que la magnitud del efecto de los atributos del ambiente, incluida su dinámica espacio-temporal, sobre la diferenciación de la población está fuertemente determinada por la amplitud del nicho ecológico fundamental de los individuos y formulaciones contemporáneas ponen mayor énfasis en aspectos del nicho ecológico y, como tal, en regímenes selectivos geográficamente estructurados. Además, se ha propuesto que unidades poblacionales conespecíficas que se encuentran en diferentes configuraciones ambientales pueden aislarse reproductivamente debido a la adaptación de los individuos a las condiciones climáticas locales (Rundle *et al.*, 2005). Este modelo implica que la barrera reproductiva podría evolucionar como un efecto múltiple de la especialización (o divergencia) de nicho, lo que impediría la existencia de individuos de una población en el espacio climático de otra, y por ende su reproducción.

Debido a la alta variabilidad del ambiente pelágico del Pacífico sur, la presencia de barreras físicas o configuraciones ambientales que generen aislamiento reproductivo son difíciles de identificar como un escenario permanente que promueva la diferenciación genética. No obstante, se ha propuesto que aspectos variantes del hábitat puede llevar a la asincronía en la dinámica poblacional de grupos locales que podría contrarrestar la homogenización genética haciendo emerger patrones de naturaleza ecológica Grimm *et al.* (2003). Contextualizar explícitamente el estudio de los patrones de estructura genética con la configuración geográfica y ambiental en la que existen las poblaciones (es decir, el enfoque de la genética del ambiente) es un enfoque útil para inferir los mecanismos por los cuales los patrones observados pudieron ser originados (Alvarado-Serrano *et al.*, 2016). Sin embargo, el desconocimiento de la historia de los cambios espaciales de la distribución de una población hace difícil discernir entre escenarios alternativos para rasgos genéticos emergentes. En tales casos, el uso de información del hábitat o nicho ecológico resulta útil para inferir posibles cambios espaciales experimentados a lo largo del tiempo por una especie focal o linaje intraespecífico, puede ayudar a elegir entre escenarios explicativos alternativos (Richards *et al.*, 2007).

En el presente estudio, se analizaron diferencias en el hábitat del jurel en las distintas regiones de muestreo y se contrastaron con los patrones genéticos obtenidos. Así, mediante análisis de distancias genético-ambientales se evaluó si existen diferencias a nivel del nicho ecológico que pudiesen asociarse con patrones distintivos de los rasgos evaluados mediante técnicas de polimorfismos de nucleótido único (SNPs).

4.5.1.1 Metodología

La amplia cobertura geográfica de la población de jurel a lo largo del Pacífico sur, ha involucrado un esfuerzo de muestreo que va desde el norte de Perú, hasta las costas de Nueva Zelanda (Figura 20). Esta cobertura constituye un desafío para el análisis comparativo de las condiciones del hábitat, el cual fue abordado mediante aproximaciones basadas en sensoramiento remoto.

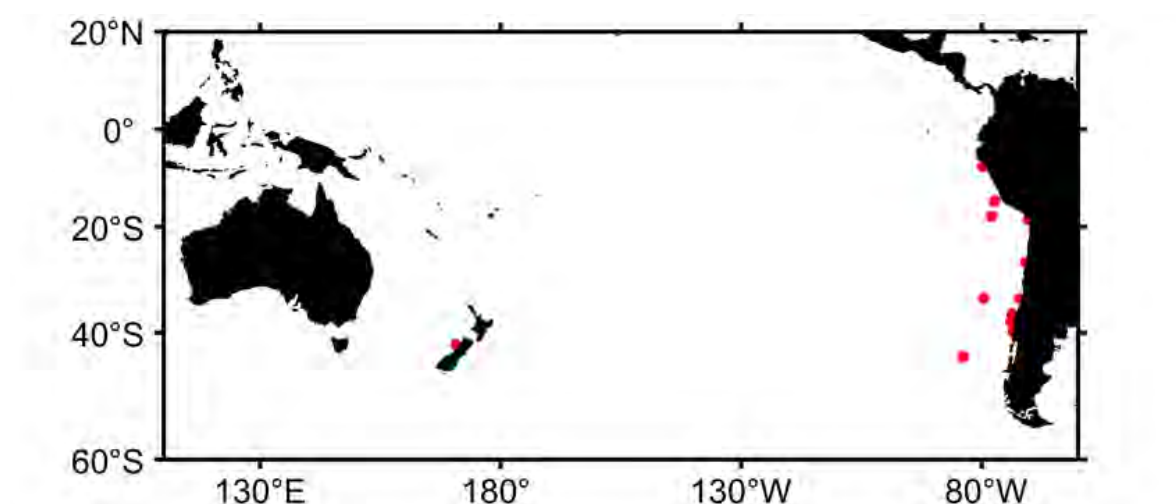


Figura 20. Zonas de muestreo de ejemplares de jurel, *Trachurus murphyi*, para análisis genéticos a lo largo del Océano Pacífico sur oriental.

4.5.1.1.1 Datos ambientales

Para describir las condiciones ambientales que se aproximen al nicho ecológico del jurel a lo largo del Pacífico suroriental se analizaron cinco variables bio-oceanográficas provistas por satélites en cuadrantes de 2° x 2° en torno a cada punto de muestreo genético, desde los cuales se obtuvieron series de tiempo mensuales. La temperatura superficial del mar se obtuvo desde el producto Modis-Aqua de 4km de resolución horizontal para el periodo 2003-2023. La clorofila superficial del mar, como *proxy* de biomasa fitoplanctónica, se

obtuvo desde el producto Copernicus-Globcolour de 4 km de resolución horizontal para el periodo 1997-2023 desde cuando se cuenta con información de color del océano. Para abarcar aspectos dinámicos del océano, se analizó la anomalía del nivel medio del mar provista por el *Data Unification and Altimeter Combination System* (DUACS) para el periodo 1993-2023 con $0,25^\circ \times 0,25^\circ$ de resolución horizontal. A partir de las corrientes geostróficas derivadas de las anomalías del nivel del mar se calculó a la *Eddy Kinetic Energy* como *proxy* de la actividad de mesoescala de las regiones analizadas. Finalmente, para indagar sobre aspectos de interacción océano-atmósfera se analizó la turbulencia inducida por el viento calculada como el cubo de la velocidad del viento a partir del producto de reanálisis horario ERA5 de 31 km de resolución horizontal para el periodo 1997-2023 (Hersbach *et al.*, 2020). En el siguiente link se alojan las bases de datos ambientales para las cinco variables oceanográficas bajo estudio

https://drive.google.com/drive/folders/1l_eqCfpqvZVfwmvrpGi2LTXe-GuB8ata?usp=drive_link

4.5.1.1.2 Análisis estadísticos de variables ambientales

A partir de las series de tiempo ambientales se analizaron matrices de correlación para explorar el grado de sincronía temporal entre las señales, por medio del paquete *corrplot* para R (R Core Team, 2022), incluyendo además la variable distancia geográfica (en km) como descriptor. Posteriormente, se calcularon las matrices de distancia (disimilitud) de Gower (Gower, 1971) mediante el paquete *StatMatch* para R. En resumen, la distancia de Gower primero calcula distancias entre pares de variables sobre dos conjuntos de datos y luego combina esas distancias en un solo valor por par de registros. Una vez realizados los cálculos, se relacionaron las distancias genéticas (Adaptativas y Neutrales) con las distancias ambientales de cada una de las variables y se aplicó el test de Mantel (Mantel,

1967) para probar la relación estadística entre dichas distancias por medio del paquete *vegan* para R. Finalmente, estas relaciones fueron utilizadas para explorar la asociación entre el distanciamiento ambiental y la disimilitud genética de las localidades muestreadas a lo largo del dominio espacial estudiado.

4.5.1.2 Resultados

Se analizaron los patrones climatológicos de las variables ambientales consideradas, los cuales se muestran en la Figura 21. En general, se observa que las regiones muestreadas se situaron en temperaturas medias entre 15°C y 23°C con la región de Perú norte representando el extremo superior y Chiloé oceánica el extremo inferior (Figura 21a). Es válido señalar que las condiciones térmicas promedio de la zona más lejana geográficamente (Nueva Zelanda) se asemejan en magnitud a aquellas registradas frente al Golfo de Arauco (Chile). En cuanto a la clorofila-a climatológica, la mayoría de las zonas de muestreo se situaron en regiones de influencia costera, donde se registran niveles por sobre 5 mg m⁻³, a excepción de Perú oceánico, Talcahuano 2 y Chiloé oceánico donde se registraron niveles por debajo de 0,5 mg m⁻³ característicos de regiones oceánicas comparativamente oligotróficas (Figura 21b). En relación a las variables ambientales dinámicas, la energía cinética derivada de las anomalías del nivel del mar (Eddy Kinetic Energy, EKE), las localidades de muestreo situadas en el Pacífico suroriental costero y oceánico se situaron en niveles intermedios con valores en torno a 120 m² s⁻², mientras que la localidad situada en Nueva Zelanda se diferenció por presentar niveles inferiores bajo 50 m² s⁻² caracterizando a una región menos energética en cuanto a la dinámica de mesoescala (Figura 21d). Finalmente, la turbulencia inducida por el viento mostró un escenario similar a la EKE, las localidades situadas en el Pacífico suroriental estuvieron caracterizadas por niveles de turbulencia más altos, a excepción de

aquellas ubicadas en el codo de Arica, mientras que la localidad de Nueva Zelanda se situó en una localidad amplia de bajos niveles de turbulencia (Figura 21e).

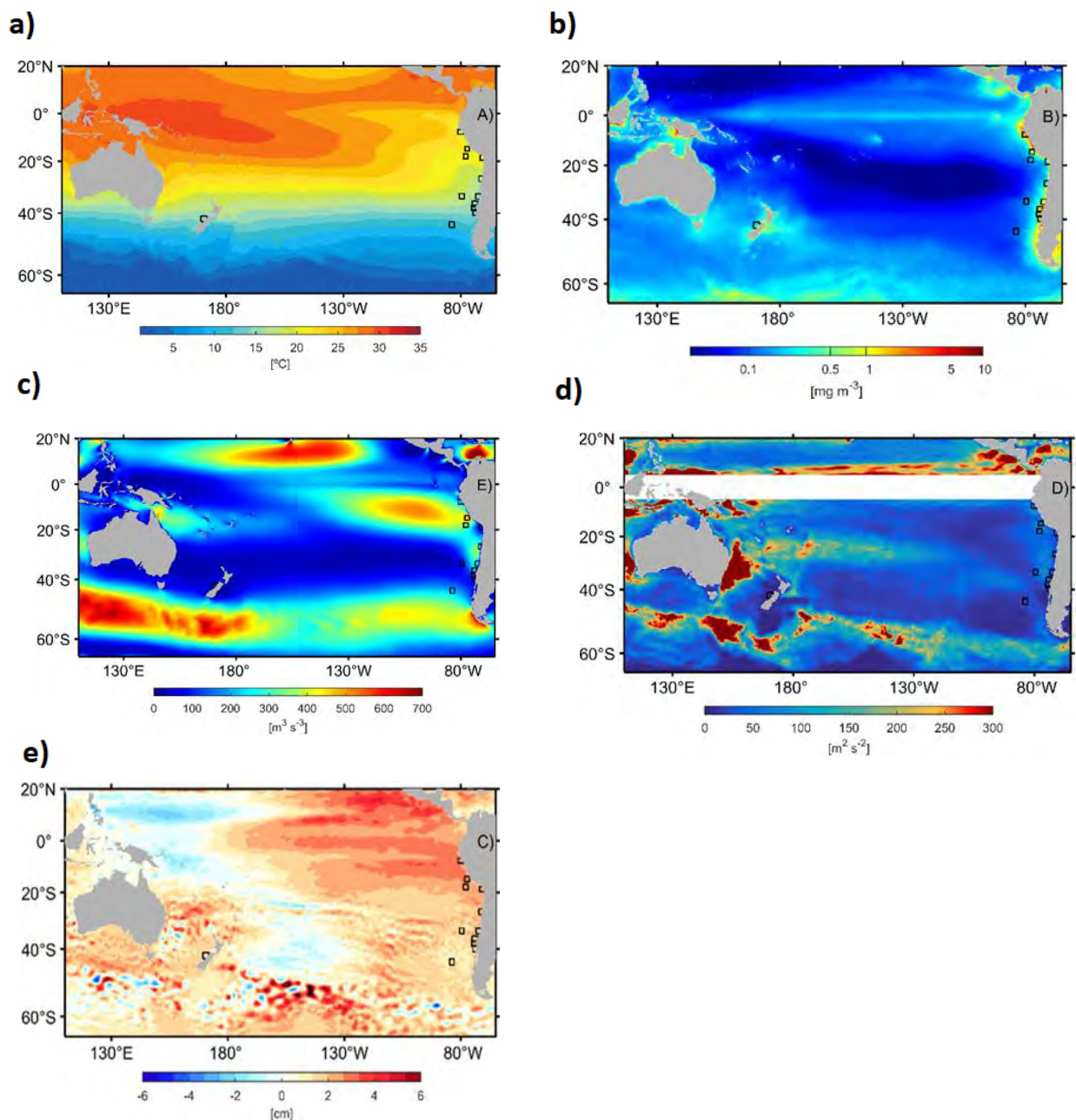


Figura 21. Climatología anual para las variables ambientales analizadas a lo largo del área de distribución de jurel en el Pacífico sur: a) Temperatura superficial del mar ($^{\circ}\text{C}$); b) clorofila superficial (mg m^{-3}); c) altura del nivel del mar (cm); d) energía cinética de mesoescala ($\text{m}^2 \text{s}^{-1}$); e) turbulencia inducida por el viento ($\text{m}^3 \text{s}^{-3}$). En rojo se muestran los cuadrantes analizados para las series de tiempo.

En la escala temporal, se analizaron las series de tiempo de las distintas localidades muestreadas y para todas las variables ensayadas para explorar sobre las posibles diferencias en las señales del hábitat de jurel. La temperatura superficial del mar muestra una alta coherencia entre las señales de las localidades muestreadas con niveles de correlación sobre 0,8 en todas las combinaciones realizadas. No obstante a lo anterior, la localidad que más se diferenció fue la del norte de Perú (PerB; Figura 22a). Un escenario distinto se obtuvo para la clorofila superficial donde las localidades de Chiloé oceánico, Nueva Zelanda, Perú y Talcahuano oceánicos mostraron correlaciones negativas con las otras regiones, probablemente atribuibles a diferencias en el ciclo anual de la clorofila en las regiones oceánicas (máximo invernal) en relación con los regímenes de surgencia costera (Figura 22b). En cuanto las anomalías del nivel medio del mar, es importante señalar que no se observaron correlaciones negativas, sugiriendo cierto acoplamiento en la variabilidad de esta variable entre las regiones analizadas. Las regiones costeras de Perú y Chile mostraron consistencia con niveles de correlación por sobre 0,7 que se diferencian de las regiones oceánicas del sur de Chile y en particular de Nueva Zelanda, donde las correlaciones no superaron el 0,5 (Figura 22c).

La energía cinética de mesoescala evidenció un escenario distinto a las variables previamente analizadas, con virtual ausencia de correlación entre las localidades analizadas, evidenciando que esta variable tiene niveles de variabilidad local que exceden la escala regional (Figura 22d). Este resultado es atribuible a la escala en la que opera esta variable (mesoescala) que va entre 10-200 km con mecanismos asociados a remolinos, meandros, frentes y filamentos. Finalmente, la turbulencia inducida por el viento mostró una mayor diversidad en los niveles de correlación espacio-temporal, en donde destaca la localidad de Nueva Zelanda que muestra una variabilidad no correlacionada a ningún nivel con el resto de las localidades de muestreo. La localidad ubicada al norte en Perú (PerB) mostró correlación negativa con las localidades de Chile central y sur, sugiriendo que esta variable oscila a nivel regional, pero no a nivel de cuenca del Pacífico sur (Figura 22e).

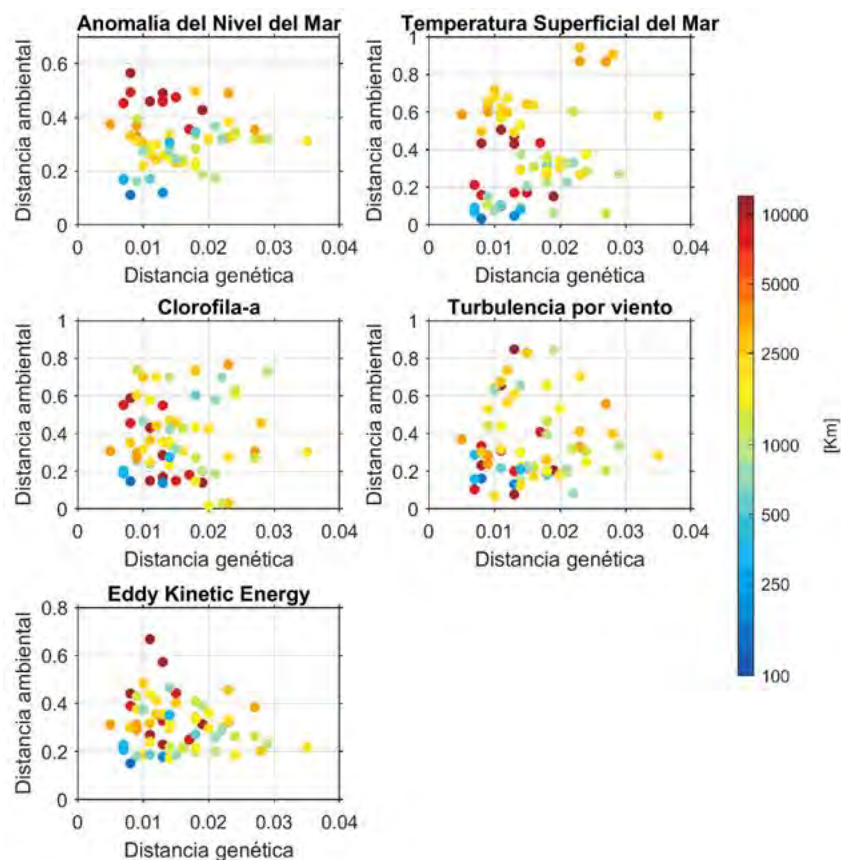


Figura 23. Relación entre la distancia genética y la distancia ambiental de Gower calculada para las distintas variables características del hábitat de *Trachurus murphyi* en el océano Pacífico Sur. La escala de color indica la distancia geográfica entre localidades de muestreo.

Finalmente, se calculó la distancia ambiental de Gower para todas las variables analizadas y se relacionó con la distancia genética mediante el test de Mantel que permite analizar hipótesis de dependencia ambiental para la diversidad genética observada. Estas relaciones se muestran en la Figura 23 donde la anomalía del nivel del mar no mostró relaciones significativas con la distancia genética ($\text{mantelr} = 0,051$; $p = 0,339$), al igual que la temperatura superficial del mar ($\text{mantelr} = 0,17$; $p = 0,189$), la clorofila-a ($\text{mantelr} = 0,04$; $p = 0,384$), la turbulencia inducida por el viento ($\text{mantelr} = 0,003$; $p = 0,461$) y la EKE

(mantelr= -0,13; p=0,888). De esta forma, ninguna de las variables ambientales ensayadas permite explicar la diversidad genética obtenida en este estudio, incluyendo aquellas regiones distantes con distancias ambientales más altas en muchas de las variables ensayadas (e.g. NWZA, PerB).

4.5.1.3 Discusión

Las especies marinas tienden a presentar alta fecundidad, estadios larvales pelágicos, grandes tamaños poblacionales y amplias áreas de distribución geográfica (Kelley *et al.*, 2016). El ambiente marino también es más homogéneo que los ambientes terrestres y de agua dulce (McCauley *et al.*, 2015) y presenta menos barreras geográficas para el movimiento de los organismos. En conjunto, estos factores propician una alta conectividad demográfica y flujo génico entre poblaciones (Lowe *et al.*, 2010), efectos clave para la resiliencia de los ecosistemas marinos y, por lo tanto, fundamentales para establecer prácticas de conservación y gestión sólidas y eficaces (Magris *et al.*, 2010). Sin embargo, la diferenciación genética de poblaciones está determinada en gran medida por la interacción entre el efecto homogenizador de dicho flujo génico y la diferenciación promovida por la selección espacialmente variable y la deriva genética. Estos procesos microevolutivos están influenciados por las características del paisaje como el cómo el clima y la estructura topográfica que influyen en los patrones de dispersión (Broquet *et al.*, 2009). Así, la magnitud del efecto de las características del ambiente sobre la diferenciación poblacional, incluida su dinámica espacio-temporal está fuertemente determinada por la amplitud del nicho ecológico fundamental de las especies. En el presente estudio se analizaron 5 variables ambientales características del hábitat pelágico a lo largo del Pacífico sur, de las cuales la temperatura superficial del mar y la clorofila-a no mostraron disimilitud significativa entre las distintas regiones de muestreo a través de

las series de tiempo analizadas. Sin embargo, las variables relacionadas con aspectos dinámicos del ambiente, como la anomalía del nivel del mar, la energía cinética de mesoescala y la turbulencia promovida por el viento mostraron mayor disimilitud, la que estuvo en cierta medida, relacionada con la distancia geográfica y evidenciaron un ambiente diferenciado en la localidad de muestreo de Nueva Zelanda.

Los análisis de correspondencia entre la distancia genética y las dichas distancias ambientales mostraron un bajo nivel de estructuración genética mediada por el ambiente sugiriendo que el nicho ecológico del jurel es lo suficientemente amplio como para, en la ausencia de barreras geográficas, presentar niveles significativos de divergencia genética. La distribución de jurel está fuertemente relacionada con la presencia del Frente Subtropical que se extiende a través del Pacífico sur en una banda situada entre 30°S y 45°S asociado con la corriente del Pacífico Sur (Strama et al., 1995) y cuyas características oceanográficas promueven un hábitat compensado en la gran escala que ha promovido el movimiento activo del jurel desde las costas de Sudamérica hasta Nueva Zelanda además de asociarse a varios procesos biológicos como el desove (Belkin & Shen, 2023). A nivel del Pacífico suroriental, estudios han propuesto que procesos como la variabilidad en la extensión vertical de la mínima de oxígeno podría generar una barrera para el movimiento de jureles adultos (ver Bertrand et al., 2016), sin embargo al analizar los resultados de las localidades distribuidas en esta región, no se observan patrones de divergencia que respalden nivel de segregación ambiental, por lo que estos aspectos del hábitat podrían interpretarse como transitorios y no limitantes para el flujo génico.

La descrita asociación de gran escala entre el Frente Subtropical y el ciclo de vida del jurel podría ser una base de explicación para el flujo génico y la baja estructuración evidenciada por los marcadores moleculares SNPs en el presente estudio, así como lo

evidenciado con otras técnicas moleculares en estudios previos (e.g. Cárdenas et al., 2009). Sin embargo, los análisis de alta resolución genética mediante marcadores moleculares SNPs realizados previamente (FIPA 2021-28, Ferrada et al., 2023) han mostrado diferencias en los resultados de marcadores con características neutrales y adaptativas, donde estos últimos sugieren cierto nivel de estructuración genética mediada por el ambiente, lo cual no fue reforzado en los resultados del presente estudio. Al analizar la base de datos genética utilizada en el presente estudio, que corresponde a 653 variantes genéticas que integran el panel de SNPs, se observa que la mayor proporción de loci corresponden a regiones neutrales (538 loci neutrales, 45 loci adaptativos), lo que podría explicar la falta de asociación de la distancia genética con el ambiente evidenciada en los resultados presentados.

La utilización de sensoramiento remoto para monitorear el hábitat de jurel en a gran escala resulta de gran utilidad debido a su extensión y cobertura espacio-temporal. En el presente estudio se analizaron series de tiempo satelitales de más de tres décadas para describir el hábitat de jurel en cada región de muestreo genético. Sin embargo, la dimensión vertical del hábitat no ha sido abordada y, aunque el jurel se distribuye preferencialmente sobre la termoclina, es una dimensión que debiera explorarse en futuras investigaciones. Al mismo tiempo, la incorporación de otras variables importantes como el oxígeno disuelto o *proxies* de disponibilidad de alimento como el mesozooplankton podría resultar informativa para el entendimiento de procesos ecológicos relevantes. El complemento de los presentes resultados con modelos de distribución de especie actualizados y bien informados en datos para jurel resulta clave para entender la extensión del nicho ecológico de la especie, los potenciales efectos de

los escenarios de cambio climático en la conectividad del hábitat de la especie en el Pacífico sur.

Numerosos estudios se han centrado en los patrones de divergencia genética entre poblaciones espacialmente separadas para comprender mejor los procesos que impulsan la diferenciación poblacional (p. ej., Richards-Zawacki, 2009; Wang & Summers, 2010; Funk et al., 2016; Harvey et al., 2017; Thomé et al., 2021). Hasta la fecha, se han identificado al menos tres mecanismos de aislamiento. En primer lugar, en ausencia de selección, las poblaciones pueden diferenciarse conforme aumenta la distancia geográfica, fenómeno conocido como **aislamiento por distancia** (*isolation by distance*, IBD; Wright, 1943). En segundo lugar, los paisajes por los que se dispersan los organismos varían en su idoneidad ambiental y en la resistencia al movimiento; por lo tanto, la resistencia del paisaje puede predecir el grado de flujo génico entre poblaciones mejor que el IBD, dando origen al **aislamiento por resistencia** (*isolation by resistance*, IBR; Cushman et al., 2006). Finalmente, además de la distancia geográfica y la resistencia del paisaje, las condiciones ambientales a las que están expuestos los organismos también pueden desempeñar un papel crucial en el aumento de la diferenciación genética mediante selección divergente, un patrón conocido como **aislamiento por ambiente** (*isolation by environment*, IBE; Wang & Summers, 2010). En conjunto, el estudio de estos factores que impulsan la divergencia poblacional es fundamental para comprender cómo surge la estructuración espacial de la biodiversidad y la formación de subpoblaciones.

En el ambiente marino, las corrientes oceánicas desempeñan un papel crucial en el flujo génico y en la conectividad entre poblaciones o subpoblaciones. Una alta conectividad oceánica (e.g., corrientes intensas) puede favorecer el intercambio de genes y reducir la

diferenciación genética, mientras que grandes distancias o barreras a la circulación pueden limitar el flujo génico y aumentar la divergencia (Palumbi, 1994). Asimismo, la presencia de barreras físicas (e.g., islas, montañas submarinas, extensas áreas de hábitat inadecuado) y la distancia geográfica pueden incrementar la divergencia genética en el océano, especialmente en especies de baja movilidad (Snead et al., 2023). Además, las diferencias en las condiciones ambientales, como la temperatura o la salinidad, pueden generar distintos patrones de diversidad genética. Las especies tienden a adaptarse a estas condiciones contrastantes, lo que puede conducir a la formación de barreras ambientales que restringen el flujo génico, promoviendo la aparición de poblaciones locales en el mediano plazo y la especiación a largo plazo (Figuerola-Ferrando, 2022; Zhang et al., 2024).

En este contexto, los resultados de este proyecto, junto con los obtenidos en el proyecto FIPA 2021-28 (Ferrada et al., 2023), aportan evidencia de una baja estructuración genética a partir de los marcadores moleculares analizados, rechazando la hipótesis de divergencia genética significativa de *Trachurus murphyi* a lo largo de su distribución en el Océano Pacífico sur oriental y respaldando la existencia de **una única unidad poblacional genética** en todo su rango de distribución. La ausencia de barreras físicas relevantes en el Pacífico sur, sumada a la alta conectividad oceánica y a la naturaleza pelágica y transzonal de la especie, favorece la mezcla poblacional y el flujo génico. Por otra parte, la presencia de rasgos oceanográficos de gran escala, como el frente subtropical, impediría el aislamiento reproductivo mediante la existencia de una amplia zona de desove (Belkin & Shen, 2023).

De acuerdo con los resultados presentados por Ferrada et al. (2023), no se observó correlación entre variables ambientales, como temperatura, clorofila-a, nivel del mar,

energía cinética y turbulencia, entre otras y la distancia genética estimada a partir de marcadores neutrales. Estos marcadores no están sujetos a selección natural, y su variación responde principalmente a procesos neutros como deriva genética, migración y mutación; por tanto, la ausencia de correlación con el ambiente sugiere un bajo efecto selectivo de la variabilidad ambiental sobre dichos procesos.

En contraste, los marcadores adaptativos, ubicados en regiones del genoma influenciadas por la selección natural, ya sea positiva o estabilizadora, mostraron correlaciones con algunas variables ambientales (e.g., nivel del mar, energía cinética y turbulencia) y con la distancia geográfica, lo que refleja cierto grado de adaptación local a las condiciones ambientales en el extremo occidental de la distribución (Oceanía). Esto sugiere diferencias que van más allá de lo esperado por la deriva genética. Un desafío futuro consiste en incorporar la dimensión vertical del ambiente en los análisis de correlación; sin embargo, al tratarse de una especie pelágica que habita preferentemente sobre la termoclina (Bertrand *et al.*, 2004), las variables satelitales analizadas pueden considerarse buenos descriptores del hábitat del jurel.

De esta forma, es posible vincular la relación ambiente–genética con las hipótesis de conectividad y estructura poblacional consideradas para los objetivos de manejo de la pesquería de esta especie en el Pacífico sur. En primer lugar, la baja asociación entre la variabilidad ambiental y los marcadores neutrales proporciona evidencia de una débil estructuración genética mediada por el ambiente, derivada principalmente de procesos neutros como la deriva genética, la migración y la mutación. Esto **respalda la hipótesis de una única unidad poblacional a lo largo del Pacífico sur oriental**, altamente conectada y con cierta estructuración espacial asociada al ciclo ontogénico de la especie (i.e., zonas de desove, alimentación y crianza).

En segundo lugar, la correlación observada entre los marcadores potencialmente adaptativos, la variabilidad ambiental y la distancia geográfica señala a las muestras provenientes de áreas de Nueva Zelanda como una agrupación genética con divergencia genética significativa, reflejando posibles procesos de adaptación local que afectan regiones del genoma bajo selección natural, ya sea positiva o estabilizadora. Estos marcadores no evidencian una respuesta ambiental significativa en las localidades de muestreo del Pacífico suroriental, lo que sugiere una alta conectividad poblacional y refuerza la hipótesis de una unidad poblacional única en la costa Este del océano Pacífico sur.

4.5.1.4 Conclusiones

1. Dentro de las variables ambientales analizadas comparativamente entre localidades de muestreo, aquellas relacionadas con aspectos dinámicos como la energía cinética de mesoescala y la turbulencia inducida por el viento mostraron las mayores disimilitudes en su variabilidad espacio-temporal.
2. La distancia genética no mostró patrones de correlación significativos (test de Mantel) respecto a las distancias ambientales en ninguna de las variables ensayadas. Tampoco se observaron patrones respecto a la distancia geográfica.
3. Los loci que constituyeron la base de datos analizadas correspondieron mayormente a loci neutrales, lo que sería la base de explicación de la nula asociación con patrones de distancia ambiental en consistencia con los resultados reportados en el proyecto FIPA N° 2021-28.

4.5.2 Analizar, exponer y/o visualizar en un contexto espacio-temporal, la diversidad y divergencia genética evidenciada en el presente estudio, e investigaciones afines enmarcadas en la OROP-PS.

4.5.1.2.1 Metodología

Para evaluar el efecto potencial de condiciones ambientales u oceanográficas (como productividad primaria o la temperatura superficial del mar) sobre la diversidad genética exhibida por *Trachurus murphyi* a través de los puntos de muestreo, estamos utilizando una aproximación de inferencia causal.

Variables ambientales: Se compiló una base de datos ambientales generada a partir del análisis de información satelital y de bases de datos oceanográficas de dominio público. Para variables oceánicas tales como la Temperatura Superficial del Mar (°C) y la Concentración de Clorofila- α (mg/m³) (utilizada como proxy de productividad primaria), se generaron compuestos mensuales para las zonas de muestreo a partir de imágenes satelitales diarias de alta resolución espacial (~4 km²), tomadas por el instrumento MODIS-Aqua (Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer) a bordo del satélite EOS PM. Estos datos fueron descargados a través del portal NASA OceanColor, mediante su herramienta de búsqueda de imágenes (<https://oceancolor.gsfc.nasa.gov/cgi/browse.pl>), descargándose productos L2 (level-2), los cuales corresponden a datos derivados de reflectancias calibradas por medio de algoritmos de corrección atmosférica. A partir de estos productos se generaron imágenes satelitales diarias, obteniéndose productos L3 (level-3), que corresponden a datos agregados y reproyectados geodésicamente. La conversión de productos L2 a L3 se realizó utilizando las aplicaciones l2bin y l3mapgen (SeaDAS 8.1), ejecutadas mediante un programa propio, imgsatEasy, escrito en el

lenguaje de programación R y disponible libremente en el repositorio GitHub (<https://github.com/oscarIM/imgsatEasy>). Cada archivo L3 final fue transformado a imágenes raster espaciales y a tablas de datos en el programa *imgsatEasy*. Para las variables no cubiertas por OceanColor, como salinidad, oxígeno disuelto y otras variables físico-químicas del océano, se generaron imágenes raster espaciales y tablas de datos a partir de la base de datos World Ocean Atlas (WOA) versión 2023, un conjunto de climatologías oceánicas de cobertura global elaborado por la NOAA (National Oceanic and Atmospheric Administration). El WOA 2023 proporciona datos climáticos de temperatura, salinidad, y nutrientes basados en observaciones *in situ* a lo largo de múltiples décadas, lo cual permite la construcción de perfiles verticales de condiciones oceanográficas en diferentes regiones del océano. Para este análisis, se emplearon datos con una resolución espacial de 1° (aproximadamente 111 km a nivel del ecuador), que es la máxima resolución disponible en esta base de datos y se promediaron los datos entre los 0 y los 300 m de profundidad, para dar cuenta de la distribución batimétrica de esta especie (Anon 1985).

4.5.2.1.1 Efecto de las variables ambientales y climáticas sobre la diversidad genética de *Trachurus murphyi*: Una aproximación desde los modelos causales estructurales (MCE).

Brevemente, los modelos causales estructurales (MCE; Pearl, 2009) corresponden a una aproximación emergente en el campo de la inferencia causal que unifica las características de los modelos de ecuaciones estructurales (MES; Wright, 1921; Shipley, 2016) y de resultados potenciales (Rubin 2005) para crear una teoría robusta de causalidad (Pearl, 2009; Pearl & Mackenzie, 2020). Los MCE usan como punto de partida

a unas estructuras matemáticas conocidas como grafos acíclicos dirigidos (DAG por sus siglas en inglés) para visualizar y representar la estructura causal hipotetizada sobre el sistema bajo estudio (Figura 24). El uso de los DAG en conjunción con algoritmos y reglas de cálculo determinadas (reglas de cálculo *do*; Pearl, 2000) permiten establecer la relación causal entre variables desde datos observacionales, más que la simple asociación estadística entre variables.

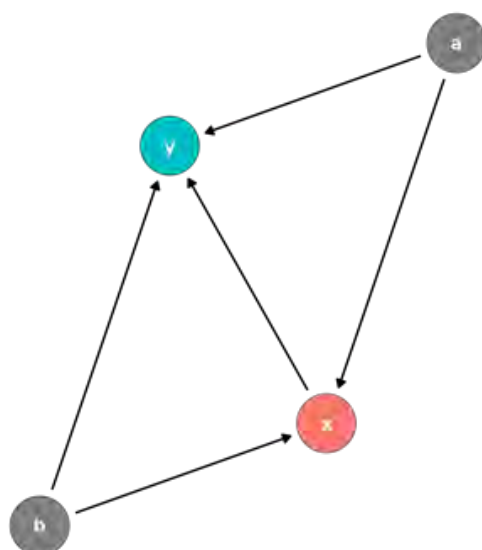


Figura 24. Ejemplo de un DAG simple en que se representa la estructura causal (dirección de las flechas) entre cuatro variables (nodos) en un sistema determinado. En este ejemplo, la variable *x* tiene un efecto directo sobre la respuesta *y*, las que a su vez son influenciadas por las variables de confusión *a* y *b*.

Para llevar a cabo este análisis, se realizó en primer lugar una fase de aprendizaje estructural, en la cual la arquitectura de la red fue inferida directamente desde los datos mediante un enfoque basado en scores, implementado en el paquete *abn* de R (Furrer et al., 2023). Este procedimiento tiene como objetivo identificar el grafo acíclico dirigido

(DAG, por sus siglas en inglés) que mejor representa las dependencias condicionales entre variables, optimizando el ajuste mediante el criterio de información bayesiano (BIC).

Posteriormente, la estructura inicial fue refinada incorporando conocimiento físico y ecológico. Para ello, se construyó una matriz de restricciones que especifica explícitamente qué variables podrían actuar como causas de otras, de acuerdo con la direccionalidad plausible impuesta por los procesos oceanográficos y biológicos relevantes (Kratzer et al., 2023). Con la estructura restringida del DAG definida, se ajustó el modelo utilizando la función `fitabn`, lo que permitió estimar los parámetros asociados a cada relación dirigida, incluyendo tanto la dirección como la magnitud de los efectos inferidos. El ajuste se llevó a cabo bajo un enfoque de inferencia bayesiana, lo que permitió cuantificar la incertidumbre en las estimaciones y obtener distribuciones posteriores para cada parámetro. Adicionalmente, con el objetivo de evaluar el soporte estadístico de los arcos presentes en la red, se utilizó el método de muestreo MCMC implementado en el paquete `mcmcabn` (Kratzer & Furrer, 2019). Este procedimiento utiliza una caché de scores precomputados para generar muestras desde la distribución posterior de las estructuras más probables, aplicando distintos esquemas de *priors* estructurales y algoritmos de exploración. A partir de estas muestras se estimó la probabilidad de existencia de cada arco, definida como la proporción de veces que dicho enlace aparece en la muestra posterior, lo que proporciona una medida directa del soporte bayesiano asociado a cada relación dentro de la red.

4.5.2.2 Resultados

4.5.2.2.1 Variables ambientales

Se elaboraron mapas espaciales de alta resolución para un conjunto de variables ambientales relevantes, incluyendo temperatura superficial del mar (TSM), concentración de clorofila- α , salinidad, oxígeno disuelto y nutrientes. Los mapas mensuales de TSM y clorofila- α , generados a partir de imágenes satelitales MODIS-Aqua procesadas con imgsatEasy. En paralelo, los datos provenientes del World Ocean Atlas 2023 (WOA23) fueron utilizados para construir mapas climatológicos de salinidad, oxígeno disuelto y nutrientes, promediados entre 0 y 300 m de profundidad. Estos productos permitieron capturar la estructura vertical integrada de las condiciones oceanográficas, proporcionando una representación robusta de las condiciones físico-químicas que estructuran el hábitat potencial de las especies analizadas (Figura 25).

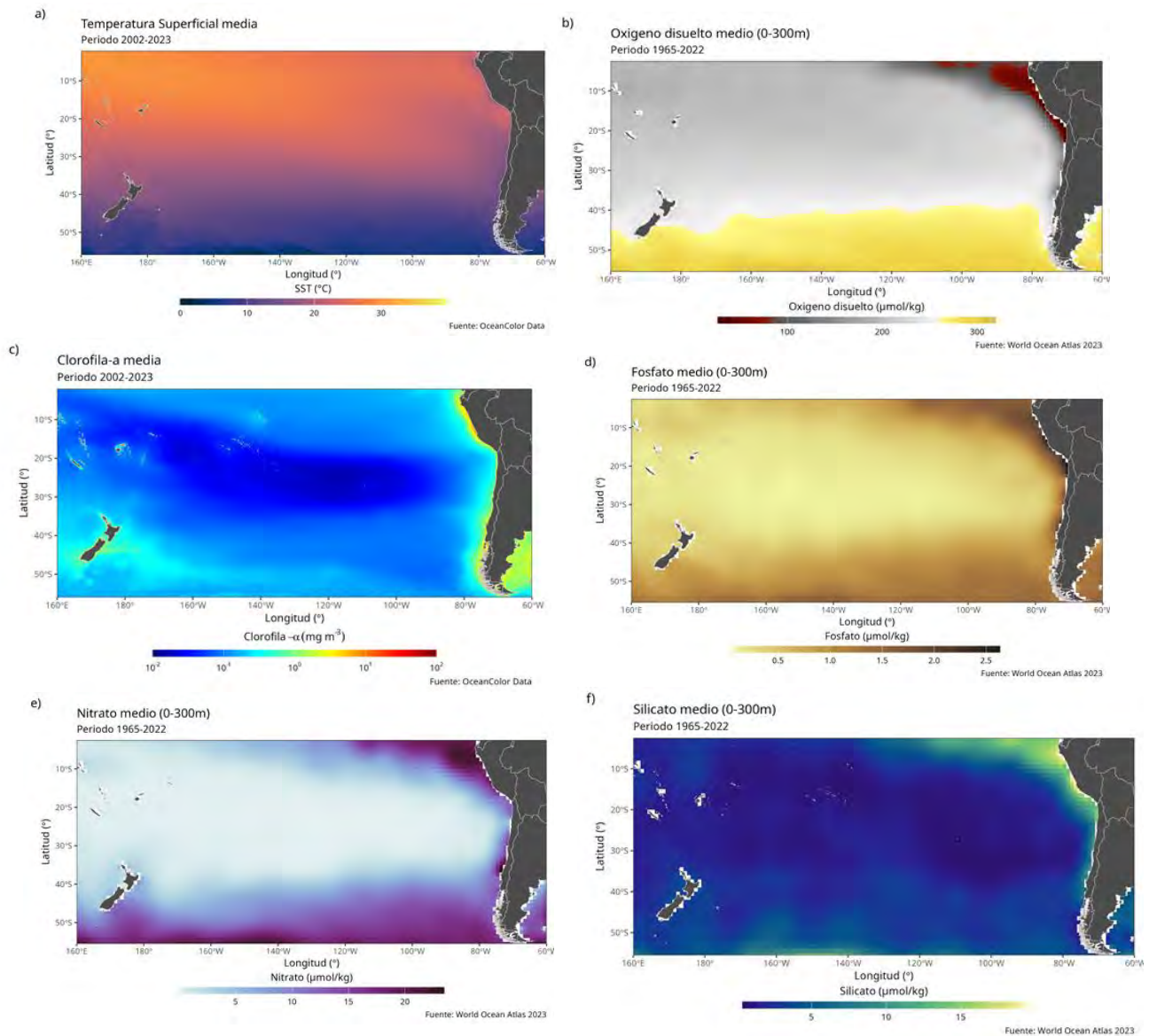


Figura 25. Climatología anual para las variables bio-oceanográficas analizadas a lo largo del rango de distribución de *Trachurus murphyi* en el océano Pacífico Sur: a) Temperatura superficial del mar (°C); b) Concentración media de oxígeno disuelto ($\mu\text{mol/kg}$); c) Concentración media de clorofila-a (mg /m^3); d) Concentración media de Fosfato ($\mu\text{mol/kg}$); e) Concentración media de Nitrato ($\mu\text{mol/kg}$); y f) Concentración media de Silicato ($\mu\text{mol/kg}$).

4.5.2.2.2 Efecto de las variables ambientales y climáticas sobre la diversidad genética: Una aproximación desde los modelos causales estructurales (MCE).

Una vez obtenida y estandarizada las bases de datos climáticos, se extrajeron dichas variables para cada uno de los 271 individuos. Aunque fue posible estimar métricas clásicas de diversidad genética para cada área muestreada, el número reducido de áreas ($n = 12$) implica una limitación importante para modelar de forma robusta la relación entre diversidad genética y variables ambientales a escala espacial. Para superar esta restricción, se utilizó como variable respuesta el primer componente principal (PC1) derivado de un análisis de discriminante de componentes principales (DAPC) realizado previamente (ver Figura 17). En este sentido, el *score* del primer componente principal del DAPC, que explica la mayor proporción de la varianza genética, se utilizó como un *proxy* de la variabilidad genética general (Jombart *et al.*, 2010). Este enfoque es particularmente útil en escenarios con muestreo limitado, donde PC1 proporciona una representación robusta de los patrones principales de variación genética.

Debido al tamaño de muestra relativamente pequeño en relación con la complejidad del modelo, la fase inicial de aprendizaje de la estructura de la red bayesiana resultó en un DAG que contenía relaciones espurias, por ejemplo, longitud “causando” latitud (Figura 26). Esto se debe a que, con datos limitados, los algoritmos de aprendizaje de la estructura pueden identificar falsas dependencias entre variables (Geduk & Ulusoy, 2021).

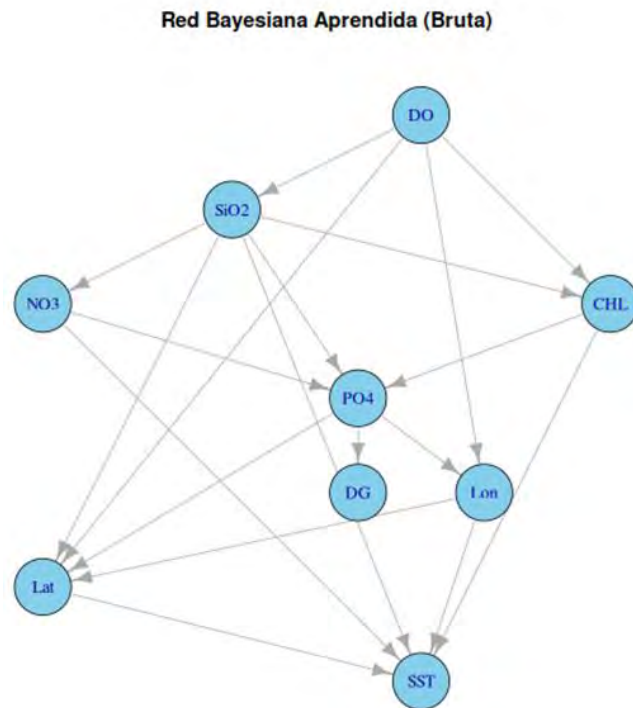


Figura 26. Grafo acíclico dirigido (DAG) aprendido automáticamente a partir de los datos (estructura bruta). Los nodos representan variables ambientales (SST, DO, CHL, NO₃, PO₄, SiO₂), espaciales (Lat, Lon) y genéticas (DG: score PC1 del DAPC). Las flechas indican relaciones de dependencia condicional entre variables, según la estructura de grafo acíclico dirigido (DAG) aprendida.

A partir de la incorporación de conocimiento físico y ecológico, se aplicó una matriz de restricciones que delimitó las posibles relaciones causales entre variables. Esta restricción estructural permitió excluir conexiones inverosímiles. Como resultado, se obtuvo una estructura de red más interpretable, en la cual se evidenciaron relaciones consistentes con los mecanismos ecológicos esperados, tales como la influencia de la temperatura y los nutrientes sobre la concentración de clorofila- α (Figura 27). La estimación de los

parámetros del DAG, en conjunto con el muestreo bayesiano de su estructura, indicó que la latitud y la longitud se comportaron como variables estrictamente exógenas, actuando como condicionantes espaciales que influyen directamente en múltiples componentes del sistema. En particular, la latitud presentó conexiones dirigidas y positivas hacia PO_4 (2,14), SiO_2 (0,67), NO_3 (0,85), SST (1,05) y negativa hacia DO (-0,54) y, mientras que la longitud se conectó con SST (0,28), SiO_2 (0,16) y DO (-0,27). Estas relaciones reflejan una fuerte estructuración espacial de las condiciones oceanográficas. Finalmente, el nodo DG fue modelado como variable estrictamente endógena y mostró una única conexión dirigida y positiva desde PO_4 (0,54); sin embargo, este arco fue clasificado con bajo soporte bayesiano, lo que sugiere una influencia potencial, pero incierta de los niveles de fosfato sobre la variabilidad genética total, medida a través del primer eje principal (PC1) derivado del análisis DAPC (Figura 27).

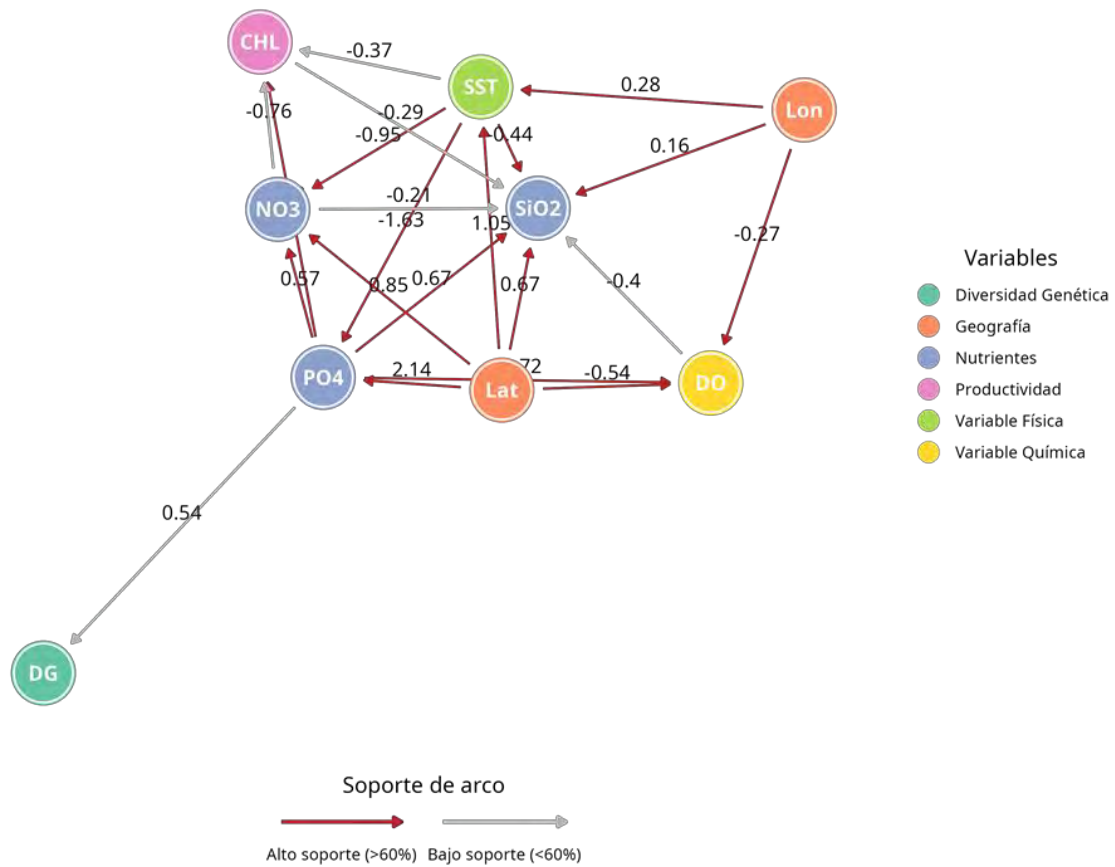


Figura 27. Grafo acíclico dirigido (DAG) estimado mediante inferencia bayesiana. Los nodos representan variables ambientales (nutrientes: PO₄, NO₃, SiO₂; físicos: SST, DO; productividad: CHL), geográficas (Lat, Lon) y una variable de respuesta biológica (DG; "diversidad genética"). Las flechas indican relaciones dirigidas entre variables. Los arcos en rojo corresponden a relaciones con alto soporte posterior (probabilidad > 0,6), mientras que los arcos en gris presentan bajo soporte. Los números junto a los arcos representan la magnitud y sentido del efecto de una variable sobre otra.

4.5.2.3 Discusión

Nuestros resultados sugieren que, a pesar del número limitado de localidades muestreadas, es posible explorar la estructura causal entre condiciones ambientales y diversidad genética utilizando enfoques basados en modelos causales estructurales (MCE). Al emplear el primer componente principal derivado del DAPC como variable respuesta, logramos una representación robusta de los principales gradientes de variación genética, particularmente útil en contextos de baja replicación espacial (Jombart et al., 2010). El DAG estimado revela una organización jerárquica donde las variables geográficas (latitud y longitud) actúan como condicionantes exógenos que modulan directa o indirectamente las condiciones oceanográficas. La latitud mostró una influencia destacada sobre la variación de nutrientes (PO_4 , NO_3 , SiO_2) y condiciones físico-químicas (SST y DO), reflejando un fuerte efecto estructurante de los gradientes latitudinales sobre el ambiente marino.

A pesar de la complejidad del sistema, la diversidad genética (DG) se vinculó de forma directa solo con los niveles de fosfato (PO_4), aunque esta relación mostró un bajo soporte posterior. Este resultado debe interpretarse con cautela, ya que podría reflejar tanto una relación biológicamente plausible, como una limitación asociada al tamaño de muestra. En este contexto, Ghoshal & Honorio (2017) indican que, para aprender con alta probabilidad la estructura de un DAG, el número de muestras debe crecer según la relación

$$O(K^4 \log p),$$

donde p es el número de variables y k el tamaño máximo del Markov blanket de cada nodo, lo que en nuestro caso implica un requerimiento de un n de al menos 170. Pese a que se dispuso de un tamaño nominal de 271 individuos muestreados en 12 sitios, la

elevada redundancia ambiental —debida a que muchos individuos comparten condiciones oceánicas prácticamente idénticas al provenir de las mismas localidades— reduce la variabilidad efectiva de los datos y, por tanto, eleva el tamaño muestral real necesario para inferir de manera fiable las relaciones causales entre diversidad genética y variables oceánicas. Por otra parte, es posible que el efecto de las condiciones ambientales sobre la diversidad genética esté mediado por procesos ecológicos intermedios no modelados explícitamente (e.g., abundancia poblacional, conectividad larval, ciclo de vida, entre otros).

4.5.2.3 Conclusión

Este estudio demuestra que los modelos causales estructurales, cuando son informados por conocimiento ecológico y ajustados bajo inferencia bayesiana, constituyen una herramienta poderosa para explorar relaciones complejas entre el ambiente y la diversidad genética, incluso en contextos de datos limitados. La influencia espacial sobre las condiciones oceanográficas fue consistente y robusta, mientras que la relación directa entre el fosfato y la variabilidad genética, aunque sugerente, requiere mayor validación. Estos hallazgos abren nuevas oportunidades para integrar explícitamente modelos causales en estudios de genética del paisaje y biogeografía marina.

5. Conclusión general

El presente estudio constituye un avance sustancial en el entendimiento de la estructura poblacional y conectividad genética del jurel, *Trachurus murphyi*, en el océano Pacífico Sur, en cumplimiento con los compromisos adquiridos por Chile ante la Organización Regional de Pesca del Pacífico Sur (OROP-PS).

Los análisis genéticos realizados mediante el panel de loci SNPs/GT-seq y la secuenciación de genoma completo de baja cobertura (lcWGR) revelaron una alta diversidad genética en las áreas de Chile, acompañada de coeficientes de endogamia negativos, lo que sugiere poblaciones saludables y con alta variabilidad genética.

Los valores de estructuración genética poblacional (F_{st}) fueron en general bajos pero estadísticamente significativos, típico de especies con gran tamaño poblacional y amplios patrones de movimiento migratorio, indicando una gran conectividad genética a lo largo del Pacífico Sur Oriental entre Chile y Perú, conformando un gran stock, respaldando el modelo de alto intercambio genético sostenido en el margen sudeste del Océano Pacífico. Diferencias significativas entre Nueva Zelanda y el resto de las áreas analizadas fueron evidenciadas.

Se detectaron señales de divergencia significativa en áreas oceánicas específicas (Valdivia, Chiloé, Talcahuano), lo que refuerza la hipótesis de la existencia de unidades demográficas semi-independientes, con flujos génicos limitados respecto a las áreas costeras. Estos últimos hallazgos deben ser corroborados a través de la incorporación de muestras temporales.

El análisis de las relaciones entre variables ambientales y diversidad genética no mostró correlaciones significativas, sugiriendo que, al menos en este estudio, las diferencias genéticas observadas no pueden explicarse por factores ambientales o geográficos. Esto contrasta con hallazgos previos (FIPA 2021-28), lo que podría atribuirse al menor número

de loci utilizados en el presente panel (653 loci con tecnología GT-seq) en comparación con estudios anteriores (12.072 loci con tecnología DArT).

La validación y desarrollo del panel SNPs/GT-seq específico para *Trachurus murphyi*, junto con la integración de la secuenciación de genoma completo, proveen herramientas de alta resolución para el monitoreo futuro de la especie, esenciales para fortalecer las estrategias de manejo y conservación.

Finalmente, la evidencia generada sostiene la hipótesis de una población ampliamente interconectada de jurel en el océano Pacífico Sur Oriental, divergente genéticamente con la agrupación reproductiva de jurel residente en aguas de Nueva Zelanda.

Los resultados obtenidos son fundamentales para fundamentar decisiones de manejo pesquero basadas en evidencia científica y en particular evidencia genómica, contribuyendo a garantizar la sostenibilidad del recurso y la conservación de su variabilidad genética a largo plazo.

6. Programa de monitoreo genético de jurel, *Trachurus murphyi*, en el Océano Pacífico Sur

Disponiéndose de una poderosa herramienta genómica de alta resolución y calidad, un panel de loci SNPs, para el monitoreo de la diversidad y divergencia genética del jurel, es trascendental integrar esta herramienta en un programa de monitoreo de largo plazo de la especie, que permita dar seguimiento a los patrones de diversidad genética evidenciados, y detectar cambios que pudiesen ocurrir como respuesta al cambio climático y/o sobre pesca entre otros en el futuro.

Este panel de loci SNPs nos permite evaluar la estructura genética poblacional así como la dispersión en especies que componen pesquerías de poblaciones únicas (stocks

únicos) o poblaciones mezcladas (stocks mezclados; mixed-stock analysis (MSA)), llegando a obtener estimaciones de las contribuciones relativas de cada población o stock provenientes de múltiples áreas a la pesquería. Varios ejemplos de aplicación y escenarios podemos encontrar en la literatura. Es así, como un panel de más de 413 loci SNPs autosomas fueron ensayados entre el año 2013 al 2021 en tres especies de salmones de Canadá del Norte (Beemelmans et al., 2025). A partir de este panel se llegó a estimar el aporte relativo de los distintos stocks o poblaciones identificadas a la actividad pesquera, aportando a las estimaciones de las cuotas de captura consumidas. De esta manera se establecen planes de manejo pesquero adaptativos con un mejor control de las cuotas, evitando la sobre pesca de stock o poblaciones vulnerables o particularmente importantes desde un punto de vista de la variabilidad genética y en consecuencia de la diversidad fenotípica. Un panel de 59 loci SNPs fue ensayado por más de dos décadas en el Arenque del Atlántico, *Clupea harengus* (Bekkevold et al., 2023), con 3734 muestras provenientes desde zonas de desove y caladeros de pesca ubicados en el Mar del Norte y del Mar Báltico. El estudio confirma la utilidad de este panel de marcadores moleculares en monitorear los patrones espacio -temporales a través de la distribución geográfica en una especie que presenta una compleja dinámica de mezclas de stocks o poblaciones y amplios procesos migratorios. El panel evidencia claras diferencias entre grupos desovadores de primavera y otoño, datos que son confirmados por clasificación de otolitos también.

Es importante presentar esta herramienta genómica, un panel de loci SNPs desarrollado y validado para *Trachurus murphyi*, ante la OROP-PS, como una herramienta que robustece el manejo pesquero del recurso y las decisiones que se toman respecto al

mismo. Esto permite demostrar el liderazgo de Chile respecto a la temática, y abre puertas a la discusión para mejorar la herramienta.

Los estudios FIPA ejecutados en los últimos 20 años sobre la genética del jurel se han enfocado exclusivamente en ejemplares de la fracción poblacional disponible al arte de pesca, tanto de la flota artesanal como industrial. Por ello, es relevante aplicar esta herramienta genómica en ejemplares de diferentes tallas y edades (grupos etarios), por ejemplo, huevos, alevines, juveniles. Se sugiere incluir el muestreo genético en los cruceros anuales realizados por el IFOP para el muestreo de juveniles, huevos y otros estadios.

Debido a la flexibilidad técnica del panel de loci SNPs/GT-seq generado, futuros estudios podrían excluir o incluir nueva información genética, nuevos loci, enfocándose en la pregunta biológica o de manejo planteada. Por ejemplo, esta flexibilidad técnica permitirá incorporar alguno(s) loci de los 4198 nuevas variantes identificadas a partir de secuenciación completa del genoma (lcWGR). En el contexto de la secuenciación del genoma completo (WGS), será necesario aumentar el número de ejemplares y áreas en futuros estudios, con la finalidad de validar esta información.

De la misma manera, ya sea desde paneles de loci SNPs identificados por GTseq o WGS, al identificar variantes con valor adaptativo, loci SNPs adaptativos o potencialmente adaptativos, se abren las puertas a estudios relacionados con selección natural, así como entender los mecanismos mediante los cuales los ejemplares responden a cambios ambientales, permitiéndonos reconocer su plasticidad y resiliencia a eventos climáticos extremos o presiones antropogénicas.

Examinar las causas y consecuencias de los patrones de variabilidad genética en esta especie abre perspectivas para futuras investigaciones. En particular, sería valioso incorporar metodologías que midan la diversidad genética a nivel individual a partir de perfiles genómicos completos, utilizando, por ejemplo, índices basados en la entropía de Rényi (Hill numbers; Ma et al., 2020). Estas métricas individuales ofrecen una evaluación más directa de la variabilidad genética real, superando las limitaciones inherentes de los enfoques basados en componentes principales (como DAPC) o de las estimaciones agregadas de heterocigosidad (H_e , H_o) a nivel de localidad.

Por otro lado, integrar series ambientales con mayor resolución espacial y temporal potenciaría la capacidad predictiva de los modelos causales estructurales, permitiendo discernir de forma más precisa cómo los procesos oceanográficos de escala fina pueden estar modelando la estructura genética de esta especie. Finalmente, la inclusión explícita de variables ecológicas intermedias —tales como abundancia poblacional, patrones de conectividad larval y aspectos del ciclo de vida— y el desarrollo modelos causales predictivos bajo diferentes escenarios climáticos futuros, contribuiría a una comprensión más robusta y predictiva sobre cómo la diversidad genética responde ante cambios ambientales, facilitando así una gestión más efectiva y adaptativa de los recursos marinos en la región.

7. Recomendaciones para el diseño y uso de un programa de monitoreo genético del jurel, *Trachurus murphyi*, en el Océano Pacífico basado en un panel de marcadores moleculares tipo SNPs

Un programa de monitoreo genético de especies silvestres que constituyen pesquerías, como es el caso de jurel, *Trachurus murphyi*, debe incluir entre otros elementos (Andersson et al., 2024; Beelmanss et al., 2024; Bekkerlvoid et al., 2023), destacando que este programa de investigación puede ser adaptativo a nuevos conocimientos y objetivos:

- **Marco conceptual y teórico:** definir la especie de interés, su ciclo de vida, historia pesquera, el estado del arte de conocimiento respecto al tema genético y otros, brechas de conocimiento, conceptos de especie, stock, población, subpoblación, y otros a utilizar durante la ejecución del programa, definir la línea base de conocimientos relativo al tema al inicio del programa, otros, etc.
- **Objetivos:** definir claramente los objetivos iniciales del programa, como, por ejemplo, evaluar la diversidad y estructura genética de la población a través de su distribución geográfica, establecer los objetivos de manejo pesquero, como por ejemplo, estimar la proporción en la captura de cada stock o población genéticamente identificado, objetivos de conservación de la especie, objetivos de conservación de las poblaciones, etc.
- **Diseñar el estudio y el muestreo:** definir zona o área de muestreo; en este caso se sugiere priorizar zonas extremas de la distribución de la especie y aquellas áreas relevantes para el ciclo de vida, como zonas de desove y alimentación, focalizando el muestreo también en áreas que hayan mostrado diferencias genéticas en estudios

previos, que se deben corroborar espacial y temporalmente, como por ejemplo, Nueva Zelanda, Valdivia, Chiloé, Talcahuano, Iquique, entre otros (se recomienda diseñar estrategias Pool-seq, o next-generation sequencing of pooled samples para un análisis costo efectivo, definir números de ejemplares por zona de muestreo; usualmente no más de 30 ejemplares (Fuentes-Pardo et al., 2023)), definir periodicidad de muestreo; se sugiere seguir el ciclo de actividad pesquera, en este caso, cubrir el plan de muestreo durante la temporada de pesca de cada año (las muestras se deberían tomar cada año, pero al análisis se puede hacer bianualmente o en el periodo establecido por los investigadores), con un muestreo por área definida al año; definir métodos y procedimientos para recopilar muestras biológicas para el análisis genético, se recomienda muestrear varios grupos etarios, más allá de la fracción de la población disponible a la pesca.

- **Recopilar muestras biológicas:** definir protocolos y procedimientos de muestreo biológico a bordo y en tierra que aseguren la trazabilidad de la muestra y de la respectiva data asociada, definir si se utilizaran métodos no invasivos o invasivos, como por ejemplo, los Tissue Collection Rack de LVL, <https://lvl-technologies.com/en/safetubes/tissue-collection-tool/>, definir si se muestrear tejidos y otros fuentes de ADN y cuales, diseñar registros de muestreos estándar para muestreo a bordo y en tierra, definir y diseñar capacitaciones para muestreadores a bordo y en tierra con fines genéticos, definir que muestras biológicas complementarias serían recopiladas, con la finalidad de asegurar su muestreo, como por ejemplo; otolitos, estómago (contenido estomacal), gónadas, fotografías, otros.

- **Recopilar data biológica- pesquera:** definir data asociada a las muestras recolectadas con fines genéticos, como, por ejemplo; muestreador, fecha, coordenadas de muestreo, embarcación, localidad o zona de muestreo, sexo, peso, longitud, fotografía para fines morfométricos, otros.

- **Recopilar data climatológica relevante para la especie:** como, por ejemplo, temperatura superficial del mar, clorofila superficial (u otros índices de clorofila relacionado con productividad), altura del nivel del mar, energía cinética de mesoescala, turbulencia inducida por el viento, salinidad, oxígeno disuelto, entre otros.

- **Realizar análisis genético en laboratorio para el estudio del ADN, panel de loci SNPs:** Definir los protocolos y procedimientos a seguir, los laboratorios donde se realizarán estos análisis, los cuales están contenidos en el presente informe, tanto para la extracción de ADN genómico como para la construcción de librerías genómicas y secuenciación de las muestras para genotipificación de SNPs, definir los procedimientos bioinformáticos a utilizar, definir el pipeline del análisis y los script, así como los programas a utilizar, entre otros.

- **Realizar análisis estadísticos de la base de datos de ADN, panel de loci SNPs:** definir los análisis estadísticos a realizar y comparar en cada temporada, independiente de agregar nuevas alternativas. Se sugiere estimar y comparar durante la ejecución del programa los siguientes estimadores de diversidad y divergencia genética: heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e), número privado de alelos (PA), coeficiente de endogamia (F_{IS}), índice de estructuración poblacional de Wright (F_{ST}) (con valor-p menor o igual a 0,001), estimaciones bayesianas de conglomerados o cluster genéticos (utilizando los programas GENELAND y/o Structure).

- **Analizar e interpretar los datos genéticos y asociados:** analizar e interpretar la data obtenida genética, fenotípica y ambiental, describir los resultados y compararlos con los resultados anteriores, en función de los objetivos planteados.
- **Generar informes y recomendaciones** para la conservación y el manejo del recurso pesquero jurel, *Trachurus murphyi*, del océano Pacífico Sur.
- **Someter a revisión el informe de cada temporada:** definir el procedimiento de la revisión del informe por pares, durante este procedimiento los expertos y expertas convocadas evalúan la validez, relevancia y calidad del trabajo científico y técnico. Los expertos y expertas deben emitir un informe que contenga al menos: resumen, identifican problemas, y ofrecen recomendaciones para mejorar el informe y el diseño del monitoreo. Este proceso es fundamental para garantizar la fiabilidad y la validez de la investigación.

8. Talleres realizados

8.1 Taller inicial de coordinación



ACTA DE REUNIÓN DE COORDINACIÓN

PROYECTO FIPA 2023-18 –GENÓMICA POBLACIONAL PARA EL MANEJO PESQUERO DEL JUREL DEL PACÍFICO SUR ORIENTAL (PSO)”

EJECUTOR: Universidad de Concepción **JEFE DE PROYECTO:** Sandra Ferrada Fuentes

FECHA: 02/04/2024

LUGAR: Reunión Online plataforma

Teams

PARTICIPANTES/INSTITUCIONES

- Malu Zavando, Fondo de Investigación Pesquera y Acuicultura
- Sandra Ferrada Fuentes, Universidad de Concepción
- Victoria Herrera Yáñez, Universidad de Concepción
- Ricardo Galleguillos, Universidad de Concepción
- Cristian Canales-Aguirre, Universidad de Los Lagos
- Luis Cubillos, Universidad de Concepción
- Oscar Inostroza Michael, Universidad de Concepción
- Felipe Aguilera, Universidad de Concepción
- Aquiles Sepúlveda, Instituto de Investigación Pesquera, INPESCA
- Sebastián Vásquez, Instituto de Investigación Pesquera, INPESCA

- Silvia Hernández, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
- Víctor Espejo Briones, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
- Nicole Mermoud Aldea, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura

TEMAS TRATADOS:

- La reunión se inicia con las indicaciones generales de Malú Zavando Benítez (FIPA).
- Víctor Espejo (SUBPESCA), agradece al equipo ejecutor por el trabajo ya realizado en el proyecto anterior FIPA N°2021-28, destacando que se realizaron más actividades de las comprometidas en la oferta técnica y hubo un gran apoyo para la participación en las reuniones de la OROPS. Presenta a Nicole Mermoud como la nueva sectorialista del recurso jurel de Subspesca y que será la contraparte técnica para este FIPA N°2023-18.
- Aquiles Sepúlveda (INPESCA) se suma a las palabras de agradecimiento.
- Sandra Ferrada Fuentes (UDEC), profesional de la Universidad de Concepción, y jefa de proyecto expone acerca de aspectos administrativos, financiero, fechas de informes, profesionales involucrados en el proyecto, rol y función de cada uno de ellos.
- Víctor Espejo (SUBPESCA), acota que la secuenciación por WGS (objetivo específico 3) fue un requerimiento por parte del consejo del FIPA, consulta que se puede señalar al respecto sobre la técnica utilizada en el proyecto FIPA N°2021-28 y el actual (GT-seeq) con WGS.
- Sandra Ferrada responde que de manera general ambas técnicas son técnicas de secuenciación masiva y genotipificación y que a través de WGS, en esta oportunidad se tendrá una mayor cobertura del genoma, mayor cantidad de gb de información que nos permitirá detectar un mayor número de variantes génicas (SNPs y de otros tipos), en cambio con la tecnología de secuenciación Dartseq uno lo que encuentra son las variantes más frecuentes.
- Aquiles Sepúlveda (INPESCA), expone los temas relacionados al objetivo de diseño de muestreo propuesto para el actual proyecto y muestra los avances realizados a la fecha.

-Silvia Hernández (SUBPESCA), consulta si el tamaño de muestra es el adecuado para estas técnicas.

- Aquiles Sepúlveda y Sandra Ferrada responden que el tamaño de muestra por localidad es suficiente para este tipo de marcadores moleculares en estudios poblacionales ya que la información genética (loci) identificados y analizados con marcadores SNP es elevada y suficiente para alcanzar el poder estadístico adecuado.

-Víctor Espejo realiza consulta y ofrece ayuda y contactos con el IFOP/CIAM para poder conseguir más muestras de la zona norte de Chile.

-Cristian Canales Aguirre (Universidad de Los Lagos), expone sobre las bases teóricas y prácticas de los marcadores SNPs comprometidos, así como sus alcances y utilidad. Expone en detalle la metodología para dar cumplimiento a los objetivos 1, y 4 del presente proyecto.

- Ricardo Galleguillos, asesor, consulta ¿Qué porcentaje de las muestras resultan rechazadas por motivos técnicos?

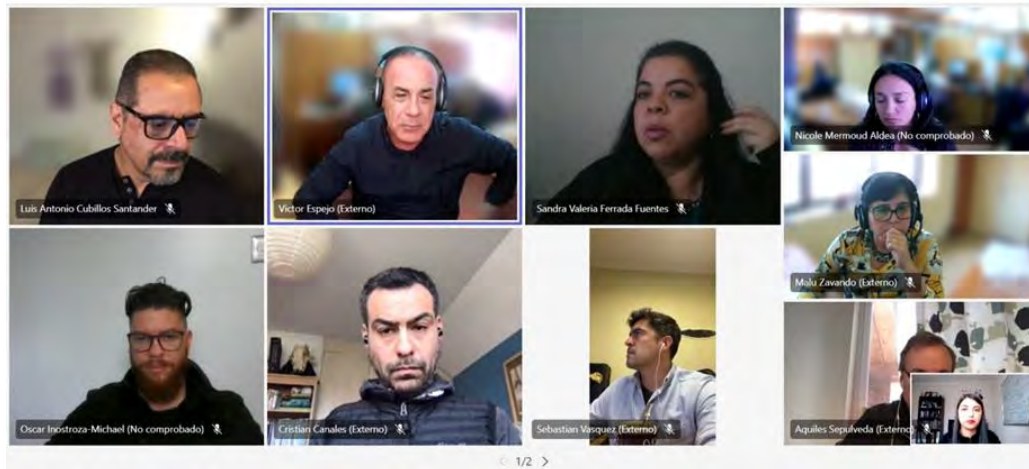
- Sandra Ferrada y Cristian Canales responden que es muy poco, aproximadamente entre el 5 a 7% del total de muestras, y esto se pierde en el postproceso de la muestra (etapa de análisis bioinformático y filtro de loci SNPs), y además comenta que se enviarán muestras de reserva, muestras de reemplazo, en caso de que haya algunas muestras que no salgan por efecto de la técnica en las primera etapas.

-Sandra Ferrada expone sobre el objetivo 3 que tiene relación con la secuenciación mediante WGS.

-Víctor Espejo pide explicar el contexto metodológico que hace que exista una diferencia monetaria entre realizar un genoma de referencia y secuenciar por WGS 45 individuos.

- Sandra Ferrada y Cristian Canales responden a esto dando detalles de la cobertura y profundidad de secuenciación realizadas con ambas técnicas por lo que esto provocaría la diferencia en dinero y tiempo de obtener ambos resultados.

- Víctor Espejo consulta ¿para qué más se podría utilizar el genoma de referencia ahora que ya se tiene?.
- Cristian Canales responde que esto nos permitió mapear caracteres de interés y da el ejemplo concreto que se ha estado trabajando con respecto a las variantes encontradas que podrían estar relacionadas los cromosomas sexuales del jurel.
- Felipe Aguilera (UDEC) complementa que con el genoma de referencia *Trachurus murphyi* se podrá corroborar por ejemplo si corresponde a los cromosomas sexuales, y al secuenciar estos 45 individuos por WGS se podrá identificar otras secuencias que estén asociadas a secuencias de genes que codifiquen proteínas, regulen otros genes, etc.
- Sebastián Vásquez (INPESCA), expone en detalle cómo se llevará a cabo el objetivo específico 5 para desarrollar un modelo conceptual respecto los patrones de divergencia genética y los procesos de conectividad que pudiesen ser evidenciados en el jurel (*Trachurus murphyi*) en agua del Pacífico Sur, y muestra los resultados obtenidos en el proyecto FIPA N°2021-28.
- Oscar Inostroza (Universidad de Concepción), expone acerca de una nueva aproximación que desea explorarse en relación a los Modelos Causales Estructurales, información que puede ayudar a complementar el modelo conceptual del jurel como parte del objetivo específico 5).
- Nicole Mermoud (SUBPESCA), agradece a los expositores sus presentaciones y claridad para explicar las metodologías para poder tener más conocimiento de lo que será el trabajo dentro del proyecto al que ella se está incorporando como nueva sectorialista. Agradecer también la disposición de los colegas que han participado de otras instancias como las reuniones de la OROPS ya que se entiende que estas son un esfuerzo extra al trabajo requerido dentro del proyecto.
- Víctor Espejo, reitera agradecimientos al equipo y ofrece su ayuda y disposición para seguir trabajando en este tema.



8.2 Talleres de trabajo con contraparte técnica y comité científico de la OROP-PS

Participación en reuniones técnicas preparatorias para la delegación científica chilena de la South Pacific Regional Fisheries Management Organisation (SPRFMO/OROPS), jurel

Profesionales del proyecto FIPA N°2023-18 se han reunido en variadas oportunidades en reuniones preparatorias a los encuentros del Comité Científico del jurel en la OROPS, preparado material e informes para tales fines.

En particular para analizar diversos escenarios de estimación de tasas de conectividad del Jurel en el PSO.

- Se entrega informe “Tasas de asignación en Jurel” el 09 de marzo de 2024, se adjunta documento dentro del informe.
- Se analizan los resultados de las tasas de asignación del jurel en el contexto de la OROPS, las siguientes fechas:
 - 28 marzo de 2024, reunión delegación chilena
 - 30 marzo de 2024, reunión delegación chilena
 - 2 abril de 2024, reunión delegación chilena
 - 11 abril de 2024, reunión delegación chilena
 - 18 abril de 2024, reunión delegación chilena
 - 24 abril de 2024, reunión delegación chilena
 - 18 julio de 2024, Jack mackerel connectivity research task group-desk study. Reunión OROPS internacional en el contexto del grupo de conectividad.
- 29 agosto de 2024, borrador documento “Genetics_JM_connectivity_Desk_Study” para el Workshop del Grupo de conectividad a realizarse los días 26 y 27 de septiembre, previo a la reunión del SC SPRFMO 2024. Se adjunta documento dentro del informe.

Tasas de asignación en Jurel

Cristian B. Canales-Aguirre y Sandra Ferrada Fuentes
2024-03-09

Metodología

Se utilizó cuatro bases de datos para estimar tasa de asignación entre diferentes grupos. Las bases de datos corresponden a datos genotípicos adaptativos (i.e., SNPs) identificados en el proyecto FIPA 2021-28. Cada base de datos corresponde a una temporada diferente, las cuales incluían, datos del 2007, 2010, 2021 y una base de datos que incluye todos los datos. Las muestras del 2007 corresponden a individuos obtenidos en el proyecto FIPA 2007-27, mientras que las del 2010 al proyecto FIPA 2010-18 y las del 2021 al proyecto FIPA 2021-28.

Se utilizó el paquete de R *assignPOP* para estimar mezcla y tasas de asignación. Los datos de las cuatro bases de datos fueron organizados según las seis de las zonas presentadas en el informe de Nielsen et al. (2014) (Figura 1).

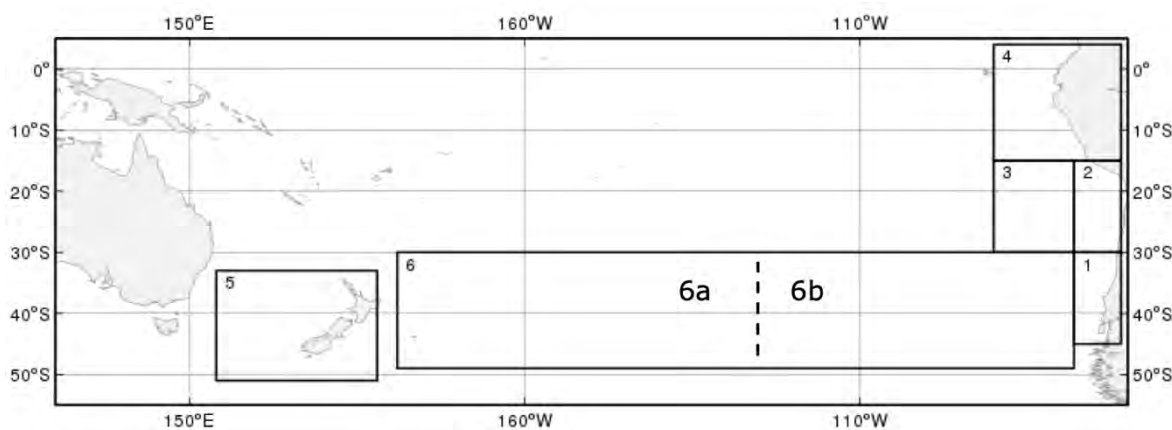


Figura 1. Representación de las 6 cajas geográficas utilizadas para comparar las tendencias de la biomasa de jurel, y división adicional (línea de puntos a 125°O) de la región 6 en dos subregiones oeste (6a) y este (6b) utilizadas para el estudio de conectividad (Nielsen et al. 2014).

Posteriormente, se realizó la técnica de validación cruzada k-fold para evaluar los datos de referencia. La validación cruzada K-fold ayuda a determinar la probabilidad de pertenencia de todos los individuos mediante el uso de un grupo como individuos de prueba y los restantes K-1 grupos como individuos de entrenamiento (por lo tanto, cada individuo se prueba una vez). Para la estimación se especificó la proporción de loci a utilizarse como loci de entrenamiento (i.e., 0,9), y se determinó que la proporción de loci se elige basándose en el FST de locus estimado dentro de los individuos de entrenamiento.

Para estimar la probabilidad de pertenencia de cada individuo a cada área, introducimos la validación cruzada K-fold (assign.kfold()) en la que los individuos de cada población se dividen en K grupos (i.e., K=6; forzando a seis áreas para testear). Uno de los K grupos es probado por el modelo predictivo construido a partir de los K-1 grupos restantes. Esta prueba de asignación se repitió hasta que se probaron todos los grupos (i.e, 6 grupos = 6 áreas, Figura 1).

Resultados

Para los datos de la temporada 2007 las tasas de asignación entre las diferentes áreas se describen en la Tabla 1. Las tasas de autoasignación oscilaron entre 0,08 (Area2) a 0,64 (Area5) donde esta última corresponde a Nueva Zelanda. La asignación por origen (área donde provienen las muestras) se interpretan de la siguiente manera. Por ejemplo, en el Area1 un 22% de individuos se autoasigna las misma Area1, mientras que los demás individuos se asignarían a las demás áreas (28% Area2, 20% Area3, 19% Area4, 0% Area5 y 11% Area6b (Tabla 1).

Tabla 1. Tasas de asignación poblacional de jurel temporada 2007

		Area1	Area2	Area3	Area4	Area5	Area6b
Origen	Area1	0.22	0.28	0.20	0.19	0.00	0.11
	Area2	0.25	0.08	0.20	0.17	0.00	0.30
	Area3	0.20	0.22	0.30	0.08	0.08	0.11
	Area4	0.06	0.22	0.14	0.22	0.00	0.36
	Area5	0.00	0.00	0.00	0.19	0.64	0.17
	Area6b	0.17	0.19	0.08	0.36	0.08	0.11

Para los datos de la temporada 2010 las tasas de asignación entre las diferentes áreas se describen en la Tabla 2. Las tasas de autoasignación oscilaron entre 0,20 (Area1) a 1 (Area5 y Area6b) donde estas últimas corresponden a Nueva Zelanda y parte de Chile oceánico. La asignación por origen, por ejemplo, en el Area1 un 20% se autoasigna, mientras que los demás se asignarían a las demás áreas (8% Area2, 64% Area3, 0% Area4, 8% Area5 y 0% Area6b (Tabla 2). La autoasignación 1 en el Area6b puede estar relacionada con el tamaño de muestra asociado a esta zona (n = 2).

Table 2. Tasas de asignación poblacional de jurel temporada 2010

		Area1	Area2	Area3	Area4	Area5	Area6b
Origen	Area1	0.20	0.08	0.64	0.00	0.08	0.00
	Area2	0.17	0.58	0.25	0.00	0.00	0.00

Area3	0.20	0.00	0.68	0.08	0.04	0.00
Area4	0.00	0.00	0.42	0.58	0.00	0.00
Area5	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	0.00
Area6b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00

Para los datos de la temporada 2021 las tasas de asignación entre las diferentes áreas se describen en la Tabla 3. Solo se obtuvieron muestras de tres áreas. Las tasas de autoasignación oscilaron entre 0 (Area3) a 0,48 (Area1). La asignación por origen, por ejemplo, en el Area1 un 48% se autoasigna, mientras que los demás se asignarían a las demás áreas (43% Area2, y 8 % Area3) (Tabla 3). El Area3 no presenta autoasignación por lo que puede inferirse que son migrantes del Area1 y Area2

Tabla 3. Tasas de asignación poblacional de jurel temporada 2021

	Area1	Area2	Area3
Area1	0.48	0.43	0.08
Area2	0.55	0.38	0.07
Origen Area3	0.70	0.30	0.00

Para los datos que incluyen todas las temporadas (i.e., 2007, 2010, 2021) las tasas de asignación entre las diferentes áreas se describen en la Tabla 4. Las tasas de autoasignación oscilaron entre 0,07 (Area6b) a 0,36 (Area5). La asignación por origen, por ejemplo, en el Area1 un 23% se autoasigna, mientras que los demás se asignarían a las demás áreas (27% Area2, 6% Area3, 33% Area4, 4% Area5 y 7% Area6b (Tabla 4).

Tabla 4. Tasas de asignación poblacional de jurel todas las temporadas (i.e., 2007, 2010, 2021)

	Area1	Area2	Area3	Area4	Area5	Area6b
Area1	0.23	0.27	0.06	0.33	0.04	0.07
Area2	0.30	0.32	0.04	0.24	0.04	0.06
Origen Area3	0.22	0.42	0.22	0.00	0.08	0.06
Area4	0.32	0.32	0.00	0.21	0.07	0.07
Area5	0.07	0.19	0.07	0.12	0.36	0.20
Area6b	0.23	0.32	0.03	0.21	0.14	0.07

TOPIC: Genetics

AUTHORS: XXXXXXXX

KEY SEARCH WORDS USED (list the different searches): ~~genetic variability~~”+~~population structure~~”+”NGS”+~~Jack Mackerel~~”

BACKGROUND AND RATIONALE (for the use of this approach to consider **Jack Mackerel Connectivity**)

Genetic connectivity is inferred through the analysis of population genetic structure (Hellberg et al., 2002; Hohenlohe et al., 2021). This approach assesses the geographic and temporal distribution of genetic variability within a species using different molecular markers. Genetic differentiation between populations has been studied with traditional genetic tools such as mtDNA and microsatellites; however, these methods may be limited by an insufficient number of loci in highly vagile and large marine fish populations, which are expected to exhibit subtle genetic structures (Hauser & Ward, 1998; Zarraonaindia et al. 2012; Cunha et al. 2024; Weist et al. 2024). Currently, the genomic techniques provide accuracy and great statistical power in estimating population parameters (Walters & Schwartz, 2020) by generating hundreds to thousands of genomic markers called “single nucleotide polymorphisms,” or SNPs, with great potential to generate and integrate knowledge about how marine populations work, from a molecular to an ecological level (Oleksiak & Rajora, 2019). In recent decades, thanks to the reduction in the costs of Next Generation Sequencing (NGS) (Wetterstrand, 2024), the application of genomics to the study of populations has defined population genomics as the simultaneous analysis of many loci (regions of the genome) to improve the understanding of evolutionary processes such as mutation, selection, etc. (Luikart et al., 2003). These modern approaches make it possible to find molecular markers regardless of the absence of prior genomic information (Bernatchez et al., 2017; Oleksiak & Rajora, 2019).

At present, population genomics plays a main role in solving discrepancies in the delimitation of biological stocks and fishing units to avoid loss of genetic diversity, overexploitation of stocks (Benestan, 2019), and therefore, the collapse of important fisheries (Cadrin, 2020). Genetic studies have been applied especially in pelagic fish, where their apparent absence of geographical barriers, migratory behaviour, large population sizes, and long life cycles seem to promote low levels of genetic differentiation (Cowen et al., 2007), undetectable by direct traditional methods. Among the main groups of small pelagic fish with fishing importance are the mackerels (Manuzzi et al., 2024; Fuentes-Pardo et al., 2023; Bourret et al., 2023; Rodríguez-Ezpeleta et al., 2016), anchovies (Engraulidae) (Zhang et al., 2020), sardines (Clupeidae) (Da Fonseca et al., 2024), and herrings (Kongsstovu et al., 2022; Reid et al., 2018; Lamichhaney et al., 2012). An interesting example is the Atlantic horse *Scomber scombrus*, with two contingents or

spawning components (north and south) in the northwest Atlantic. In this complex status with differences in spawning areas and migration routes, meristic markers (MacKay & Garside, 1969), otolithic forms (Castonguay et al., 1991), and low-resolution genetic markers such as mtDNA (Lambrey de Souza et al., 2006) and microsatellites (Gíslason et al., 2020) were unsuccessful in distinguishing contingents, but a small but significant genetic differentiation was observed using genome-wide markers like SNPs (Bourret et al., 2023).

CRITICAL APPRAISAL OF METHODS (where it has worked and what it shows, the limitations and caveats of the approach)

Different molecular markers are available thanks to advances in technologies to access genetic information of living organisms (Schlötterer, 2004; Holliday et al., 2018), as well as a better understanding of the underlying factors that shape such variability (Bernatchez, 2016). Over the past decades, mitochondrial DNA (mtDNA) markers have been widely used, even despite their maternal transmission inheritance (Ladoukakis & Zouros, 2017). However, in certain cases evolutionary forces may leave different signals in genetic variation, leading to incorrect interpretations if it is used as the sole method for population inferences (Karl et al., 2012), as the effects of natural selection and past demographic changes mimic each other (Grant, 2016; Marchi et al., 2021). Furthermore, in highly mobile marine species (such as pelagic fishes) where extensive gene flow is expected, mtDNA showed limited power to detect subtle signals of genetic differentiation compared to more polymorphic genetic markers (Healey et al., 2020; Andersson et al., 2024). On the other hand, microsatellites are DNA markers found throughout the genome (Tautz & Renz, 1984; Bennett, 2000; Chambers, 2000; Liu, 2007), reflect biparental inheritance, and are more abundant in non-coding regions (Metzgar et al., 2000; Ellegren, 2004), which implies less susceptibility to natural selection, so they have been used to reflect neutral variation (Ellegren, 2004). Even though these markers have great potential in detecting genetic differentiation between populations (Chambers, 2000), it requires the analysis of a high number of loci, which could be a practical disadvantage compared to other methods.

Nowadays, high-throughput sequencing techniques are the most widely applied for genetic connectivity studies, since they allow to explore population variations along the genome of individuals. Thus, techniques based on genomic complexity reduction (e.g., GBS and ddRAD-seq, based on the use of restriction enzymes) and whole genome sequencing (e.g., pool-seq, lcWGS, and WGS) are the main ones used in non-model and model species, respectively. GBS and ddRAD-seq have been widely used in highly economically important pelagic fish species, such as *S. scombrus* (Bourret et al., 2023), *Engraulis japonicus* (Zhang et al., 2020), *Seriola rivoliana* (Mendoza-Portillo et al., 2020), and *Sardina pilchardus* (Antoniou et al., 2023), demonstrating their effectiveness in finding structuring signals that previously could not be detected with traditional genetic methods. On the other hand, the WGS (whole genome sequencing) method has identified

differentiations not detectable by RAD-seq, suggesting that more regions need to be covered, including for understanding adaptive mechanisms (Clucas et al., 2019a vs. Clucas et al., 2019b; Szarmach et al., 2021). Although achieving sufficient coverage to genotype individuals on a population scale can be very costly, an effective alternative is to sequence groups or pools of individuals (pool-seq; Schlötterer et al., 2014). With the help of a high-quality genome, the pool-seq method was able to detect genetic structuring in *Trachurus trachurus* (Fuentes-Pardo et al., 2023). Recently, low-coverage WGS (lcWGS) has emerged as a solution that sacrifices the depth of coverage while resolving population structure with larger sample sizes (Lou et al., 2021). This method has been applied in pelagic fish such as *Clupea harengus* (Kongsstovu et al., 2022) and *S. pilchardus* (Da Fonseca et al., 2024), where SNPs were able to confirm and correct stocks previously considered for sustainable fisheries management.

It is worth mentioning that SNP variants under selection or functionally important loci have started to take an interesting point of discussion due to their high resolving power. Local adaptation alludes to the idea that members of local populations often possess a greater mean fitness in their natural habitat than in others (Benestan, 2019). It comprises the process wherein advantageous phenotypic traits-associated genetic variants would spread due to directional selection triggered by local environmental conditions (Vatsiou et al., 2015). One of the general strategies for the identification of these loci includes genome-environment association analyses and outlier loci tests. Simulation-based modelling has further shown that inferences about local adaptation based solely on neutral genetic markers run the risk of misidentifying the underlying mechanisms driving population structure (Landguth & Balkenhol 2012). This is especially evident in marine species, presumably because of large effective population sizes and large dispersal differences, which reduce neutral population divergence and allow for selection to act effectively on adaptive loci. For example, in Atlantic herring, 13 polymorphic allozyme loci could not detect any genetic differentiation (Ryman et al., 1984); later, almost 170,000 presumably neutral SNPs failed to discriminate two main populations, but they were easily distinguished by almost 10 SNPs under selection in genomic regions related to the timing of reproduction (Han et al., 2020).

APPLICABILITY TO JACK MACKEREL OR OTHER SMALL PELAGIC (and their effectiveness)

Jack and horse mackerels from the *Trachurus* genus are medium-sized pelagic fishes belonging to the Carangidae family. Due to their high mobility in the pelagic realm, some members represent economically important transboundary species in regional fisheries. Their economic relevance has prompted considerable research efforts for some taxa, including studies on population genetic variability, but for most members of the genus, this information is still limited or absent. Research efforts on genetic structure and connectivity patterns have been concentrated in the East Atlantic and the Mediterranean Sea, with *T. trachurus* being the species with the most genetic information available.

For *Trachurus murphyi*, reports done by Chile indicate no genetic differentiation (Cárdenas et al., 2009; Galleguillos et al., 2012; Ferrada et al., 2023); however, they do mention that the lack of significant differentiation could reflect either extensive gene flow among sampled localities or insufficient resolution power of the genetic methods used. Cárdenas et al. (2009) studied adult fish from Chile (Iquique, San Antonio, and Talcahuano), New Zealand, and one oceanic site off the Chilean coast, based only on four microsatellite markers and the mtDNA control region. They reported no significant differences, except for one comparison between San Antonio and the oceanic sample in the control region, whose verification could not be done with microsatellite. Later, one sample site from Peru (Lobos de Afuera isle) and two from Chile (Talcahuano and Chiloé) were analyzed using eight microsatellite loci, yielding no significant differentiation (Galleguillos et al., 2012). Finally, the authors noted that while this result was consistent with previous studies, they cautioned against the small sample size (15 specimens per location). Recently, similar results were obtained by genotyping six microsatellites on 522 specimens collected from several localities in Peru, Chile, and the West Coast of the South Island of New Zealand from 2007 (Ferrada et al., 2023). This showed a considerable improvement in the sampling effort compared to previous studies. However, the availability of genetic markers for this species remained limited to only six loci. Some suggested that the highly migratory behaviour of adult fish and the potentially wide dispersion of eggs and larvae could explain the lack of genetic differentiation in pelagic marine species (Graves, 1998; Hauser & Ward, 1998), including some *Trachurus* species (Karaïskou et al., 2003, 2004; Kasapidis & Magoulas, 2008). However, this generalization was later revisited when more sensitive genetic methods became available, revealing, in some cases, subtle genetic structure when thousands of neutral SNPs were analyzed, as well as putative local adaptation based on non-neutral loci (Hauser & Carvalho, 2008; Fuentes-Pardo et al., 2023).

In the Eastern Atlantic and Mediterranean Sea, first studies on the genetic structure of *T. trachurus* showed no genetic differentiation by analyzing mtDNA sequences (Karaïskou et al., 2003; 2004), covering a large part of the species' range, from the Aegean Sea to the Balearic Sea in the Mediterranean, and from the coasts of Portugal to the North Sea. Subsequently, other genetic and non-genetic studies for stock identification of *T. trachurus* in ICES fishery areas and the Mediterranean Sea (Abaunza et al. 2008). Analyses using 25 allozyme loci (Cimmaruta et al., 2008), three mitochondrial markers (Comesaña et al., 2008), and four microsatellite loci (Kasapidis & Magoulas, 2008) did not find any evidence of genetic structure. The consensus explanation for the lack of genetic structuring was that the species' dispersal ability appears to dominate over the factors that could promote isolation between geographically distant individuals or those coming from different spawning aggregations (Cimmaruta et al., 2008; Comesaña et al., 2008; Kasapidis & Magoulas, 2008). Contrary to previously reported, Sala-Bozano et al. (2015) found genetic differentiation between individuals of *T. trachurus* from the coasts of Norway and Ireland, showing temporal variations over three years, suggesting the presence of different populations that inhabit or visit the North Sea at different times. Recently, the first largest and most comprehensive genomic study of the Atlantic horse mackerel has been

performed (Fuentes-Pardo et al., 2023) applying pool-seq on 11 pools of individuals from most of the geographical range in the northeast Atlantic and western part of the Mediterranean Sea, based on spatial and temporal proximity. Low genome-wide differences among locations were found with neutral markers, but the potentially adaptive loci and a putative chromosomal inversion explain high differentiation. The population structure analyses identified five genetic groups, which are in agreement with the stock delimitation proposed by Abaunza et al. (2008).

In the Western Pacific, early genetic studies in greenback horse mackerel *Trachurus declivis* reported significant differences in some allozyme loci between fish from the West and East coasts of Australia and between Australia and New Zealand (Richardson, 1982). Subsequently, Smolenski et al. (1994) reported a lack of differentiation between Southeastern Australia and Tasmania using RFLPs of mtDNA. However, differentiation between temporary samples within Tasmania suggests the possibility of genetically differentiated schools. For *T. picturatus*, a species whose geographic range partially overlaps with *T. trachurus*, genetic differences were initially detected between the southern Aegean Sea (Mediterranean) and Portugal (Northeast Atlantic) using mtDNA (Karaïskou et al. 2003). A subsequent evaluation with PCR-RFLP analysis of the mtDNA control region did not support previous results (Karaïskou et al. 2004). Later, Moreira et al. (2019) obtained similar results using mtDNA markers. Moreira et al. (2020) suggested a metapopulation model with significant seasonal gene flow. While for other *Trachurus* species distributed in the Eastern Atlantic and Mediterranean (*Trachurus trecae*, *T. mediterraneus*), genetic studies have reported contrasting results. The existing data is limited, often relying on a small number of loci or a single type molecular marker and lacking temporal replicates to assess the stability of the observed signal (Sardinha & Naevdal, 2002; Zarraonaindia et al., 2012; Karaïskou et al., 2003, 2004).

Among small pelagic fish, a long-distance migratory species is the Atlantic mackerel *Scomber scombrus*, with the Northeast and Northwest Atlantic populations genetically differentiated (Nesbø et al., 2000). Recently, Bourret et al. (2023) studied populations using ddRAD-seq, finding not only a significant genetic separation between the northern and southern contingents but also a genetic assignment for the two contingents with predictive accuracy > 85%. For the European sardine *S. pilchardus*, five microsatellite loci resolved some but limited population structure (Kasapidis et al., 2011), whereas a further study with SNPs obtained from WGS of 108 individuals from the Eastern Mediterranean to the archipelago of the Azores showed two possible barriers to gene flow and at least three genetic clusters (Da Fonseca et al., 2024). In the case of *C. harengus*, the SNP-based genomic analysis explained a high adaptation of populations to different environmental conditions and spawning behaviors, suggesting that population structure is more complex than usually taken into account in stock management (Kongsstovu et al., 2022; Andersson et al., 2024).

THE FEASIBILITY AND/OR LIMITATIONS OF THE APPROACH (specifically within the SPRFMO context).

Genetics is one of the main approaches considered for evaluating the connectivity of marine populations due to its cost-efficient methods, its extensive contribution to the understanding of population structure, and its feasibility to obtain information avoiding the manipulation of wild organisms. Genetic information is considered a natural label that avoids the difficulties associated with the capture and release of wild organisms, which are necessary in other approaches.

Connectivity studies using GBS and RAD-seq are very common at a wide variety of species, mainly due to their efficiency, low cost, and versatility; however, they have some limitations. For example, because genomic DNA fragmentation is uncontrolled, many of them come from intergenic regions, so questions about selection processes cannot be answered with certainty (Holliday et al., 2018). Also, the amount of “missing data” can be very high due to insufficient sequencing depth or polymorphic restriction sites (Holliday et al., 2018). Alternatively, the WGS and lcWGS are better options recently applied, even though one of the biggest limitations of the method is that it needs a good-quality reference genome for the SNP calling step, as well as a large number of individuals per population (Lou et al., 2021). However, the availability of the genome of the Atlantic mackerel *T. trachurus* (Genner & Collin, 2022) allows the application of this method to *Trachurus murphyi* due to its phylogenetic proximity.

Also, the analysis of neutral and adaptive loci should be considered for understanding the fluctuation of the population genetic variability and connectivity. Thus, for example, when interbreeding between two or more groups of individuals is interrupted or reduced, these groups will eventually develop distinct genetic pools, indicating restricted connectivity. Likewise, markers under selection, in addition to neutral markers, reflect environmental influence or are distinguished from other approaches in which differences may arise from phenotypic plasticity rather than reflecting restricted gene flow and the presence of distinct populations.

On the other hand, as observed in different pelagic fish species, aspects such as sample size, temporal replicability, coverage in different habitat types (considering spawning and nursery sites), and key life history stages (early life stages and reproductive period) deserve careful attention during the sampling design. Therefore, spatial and temporal criteria should be taken into account, especially in the case of species that are expected to exhibit low levels of genetic differentiation and that could present population expansions and contractions.

REFERENCES

- Abaunza, P., Murta, A., Campbell, N., Cimmaruta, R., Comesaña, A., Dahle, G., Santamaría, M. G., Gordo, L., Iversen, S., MacKenzie, K., Magoulas, A., Mattiucci, S., Molloy, J., Nascetti, G., Pinto, A., Quinta, R., Ramos, P., Sanjuan, A., Santos, A., . . . Zimmermann, C. (2008). Stock identity of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Northeast Atlantic and Mediterranean Sea: Integrating the results from different stock identification approaches. *Fisheries Research*, 89(2), 196–209. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2007.09.022>
- Andersson, L., Bekkevold, D., Berg, F., Farrell, E. D., Felkel, S., Ferreira, M. S., Fuentes-Pardo, A. P., Goodall, J., & Pettersson, M. (2024). How Fish Population Genomics Can Promote Sustainable Fisheries: A Road map. *Annual Review of Animal Biosciences*, 12(1), 1–20. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021122-102933>
- Antoniou, A., Manousaki, T., Ramírez, F., Cariani, A., Cannas, R., Kasapidis, P., Magoulas, A., Albo-Puigserver, M., Lloret-Lloret, E., Bellido, J. M., Pennino, M. G., Follesa, M. C., Esteban, A., Sarau, C., Sbrana, M., Spedicato, M. T., Coll, M., & Tsigenopoulos, C. S. (2023). Sardines at a junction: Seascape genomics reveals ecological and oceanographic drivers of variation in the NW Mediterranean Sea. *Molecular Ecology*, 32(7), 1608–1628. <https://doi.org/10.1111/mec.16840>
- Benestan, L. (2019). Population Genomics Applied to Fishery Management and Conservation. In M. F. Oleksiak & O. P. Rajora (Eds.), *Population Genomics: Marine Organisms* (pp. 399–421). Springer. https://doi.org/10.1007/13836_2019_66
- Bennett, P. (2000). Demystified . . . : microsatellites. *Molecular Pathology*, 53(4), 177–183. <https://doi.org/10.1136/mp.53.4.177>
- 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. <https://doi.org/10.1111/jfb.13145>
- Bernatchez, L., Wellenreuther, M., Araneda, C., Ashton, D. T., Barth, J. M., Beacham, T. D., Maes, G. E., Martinsohn, J. T., Miller, K. M., Naish, K. A., Ovenden, J. R., Primmer, C. R., Suk, H. Y., Therkildsen, N. O., & Withler, R. E. (2017). Harnessing the power of genomics to secure the future of seafood. *Trends in Ecology & Evolution*, 32(9), 665–680. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2017.06.010>
- Bourret, A., Smith, A., Van Beveren, E., Plourde, S., Curti, K. L., Jansen, T., Richardson, D. E., Castonguay, M., Rodriguez-Ezpeleta, N., & Parent, G. J. (2023). Quantifying genetic differentiation and population assignment between two contingents of Atlantic mackerel (*Scomber scombrus*) in the Northwest Atlantic. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 80(7), 1084–1097. <https://doi.org/10.1139/cjfas-2022-0232>
- Sala-Bozano, M., Mariani, N., Barratt, N., Sacchi, N., Boufana, N., & Coscia, N. (2015). Spatio-temporal variability in the population structure in North-east Atlantic stocks of horse mackerel (*Trachurus trachurus*). *Biology & Environment:*

- Proceedings Of The Royal Irish Academy*, 115B(3), 211-220.
<https://doi.org/10.3318/bioe.2015.20>
- Cadrin, S. X. (2020). Defining spatial structure for fishery stock assessment. *Fisheries Research*, 221, Article 105397.
<https://doi.org/10.1016/j.fishres.2019.105397>
- Cárdenas, L., Silva, A. X., Magoulas, A., Cabezas, J., Poulin, E., & Ojeda, F. P. (2009). Genetic population structure in the Chilean jack mackerel, *Trachurus murphyi* (Nichols) across the South-eastern Pacific Ocean. *Fisheries Research*, 100(2), 109-115. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2009.06.013>
- Castonguay, M., Simard, P., & Gagnon, P. (1991). Usefulness of Fourier Analysis of Otolith Shape for Atlantic Mackerel (*Scomber scombrus*) Stock Discrimination. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 48(2), 296–302.
<https://doi.org/10.1139/f91-041>
- Chambers, G. K., & MacAvoy, E. S. (2000). Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B Biochemistry and Molecular Biology*, 126(4), 455–476. [https://doi.org/10.1016/s0305-0491\(00\)00233-9](https://doi.org/10.1016/s0305-0491(00)00233-9)
- Cimmaruta, R., Bondanelli, P., Ruggi, A., & Nascetti, G. (2008). Genetic structure and temporal stability in the horse mackerel (*Trachurus trachurus*). *Fisheries Research*, 89(2), 114-121. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2007.09.030>
- Glucas, G. V., Kerr, L. A., Cadrin, S. X., Zemeckis, D. R., Sherwood, G. D., Goethel, D., Whitener, Z., & Kovach, A. I. (2019a). Adaptive genetic variation underlies biocomplexity of Atlantic Cod in the Gulf of Maine and on Georges Bank. *PloS One*, 14(5), Article e0216992. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216992>
- Clucas, G. V., Lou, R. N., Therkildsen, N. O., & Kovach, A. I. (2019b). Novel signals of adaptive genetic variation in northwestern Atlantic cod revealed by whole- genome sequencing. *Evolutionary Applications*, 12(10), 1971–1987.
<https://doi.org/10.1111/eva.12861>
- Comesaña, A. S., Martínez-Areal, M. T., & Sanjuan, A. (2008). Genetic variation in the mitochondrial DNA control region among horse mackerel (*Trachurus trachurus*) from the Atlantic and Mediterranean areas. *Fisheries Research*, 89(2), 122-131.
<https://doi.org/10.1016/j.fishres.2007.09.014>
- Cowen, R., Gawarkiewicz, G., Pineda, J., Thorrold, S., & Werner, F. (2007). Population Connectivity in Marine Systems: An Overview. *Oceanography*, 20(3), 14–21. <https://doi.org/10.5670/oceanog.2007.26>
- Cunha, R. L., Robalo, J. I., Francisco, S. M., Farias, I., Castilho, R., & Figueiredo, I. (2024). Genomics goes deeper in fisheries science: The case of the blackspot seabream (*Pagellus bogaraveo*) in the northeast Atlantic. *Fisheries Research*, 270, Article 106891. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2023.106891>
- Da Fonseca, R. R., Campos, P. F., Rey-Iglesia, A., Barroso, G. V., Bergeron, L. A., Nande, M., Tuya, F., Abidli, S., Pérez, M., Riveiro, I., Carrera, P., Jurado-Ruzafa, A., Santamaría, M. T. G., Faria, R., Machado, A. M., Fonseca, M. M., Froufe, E., & Castro, L. F. C. (2024). Population Genomics Reveals the Underlying Structure of

the Small Pelagic European Sardine and Suggests Low Connectivity within Macaronesia. *Genes*, 15(2), Article 170. <https://doi.org/10.3390/genes15020170>

Ellegren, H. (2004). Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5(6), 435–445. <https://doi.org/10.1038/nrg1348>

Ferrada, S., Galleguillos, R., Herrera-Yáñez, V., & Canales-Aguirre, C. B. (2023). Population Genetics of Chilean Jack Mackerel, *Trachurus murphyi* Nichols, 1920, (Pisces, Carangidae), in Waters of the South Pacific Ocean. *Fishes*, 8(3), Article 162. <https://doi.org/10.3390/fishes8030162>

Fuentes- Pardo, A. P., Farrell, E. D., Pettersson, M. E., Sprehn, C. G., & Andersson, L. (2023). The genomic basis and environmental correlates of local adaptation in the Atlantic horse mackerel (*Trachurus trachurus*). *Evolutionary Applications*, 16(6), 1201–1219. <https://doi.org/10.1111/eva.13559>

Galleguillos, R., Canales-Aguirre, C. B., & Ferrada, S. (2012). Genetic variability in jack mackerel *Trachurus murphyi* Nichols: New SSRs loci and application. *Gayana (Concepción)*, 76(1), 67-71. <https://doi.org/10.4067/S0717-65382012000200009>

Genner, M., & Collins, R. (2022). The genome sequence of the Atlantic horse mackerel, *Trachurus trachurus* (Linnaeus 1758). Wellcome Open Research, 7, 118. <https://doi.org/10.12688/wellcomeopenres.17813.1>

Gíslason, D., Helyar, S. J., Óskarsson, G. J., Ólafsdóttir, G., Slotte, A., Jansen, T., Jacobsen, J. A., Ólafsson, K., Skirnisdóttir, S., Dahle, G., Siegstad, H., Joensen, H., Curti, K. L., Grégoire, F., Masse, J., Sveinsson, S., Daníelsdóttir, A. K., & Pampoulie, C. (2020). The genetic composition of feeding aggregations of the Atlantic mackerel (*Scomber scombrus*) in the central north Atlantic: a microsatellite loci approach. *ICES Journal of Marine Science*, 77(2), 604–612. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fsaa003>

Grant, W. S. (2015). Problems and cautions with sequence mismatch analysis and Bayesian skyline plots to infer historical demography. *Journal of Heredity*, 106(4), 333–346. <https://doi.org/10.1093/jhered/esv020>

Graves, J. (1998). Molecular insights into the population structures of cosmopolitan marine fishes. *Journal Of Heredity*, 89(5), 427-437. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.427>

Han, F., Jamsandekar, M., Pettersson, M. E., Su, L., Fuentes-Pardo, A. P., Davis, B. W., Bekkevold, D., Berg, F., Casini, M., Dahle, G., Farrell, E. D., Folkvord, A., & Andersson, L. (2020). Ecological adaptation in Atlantic herring is associated with large shifts in allele frequencies at hundreds of loci. *eLife*, 9. <https://doi.org/10.7554/elife.61076>

Hauser, L., & Ward, R. D. (1998). Population identification in pelagic fish: the limits of molecular markers. In G. R. Carvalho (Ed.), *Advance in Molecular Ecology* (pp. 191-224). IOS Press.

Hauser, L., & Carvalho, G. R. (2008). Paradigm shifts in marine fisheries genetics: ugly hypotheses slain by beautiful facts. *Fish and Fisheries*, 9(4), 333–362. <https://doi.org/10.1111/j.1467-2979.2008.00299.x>

Healey, A. J. E., Farthing, M. W., Nunoo, F. K. E., Potts, W. M., Sauer, W. H. H., Skujina, I., King, N., De Becquevort, S., Shaw, P. W., & McKeown, N. J. (2020). Genetic analysis provides insights into species distribution and population structure in East Atlantic horse mackerel (*Trachurus trachurus* and *T. capensis*). *Journal of Fish Biology*, 96(3), 795–805. <https://doi.org/10.1111/jfb.1427>

Hellberg, M. E., Burton, R. S., Neigel, J. E., & Palumbi, S. R. (2002). Genetic assessment of connectivity among marine populations. *Bulletin of marine science*, 70(1), 273-290.

Hohenlohe, P. A., Funk, W. C., & Rajora, O. P. (2021). Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology*, 30(1), 62-82. <https://doi.org/10.1111/mec.15720>

Holliday, J. A., Hallerman, E. M., & Haak, D. C. (2018). Genotyping and sequencing technologies. In Rajora, O. P. (Ed), Population genomics (pp. 83–125). Springer. https://doi.org/10.1007/13836_2017_5

Karaiskou, N., Apostolidis, A. P., Triantafyllidis, A., Kouvatsi, A., & Triantaphyllidis, C. (2003). Genetic Identification and Phylogeny of Three Species of the Genus *Trachurus* Based on Mitochondrial DNA Analysis. *Marine Biotechnology*, 5, 493-504. <https://doi.org/10.1007/s10126-002-0099-5>

Karaiskou, N., Triantafyllidis, A., & Triantaphyllidis, C. (2004). Shallow genetic structure of three species of the genus *Trachurus* in European waters. *Marine Ecology Progress Series*, 281, 193-205. <https://doi.org/10.3354/meps281193>

Karl, S. A., Toonen, R. J., Grant, W. S., & Bowen, B. W. (2012). Common misconceptions in molecular ecology: echoes of the modern synthesis. *Molecular Ecology*, 21(17), 4171–4189. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2012.05576.x>

Kasapidis, P., & Magoulas, A. (2008). Development and application of microsatellite markers to address the population structure of the horse mackerel *Trachurus trachurus*. *Fisheries Research*, 89(2), 132-135. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2007.09.015>

Kasapidis, P., Silva, A., Zampicini, G., & Magoulas, A. (2011). Evidence for microsatellite hitchhiking selection in European sardine (*Sardina pilchardus*) and implications in inferring stock structure. *Scientia Marina*, 76(1), 123–132. <https://doi.org/10.3989/scimar.03366.29b>

Kongsstovu, S. Í., Mikalsen, S., Homrum, E. Í., Jacobsen, J. A., Als, T. D., Gislason, H., Flicek, P., Nielsen, E. E., & Dahl, H. A. (2022). Atlantic herring (*Clupea harengus*) population structure in the Northeast Atlantic Ocean. *Fisheries Research*, 249, 106231. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2022.106231>

Ladoukakis, E. D., & Zouros, E. (2017). Evolution and inheritance of animal mitochondrial DNA: rules and exceptions. *Journal of Biological Research - Thessaloniki*, 24, Article 2 <https://doi.org/10.1186/s40709-017-0060-4>

Lambrey de Souza, J., J.-M. Sévigny, J.-P. Chanut, W. F. Barry, and F. Grégoire. 2006. High genetic variability in the mtDNA control region of a Northwestern Atlantic teleost, *Scomber scombrus* L. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 2625: vi + 25 pp.

- Lamichhaney, S., Barrio, A. M., Rafati, N., Sundström, G., Rubin, C., Gilbert, E. R., Berglund, J., Wetterbom, A., Laikre, L., Webster, M. T., Grabherr, M., Ryman, N., & Andersson, L. (2012). Population-scale sequencing reveals genetic differentiation due to local adaptation in Atlantic herring. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(47), 19345–19350. <https://doi.org/10.1073/pnas.1216128109>
- Landguth, E. L., & Balkenhol, N. (2012). Relative sensitivity of neutral versus adaptive genetic data for assessing population differentiation. *Conservation Genetics*, 13(5), 1421–1426. <https://doi.org/10.1007/s10592-012-0354-x>
- Liu, Z. (2007). Microsatellite markers and assessment of marker utility. In Z. Liu (Ed.), *Aquaculture Genome Technologies* (pp. 43-58). Blackwell Publishing Ltd. <https://doi.org/10.1002/9780470277560.ch5>
- Lou, R. N., Jacobs, A., Wilder, A. P., & Therkildsen, N. O. (2021). A beginner's guide to low- coverage whole genome sequencing for population genomics. *Molecular Ecology*, 30(23), 5966–5993. <https://doi.org/10.1111/mec.16077>
- Luikart, G., England, P. R., Tallmon, D., Jordan, S., & Taberlet, P. (2003). The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing. *Nature Reviews. Genetics*, 4(12), 981–994. <https://doi.org/10.1038/nrg1226>
- MacKay, K. T., & Garside, E. T. (1969). Meristic Analyses of Atlantic Mackerel, *Scomber scombrus*, from the North American Coastal Populations. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 26(9), 2537–2540. <https://doi.org/10.1139/f69-248>
- Manuzzi, A., Aguirre-Sarabia, I., Díaz-Arce, N., Bekkevold, D., Jansen, T., Gomez-Garrido, J., Alioto, T. S., Gut, M., Castonguay, M., Sanchez-Marño, S., Álvarez, P., & Rodriguez-Ezpeleta, N. (2024). Atlantic mackerel population structure does not support genetically distinct spawning components. *Open Research Europe*, 4, 82. <https://doi.org/10.12688/openreseurope.17365.1>
- Marchi, N., Schlichta, F., & Excoffier, L. (2021). Demographic inference. *Current Biology*, 31(6), R276–R279. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.01.053>
- Mendoza- Portillo, V., Galván- Tirado, C., Portnoy, D. S., Valenzuela- Quiñonez, F., Domínguez- Domínguez, O., Durand, J., Pérez- Urbiola, J. C., & León, F. J. G. (2020). Genetic diversity and structure of circumtropical almaco jack, *Seriola rivoliana*: tool for conservation and management. *Journal of Fish Biology*, 97(3), 882–894. <https://doi.org/10.1111/jfb.14450>
- Metzgar, D., Bytof, J., & Wills, C. (2000). Selection against frameshift mutations limits microsatellite expansion in coding DNA. *Genome Research*, 10(1), 72-80. <https://genome.cshlp.org/content/10/1/72.long>
- Moreira, C., Correia, A. T., Vaz- Pires, P., & Froufe, E. (2019). Genetic diversity and population structure of the blue jack mackerel *Trachurus picturatus* across its western distribution. *Journal Of Fish Biology*, 94(5), 725-731. <https://doi.org/10.1111/jfb.13944>
- Moreira, C., Presa, P., Correia, A. T., Vaz-Pires, P., & Froufe, E. (2020). Spatio-temporal microsatellite data suggest a multidirectional connectivity pattern in the

Trachurus picturatus metapopulation from the Northeast Atlantic. Fisheries Research, 225, Article 105499. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105499>

Nesbø, C. L., Rueness, E. K., Iversen, S. A., Skagen, D. W., & Jakobsen, K. S. (2000). Phylogeography and population history of Atlantic mackerel (*Scomber scombrus* L.): a genealogical approach reveals genetic structuring among the eastern Atlantic stocks. Proceedings - Royal Society. Biological Sciences/Proceedings - Royal Society. Biological Sciences, 267(1440), 281–292. <https://doi.org/10.1098/rspb.2000.0998>

Oleksiak, M. F., & Rajora, O. P. (2019). Marine population genomics: Challenges and opportunities. In M. F. Oleksiak & O. P. Rajora (Eds.), Population Genomics: Marine Organisms (pp. 3-35). Springer. https://doi.org/10.1007/13836_2019_70

Reid, K., Palkovacs, E. P., Hasselman, D. J., Baetscher, D., Kibele, J., Gahagan, B., Bentzen, P., McBride, M. C., & Garza, J. C. (2018). Comprehensive evaluation of genetic population structure for anadromous river herring with single nucleotide polymorphism data. Fisheries Research, 206, 247–258. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2018.04.014>

Richardson, B. (1982). Geographical distribution of electrophoretically detected protein variation in Australian commercial fishes. I. Jack mackerel, *Trachurus declivis* Jenyns. Marine And Freshwater Research, 33(5), 917–926. <https://doi.org/10.1071/mf9820917>

Rodríguez- Ezpeleta, N., Bradbury, I. R., Mendibil, I., Álvarez, P., Cotano, U., & Irigoien, X. (2016). Population structure of Atlantic mackerel inferred from RAD-seq- derived SNP markers: effects of sequence clustering parameters and hierarchical SNP selection. Molecular Ecology Resources, 16(4), 991–1001. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12518>

Ryman, N., Lagercrantz, U., Andersson, L., Chakraborty, R., & Rosenberg, R. (1984). Lack of correspondence between genetic and morphologic variability patterns in Atlantic herring (*Clupea harengus*). Heredity, 53(3), 687–704. <https://doi.org/10.1038/hdy.1984.127>

Sardinha, M. I., & Nævdal, G. (2002). Population genetic studies of horse mackerel *Trachurus trecae* and *Trachurus trachurus capensis* off Angola. South African Journal Of Marine Science, 24(1), 49-56. <https://doi.org/10.2989/025776102784528303>

Schlötterer, C. (2004). The evolution of molecular markers—Just a matter of fashion? Nature Reviews Genetics, 5(1), 63-69. <https://doi.org/10.1038/nrg1249>

Schlötterer, C., Tobler, R., Kofler, R., & Nolte, V. (2014). Sequencing pools of individuals — mining genome-wide polymorphism data without big funding. Nature Reviews Genetics, 15(11), 749–763. <https://doi.org/10.1038/nrg3803>

Smolenski, A., Ovenden, J., & White, R. (1994). Preliminary investigation of mitochondrial DNA variation in jack mackerel (*Trachurus declivis*, Carangidae) from south-eastern Australian waters. Marine And Freshwater Research, 45(4), 495–505. <https://doi.org/10.1071/mf9940495>

- Szarmach, S. J., Brelsford, A., Witt, C. C., & Toews, D. P. (2021). Comparing divergence landscapes from reduced-representation and whole genome resequencing in the yellow-rumped warbler (*Setophaga coronata*) species complex. *Molecular Ecology*, 30(23), 5994–6005. <https://doi.org/10.1111/mec.15940>
- Tautz, D., & Renz, M. (1984). Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Research*, 12(10), 4127–4138. <https://doi.org/10.1093/nar/12.10.4127>
- Vatsiou, A. I., Bazin, E., & Gaggiotti, O. E. (2015). Detection of selective sweeps in structured populations: a comparison of recent methods. *Molecular Ecology*, 25(1), 89–103. <https://doi.org/10.1111/mec.13360>
- Walters, A. D., & Schwartz, M. K. (2020). Population genomics for the management of wild vertebrate populations. In P. A. Hohenlohe & O. P. Rajora (Eds.) *Population genomics: Wildlife* (pp. 419–436). https://doi.org/10.1007/13836_2020_72
- Weist, P., Kusche, H., Tørresen, O., Hermida, M., Lopes, E., Jentoft, S., & Hanel, R. (2024). Genomic differentiation and interoceanic population structure of two large pelagic scombrid species. *Global Ecology and Conservation*, 54, Article e03117. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2024.e03117>
- Wetterstrand, KA. (2024, July 2). DNA Sequencing Costs: Data from the NHGRI Genome Sequencing Program (GSP). <https://www.genome.gov/sequencingcostsdata>
- Zarraonaindia, I., Iriondo, M., Albaina, A., Pardo, M. A., Manzano, C., Grant, W. S., Irigoien, X., & Estonba, A. (2012). Multiple SNP Markers Reveal Fine-Scale Population and Deep Phylogeographic Structure in European Anchovy (*Engraulis encrasicolus* L.). *PLoS ONE*, 7(7), Article e42201. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0042201>
- Zhang, B., Li, Y., Xue, D., & Liu, J. (2020). Population Genomics Reveals Shallow Genetic Structure in a Connected and Ecologically Important Fish From the Northwestern Pacific Ocean. *Frontiers in Marine Science*, 7, Article 374. <https://doi.org/10.3389/fmars.2020.00374>

8.3 Taller de Difusión de Resultados



ACTA TALLER DE DIFUSIÓN DE RESULTADOS

PROYECTO FIPA 2023-18 –GÉNOMICA POBLACIONAL PARA EL MANEJO PESQUERO DEL JUREL DEL PACÍFICO SUR ORIENTAL (PSO)”

EJECUTOR: Universidad de Concepción

JEFE DE PROYECTO: Sandra Ferrada Fuentes

FECHA: 09/07/2025

LUGAR: Reunión Online plataforma

Teams

PARTICIPANTES/INSTITUCIONES

- Malu Zavando, Fondo de Investigación Pesquera y Acuicultura
- Sandra Ferrada Fuentes, Universidad de Concepción
- Victoria Herrera Yáñez, Universidad de Concepción
- Ricardo Galleguillos, Universidad de Concepción
- Cristian Canales-Aguirre, Universidad de Los Lagos
- Luis Cubillos, Universidad de Concepción
- Oscar Inostroza Michael, Universidad de Concepción
- Aquiles Sepúlveda, Instituto de Investigación Pesquera, INPESCA
- Sebastián Vásquez, Instituto de Investigación Pesquera, INPESCA
- Silvia Hernández, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
- Lilian Troncoso, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
- Víctor Espejo Briones, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
- Nicole Mermoud Aldea, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura

- Ignacio Paya, Departamento de Evaluación de Recursos del Instituto de Fomento Pesquero
- Rocio Barrios Figueroa, Universidad de Concepción
- Daniela Bolbaran, Directora Ejecutiva Fondo de Investigación Pesquera y de Acuicultura
- Luciano Espinoza, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura
- Gisela Aquea Saavedra, Universidad Católica del Norte
- Alejandra Hernández, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura

TEMAS TRATADOS:

- La reunión se inicia con las palabras de bienvenida de Sandra Ferrada Fuentes, profesional de la Universidad de Concepción, y jefa de proyecto, agradeciendo la participación de los asistentes y su interés en conocer los resultados del proyecto.

Expone acerca de los profesionales involucrados en el proyecto, rol y función de cada uno de ellos, y el orden en que se presentarán los resultados.

- Comienza con las exposiciones Aquiles Sepúlveda, profesional de INPESCA, expone los resultados relacionados al objetivo de diseño de muestreo y morfometría.

-Cristian Canales Aguirre, profesional de la Universidad de Los Lagos, a cargo del objetivo de aspectos genéticos, expone sobre los resultados obtenidos en la generación y validación del panel de SNPs GTseq. Continúa su exposición con los resultados obtenidos en el objetivo 4, en donde se aplicó este panel en un número mayor de muestras abarcando diferentes áreas geográficas, y fueron estimados los valores de diversidad genética y estructuración poblacional.

- Lilian Troncoso consulta sobre el enfoque flexible del panel que menciona Cristian en su presentación.

-Cristian Canales responde a la consulta con algunos ejemplos para clarificar la duda, resaltando que la flexibilidad es una ventaja en términos de que el panel puede ser modificado en función del objetivo y las preguntas que quieran responderse.

- Gisela Aquea realiza una pregunta metodológica sobre cómo se hacen los pool de ADN, ¿cuántas muestras se utilizan?, ¿se separan por localidad?

-Cristian Canales indica que cada ADN tiene unos adaptadores que tienen un código de barra y este se encuentra asociado a un individuo en particular, y nosotros sabemos a que localidad pertenece ese individuo. Por lo tanto, se mezclan todos ADN que tienen estos adaptadores en un solo pool, que generalmente son de 96 individuos, y se secuencian todo junto

- Sandra Ferrada complementa que, si hubiese una siguiente etapa, ahora que el panel ya está validado ya se puede trabajar a nivel poblacional, es decir, mezclar el ADN antes del análisis completo y eso nos permite disminuir los costos y analizar las muestras.

Pero en esta etapa el análisis fue muestra por muestra, fue individualizado justamente para poder tener una clara validación.

- Jorge Oliva pide que se explique mejor la nomenclatura asociada a las localidades y porque fueron separadas de esa manera, y que es lo que entrega como resultado final el análisis de componentes principales.

-Cristian Canales, contextualiza el tema de las áreas explicando que dentro de ambos proyectos se tenían varias localidades que fueron agrupadas en áreas para equiparar los tamaños muestrales para poder realizar los análisis, y como una forma también de tener áreas que fueran equivalentes en ambos proyectos. En relación con el análisis de componentes principales este muestra las siglas de las áreas en donde las muestras de Perú son categorizadas como -PER" y las de Chile -CHI". Además, están clasificadas por un código de colores en gradiente, Perú son rojizas, Chile van desde grises a azules y Nueva Zelanda son verdes, este código de colores es el mismo para ambos proyectos. Cada punto corresponde a un individuo. La posición que está dentro de este diagrama XY corresponde a su variación y diversidad genética de las 300 lecturas equivalentes a las 600 variantes que están dentro de este panel. En el eje X tenemos el componente principal uno y en el eje Y el segundo componente principal.

-Sebastián Vásquez, profesional de INPESCA, presenta los resultados obtenidos para el objetivo 5 que tienen relación con los patrones oceanográficos y la divergencia genética del jurel.

-Oscar Inostroza, presenta los resultados obtenidos utilizando técnicas estadísticas en el marco de la inferencia causal

-Víctor Espejo, consulta ¿cómo se condice este análisis con los hallazgos encontrados por las otras técnicas?

-Oscar Inostroza, responde que esto nos dice que no hay dentro de los patrones observados de diversidad genética no estarían variables predominantemente explicando esta variabilidad, tendería todo a confundirse en un modelo, ya que no hay una capacidad de los datos para decir efectivamente, -esta variable esta permitiendo que se separen totalmente estos 2 grupos”.

-Sebastián Vásquez, agrega que quizás de desde un punto de vista de las variables que seleccionó Oscar aumenta la diversidad de variables, pero también se restringe la variabilidad temporal, porque es una condición promedio, una foto respecto a toda la dinámica que hay en el Pacífico Sur entonces es probable que la complejidad que tiene la técnica pueda ser mejor alimentada si le incluimos más variabilidad dentro de los datos de entrada y que pueden quizá entregarnos más escenarios y que nos pueda permitir hacer mayor inferencia.

- Ignacio Paya, consulta si cuando se habla de diversidad genética se habla solo a nivel neutral o los adaptativos.

- Cristian Canales responde que se refiere a la diversidad en su conjunto, ya que si las separamos reduciremos más la información genética.

-Ignacio Paya, comenta que tal vez se podría utilizar solo los loci adaptativos, ya que con ellos se esperaría obtener una mayor variabilidad esperable al ambiente.

-Sandra Ferrada, responde que sí es algo que se puede explorar más adelante, y continúa con la exposición del último objetivo en donde se habla de los resultados

relacionados con la obtención de más marcadores moleculares tipo SNPs con la metodología WGS.

-Sandra Ferrada da por terminadas las presentaciones y da paso a las consultas que tengan los asistentes.

- Víctor Espejo pregunta Sebastián que pareciera que este acercamiento del jurel hacia la costa especialmente hacia el norte quizás está más asociado al movimiento del anticiclón en el Pacífico Sur

-Sebastián Vásquez indica que el modelo general promedio para la climatología fue probado en escenarios tipo El Niño o la Niña que son justamente cuando se altera el patrón medio tanto del Anticiclón como de las condiciones generales del océano Pacífico, y lo que vemos es que en condiciones El Niño, sobre todo el extremo norte, el hábitat tiende a disgregarse y parcialmente a desaparecer en el sector, a restringirse mucho hacia el sector costero de la zona de Perú y lo que sabemos es que en esta zona el jurel se tiende a distribuir en el margen más exterior de la plataforma.

En un escenario contrario durante La Niña, lo que ocurre es que el hábitat queda mucho más amplio.

-Silvia Hernández agradeció las presentaciones y el trabajo realizado. Y destaca el esfuerzo de haber conseguido las muestras de Perú. Consulta ¿Cómo trabajar con este monitoreo que ha sido señalado hacia un futuro? ¿Cuál es la escala temporal que debería tener este tipo de monitoreo? ¿El equipo espera encontrar cambios importantes en un corto plazo?

- Cristian Canales indica que lo ideal sería tratar de tener un monitoreo anual. Tener una línea base para saber cómo va cambiando la diversidad genética a través del tiempo, poder ver cómo está la población, como se mezclan, como cambian las frecuencias.

- Sandra Ferrada, agrega que se debe considerar que lo que se analiza son recursos de una pesquería, es decir, la fracción que está disponible al arte de pesca, pero no sabemos qué pasa con el resto de los individuos. Los otros grupos etarios no están considerados, aunque esto no quiere decir que vayamos a encontrar grandes diferencias, no sabemos qué pasa con los grupos más juveniles o los más adultos. Entonces una de las cosas que

se debería monitorizar es todo no solo una fracción. La sugerencia es que ese monitoreo sea a la par de la actividad pesquera, o sea anual. Y que se incorporen de alguna forma, por ejemplo, a través de los muestreos que hace el IFOP individuos de otras tallas.

-Ricardo Galleguillos agrega que es una población tan grande como la del jurel tendría que ocurrir un evento muy catastrófico para que pueda ser detectado algún cambio genético muy importante. En jurel es muy difícil que pueda ocurrir.

- Sandra Ferrada, agrega que por ejemplo que con las variables ambientales con las cuales se encontró algún tipo de correlación se podría responder a preguntas interesantes, pero no es que la genética va a ir antes que el mecanismo, tenemos que estar preparados. Lo que sí estamos seguros es que hoy contamos con marcadores moleculares que nos permiten detectar diferencias.

-Silvia Hernández consulta si ¿hay evidencia en la literatura que recoja este tipo de cambios?

-Sandra Ferrada responde que, sí existen, en el caso de *Sprattus sprattus* recolectan muestras todos los años y hacen análisis cada 2 años. Ahí han visto cambios entre las generaciones entre los distintos grupos de la fracción que es accesible a la pesca. Y esto conlleva a que cambien algunas características o fenotipos de interés de la pesca.

- Cristian Canales complementa que por eso también se toma la metadata, se pueden hacer relaciones con el tamaño o el sexo y se puede ir monitoreando como va cambiando esa variante de interés en el tiempo.

-Ignacio Paya pregunta según el estado actual del arte, ¿cuántas unidades poblacionales habría?

-Cristian Canales responde que, desde un punto de vista adaptativo, serían 2, Nueva Zelanda y el resto del Pacífico Sur. Desde un punto de vista neutral están estos grupos que son más oceánicos, en su conjunto uno podría estar hablando de 3 grupos.

Con respecto a los años, cuando se presentó en Panamá el proyecto anterior el análisis por año no mostró diferencias, por lo que diría que las muestras temporales no están jugando un rol importante en la diferencia.

-Sandra Ferrada aclara que no es que los neutrales muestran un patrón evolutivo y los adaptativos no, toda la información genética independiente de su naturaleza recupera de distintas formas los eventos que ocurrieron para generar los patrones genéticos que observamos hoy. Lo que pasa es que existen fuerzas evolutivas que modifican la diversidad genética en la especie. La diversidad genética neutral o los neutrales responden más bien a procesos como migración.

Por ejemplo, en cambio, los adaptativos responden a procesos más bien que tienen que ver con el ambiente. La información neutral responde más bien en procesos migratorios. No se contraponen, sino que es distinta la información genética que muestra el efecto de distintas fuerzas evolutivas. Ambos patrones son correctos y se complementan.

-Ignacio Paya agrega que cuesta entender ¿Qué barrera?, o sea, ¿de qué tipo? Por la misma dinámica tan fuerte oceanográfica pueda generar esa separación de esos grupos costero- oceánicos.

-Cristian Canales agrega que el poder seguir año a año, o cada 2 años nos permitiría resolver claramente esto, ya que esto fue una fotografía del momento.

-Sandra Ferrada indica que por esto es importante un monitoreo ya que hay que corroborar esto para saber si es un proceso puntual y esto se diluye con el paso del tiempo o no.

-Luis Cubillos, consulta que sitios debería incluir el monitoreo, si los extremos de la distribución o simplemente se puede hacer con unas zonas testigo.

- Cristian Canales responde que al menos en Chile se pueden obtener muestras de lo que es más oceánico y lo que es costero, para poder monitorear estos grupos que se observan como costero y oceánico.

-Sandra Ferrada complementa que definitivamente no es necesario muestrear toda la distribución, sino que una estrategia que se utiliza es muestrear los extremos de la distribución y aquellas áreas en donde aparezcan resultados interesantes de seguir. Esa es una decisión que hay que tomar en conjunto con la administración. Dentro de lo posible debemos seguir metiendo muestras de Nueva Zelanda.

-Jorge Oliva pregunta en relación al manejo pesquero, ¿de qué manera este estudio nos ayuda en la posición de que hay un solo stock?

-Sandra Ferrada responde que entre Chile y Perú tenemos una gran unidad panmíctica que le podemos llamar hoy en día Stock, porque además los caracteres fenotípicos también así lo dicen, pero que estas 2 pequeñas áreas de Chile muestran algún tipo de divergencia que es mucho menor que la que muestra Nueva Zelanda versus el resto, es algo que hay que primero verificar, ya que podría ser circunstancial.

Genéticamente hablando son una gran estructura con distinta proporción de migración, pero que aún así se mantiene este pool génico y que coincide con el Stock de manejo.

9. Referencias

- Abramov, A.A. & A.N. Kotlyar. 1980. Some biological features of the Peruvian jack mackerel, *Trachurus symmetricus murphyi*. J. Ichthyol., 80: 25-31.
- Ackiss AS, Larson WA, Stott W (2020) Genotyping-by-sequencing illuminates high levels of divergence among sympatric forms of coregonines in the Laurentian Great Lakes. *Evol Appl* 13:1037–1054
- Aguayo M. & V. Ojeda. 1981. Elaboración de claves edad-talla de merluza común (*Merluccius gayi*), para los años 1968-1971 (Coquimbo- Talcahuano) y determinación de la composición de edades de esta especie en las capturas obtenidas en los cruceros de prospección del B/I "Itzumi", durante 1980. En: Subsecretaría de Pesca- Santiago, Chile. IFOP. 249 pp.
- Aguayo, M. 1983. Elaboración de claves edad talla de sardina española, jurel y caballa para el año 1982. Informe Técnico CORFO-IFOP (AP 83-33) (150 p).
- Alvarado-Serrano, D. F. & Hickerson, M. J. Spatially explicit summary statistics for historical population genetic inference. *Methods Ecol. Evol.* 7(4), 418–427 (2016).
- Allendorf FW, Hohenlohe PA, Luikart G (2010) Genomics and the future of conservation genetics. *Nat Rev Genet* 11:697–709
- Andrews KR, Good JM, Miller MR, et al (2016) Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nat Rev Genet* 17:81–92
- Andrews S, Others (2010) FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data.
- Andrews, K. R., Good, J. M., Miller, M. R., Luikart, G., & Hohenlohe, P. A. (2016). Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nat. Rev. Genet.*, 17(2), 81–92. <https://doi.org/10.1038/nrg.2015.28>
- Andrianov, D.P. 1985. Study on the reproduction of Peruvian scad, *Trachurus murphyi* (Carangidae), of the Peruvian shelf. J. Ichthyol., 25: 32-40.
- Anon (1985). Report of survey for the development of new distant water trawling grounds in 1984. Kaihatsu News No 45.
- Antezana, T. 2002. Adaptive behaviour of *Euphausia mucronata* in relation to the oxygen minimum

- layer of the Humboldt Current. *Oceanography of the Eastern Pacific II*, 29-40.
- Antezana, T. 2010. *Euphausia mucronata*: a keystone herbivore and prey of the Humboldt Current System Deep-Sea Res II 57:652–662.
- Arancibia H, Cubillos L, Alay F, González F, Gavilán J, Hernández A, Alarcón R, Núñez S, Miranda L, George-Nascimento M (1996) Unidades de stock en el recurso jurel de la I a XI Regiones. Informe Final Proyecto FIP 1994-19: 165 pp.
- Araneda C, Larraín MA, Hecht B, Narum S (2016) Adaptive genetic variation distinguishes Chilean blue mussels (*Mytilus chilensis*) from different marine environments. *Ecol Evol* 6:3632–3644
- Arcos, D., Cubillos, L. & S. Núñez. 2001. The jack mackerel fishery and El Niño 1997-98 effects off Chile. *Progress in Oceanography*, 49: 597-617.
- Armstrong, E. E., Li, C., Campana, M. G., Ferrari, T., Kelley, J. L., Petrov, D. A., Solari, K. A., & Mooney, J. A. (2025). A Pipeline and Recommendations for Population and Individual Diagnostic SNP Selection in Non-Model Species. *Molecular Ecology Resources*, 25(3), e14048. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.14048>
- Bailey, K., 1989. Description and surface distribution of juvenile Peruvian jack mackerel, *Trachurus murphyi*, Nichols from the Subtropical Convergence Zone of Central South Pacific. *Fishery Bulletin, U.S.* 87,273- 278.
- Baird NA, Etter PD, Atwood TS, et al (2008) Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *PLoS One* 3:e3376
- Barange, M., Coetzee, J., Takasuka, A., Hill, K., Gutierrez, M., Oozeki, Y., van der Lingen, C., Agostini, V. 2009. Eastern Boundary Upwelling Ecosystems: Integrative and Comparative Approaches. *Eastern Boundary Upwelling Ecosystems Volume 83, Issues 1–4, December 2009* pp 251–260
- Barbieri, M.A., Córdova, J., Lillo, S., Peña, H., Grechina, A., Núñez, S., Sepúlveda, A., Miranda, L y Rebolledo, H. 1999. Análisis de la estructura del stock de jurel fuera de las aguas jurisdiccionales. Informes Técnicos FIP-IT/97-05B, 121 pp.
- Barrett M. (2023) ggdag: Analyze and Create Elegant Directed Acyclic Graphs. R package version 0.2.10. <https://CRAN.R-project.org/package=ggdag>.
- Belkin & Shen. 2023. Remote Sensing of the Subtropical Front in the Southeast Pacific and the

- Ecology of Chilean Jack Mackerel *Trachurus murphyi*. *Fishes* 2023, 8(1), 29;
<https://doi.org/10.3390/fishes8010029>
- Benestan L et al. 2021. Restricted dispersal in a sea of gene flow. *Proc. R. Soc. B* 288: 20210458.<https://doi.org/10.1098/rspb.2021.0458>
- Benestan L, Gosselin T, Perrier C, et al (2015) RAD genotyping reveals fine-scale genetic structuring and provides powerful population assignment in a widely distributed marine species, the American lobster (*Homarus americanus*). *Mol Ecol* 24:3299–3315
- Bertrand, A., Barbieri, M.A., Córdova, J., Hernández, C., Gómez, F., Leiva, F. 2004. Diel vertical behaviour, predator-prey relationships and occupation of space by jack mackerel (*Trachurus murphyi*) off Chile. *ICES Journal of Marine Science* 61 pp 1105-1112.
- Bertrand, A., Habasque, J., Hattab, T., Hintzen, N. T., Oliveros-Ramos, R., Gutierrez, M., & Gerlotto, F. 2016. 3-D habitat suitability of jackmackerel *Trachurus murphyi* in the Southeastern Pacific, a comprehensive study. *Progress in Oceanography*, 146, 199-211.
- Bick, D., Fraser, P. C., Gutzeit, M. F., Harris, J. M., Hambuch, T. M., Helbling, D. C., Jacob, H. J., Kersten, J. N., Leuthner, S. R., May, T., North, P. E., Prisco, S. Z., Schuler, B. A., Shimoyama, M., Strong, K. A., Van Why, S. K., Veith, R., Verbsky, J., Weborg, A. M., ... Dimmock, D. P. (2017). Successful Application of Whole Genome Sequencing in a Medical Genetics Clinic. *Journal of Pediatric Genetics*, 6(2), 61–76. <https://doi.org/10.1055/s-0036-1593968>
- Bleidorn C (2016) Third generation sequencing: technology and its potential impact on evolutionary biodiversity research. *System Biodivers* 14:1–8.
- Bonetta, L. (2010). Whole-Genome Sequencing Breaks the Cost Barrier. *Cell*, 141(6), 917–919. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2010.05.034>
- Broquet, T. & Petit, E. J. Molecular estimation of dispersal for ecology and population genetics. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 40, 193–216 (2009).
- Cadrin, S.X. & K.D. Friedland. 1999. Advances in morphometric analysis of fish stock structure. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*. 10: 91 - 112.
- Campbell NR, Harmon SA, Narum SR. Genotyping-in-Thousands by sequencing (GT-seq): A cost effective SNP genotyping method based on custom amplicon sequencing. *Molecular Ecology Resources*. 2015 Jul;15(4):855-867. DOI: 10.1111/1755-0998.12357. PMID: 25476721.

- Campbell EO, Brunet BMT, Dupuis JR, Sperling FAH (2018) Would an RRS by any other name sound as RAD? *Methods Ecol Evol* 9:1920–1927
- Canales-Aguirre, C. B., Larson, W. A., McKinney, G. J., Claire, C. E., Rocha, J. D., Ceballos, S. G., Cádiz, M. I., Yáñez, J. M., & Gomez-Uchida, D. (2022). Neutral and adaptive loci reveal fine-scale population structure in *Eleginops maclovinus* from north Patagonia. *Ecology and Evolution*, 12(10), e9343. <https://doi.org/10.1002/ece3.9343>
- Canales-Aguirre CB, Ferrada S, Galleguillos R (2010). Isolation and characterization of microsatellite loci for the jack mackerel (*Trachurus murphyi* Nichols, 1920). *Conservation Genetics*. 11(3): 1235-1237. <https://doi.org/10.1007/s10592-009-9932-y>
- Canales-Aguirre, C. B., Ferrada-Fuentes, S., & Galleguillos, R. (2025). Temporal and spatial population genetic variation in Chilean jack mackerel, *Trachurus murphyi*. *Biology*. (Aceptado) <https://doi.org/10.1101/2024.08.05.606603>
- Canales-Aguirre, C. B., Ferrada-Fuentes, S., Herrera-Yañez, V., Aguilera, F., Araya-Jaime, C., Lam, N., & Galleguillos, R. (2025). Heterogametic Females Reveal a ZW Sex Determination System and a Putative Sex Chromosome for the Chilean Jack Mackerel, *Trachurus murphyi*. *Molecular Ecology Resources*, n/a(n/a), e70034. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.70034>
- Cárdenas L, Silva A, Magoulas A, Cabezas J, Poulin E, Ojeda P (2009) Genetic population structure in the Chilean jack mackerel, *Trachurus murphyi* (Nichols) across the South-eastern Pacific Ocean. *Fisheries research*. 100(2): 109-115. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2009.06.013>
- Castelletti F, Mascaro A. (2022) BCDAG: Bayesian Structure and Causal Learning of Gaussian Directed Graphs. R package version 1.0.0. <https://CRAN.R-project.org/package=BCDAG>.
- Catchen JM, Amores A, Hohenlohe P, et al (2011) Stacks: building and genotyping Loci de novo from short-read sequences. *G3* 1:171–182.
- Catchen, J., Hohenlohe, P. A., Bassham, S., Amores, A., & Cresko, W. A. (2013). Stacks: An analysis tool set for population genomics. *Molecular Ecology*, 22(11), 3124–3140. <https://doi.org/10.1111/mec.12354>
- Chaigneau A. & O. Pizarro. 2005. Eddy characteristics in the eastern South Pacific. *Journal of Geophysical Research*, 110, doi:10.1029/2004JC002815.
- Chen, S., Zhou, Y., Chen, Y., & Gu, J. (2018). fastp: An ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor.

- Claure, C. E., McKinney, G. J., Rocha, J. D., Yáñez, J. M., Pérez-Santos, I., & Canales-Aguirre, C. B. (2025). Genomic Signals of Local Adaptation Associated With Environmental Variables in *Eleginops maclovinus* From Northern Chilean Patagonia. *Ecology and Evolution*, 15(6), e71524. <https://doi.org/10.1002/ece3.71524>
- Corten, A. 2008. The fishery for jack mackerel in the Eastern Central Pacific by trawlers from the European Union in 2007. Paper 18. In: Chilean Jack Mackerel WorkShop. Organized by SPREMO and the Chilean UnderSecretary of Fishing. 30 June - 4 July 2008. FAO Regional Office for Latin America. Santiago-Chile.
- Correa-Ramirez, M, Hormazabal S&G. Yuras. 2007. Mesoscale eddies and high chlorophyll concentrations off central Chile (29°–39°S). *Geophysical Research Letters* Vol 34, L12604
- Cubillos, L.A., Paramo, J., Ruiz, P., Núñez, S. & A. Sepúlveda. 2008. The spatial structure of the oceanic spawning of jack mackerel (*Trachurus murphyi*) off central Chile (1998–2001). *Fisheries Research*, 90: 261 - 270.
- Cushman SA, McKelvey KS, Hayden J & Schwartz MK (2006) Gene flow in complex landscapes: testing multiple hypotheses with causal modeling. *Am Nat* 168:486–499.
- Danecek, P., Auton, A., Abecasis, G., Albers, C. A., Banks, E., DePristo, M. A., Handsaker, R. E., Lunter, G., Marth, G. T., Sherry, S. T., McVean, G., Durbin, R., & 1000 Genomes Project Analysis Group. (2011). The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*, 27(15), 2156–2158. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr330>
- Danecek, P., Bonfield, J. K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V., Pollard, M. O., Whitwham, A., Keane, T., McCarthy, S. A., Davies, R. M., & Li, H. (2021). Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*, 10(2), giab008. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008>
- Davey JW, Hohenlohe PA, Etter PD, et al (2011) Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. *Nat Rev Genet* 12:499–510
- Escribano, R., Morales, C.E., 2012. Spatial and temporal scales of variability in the coastal upwelling and coastal transition zones off central-southern Chile (35–40°S). *Prog. Oceanogr.* 92–95, 1–7.
- Everett MV, Grau ED, Seeb JE (2011) Short reads and nonmodel species: exploring the

- complexities of next- generation sequence assembly and SNP discovery in the absence of a reference genome. *Mol Ecol Resour* 11:93–108
- Everett MV, Miller MR, Seeb JE (2012) Meiotic maps of sockeye salmon derived from massively parallel DNA sequencing. *BMC Genomics* 13:521
- Evsenko, SA. 1987. Reproduction of Peruvian jack mackerel *Trachurus symmetricus murphyi*, in the Southern Pacific. *J. Ichthyol.* 27(3): 151-160.
- Ewels, P., Magnusson, M., Lundin, S., & Käller, M. (2016). MultiQC: Summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. *Bioinformatics* (Oxford, England), 32(19), 3047–3048. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btw354>
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567–1587
- Ferrada S., Galleguillos R., Herrera-Yáñez V., Canales-Aguirre CB., Sepulveda A., Vásquez S., Nuñez S., Salas C., Alegria A., & Aguilera F. 2023. Informe Final FIPA N°2021-28: GENÉTICA POBLACIONAL DE JUREL (*TRACHURUS MURPHYI*) EN EL PACÍFICO SUR. Fondo de Investigación Pesquera y Acuicultura. 197 pp.
- Ferrada Fuentes, S. Galleguillos, R. Herrera-Yáñez, V. Canales-Aguirre, C.B. 2023. Population Genetics of Chilean Jack Mackerel, *Trachurus murphyi* Nichols, 1920, (Pisces, Carangidae), in Waters of the South Pacific Ocean. *Fishes*, 8, 162. <https://doi.org/10.3390/fishes8030162>
- Figuerola-Ferrando, L. et al. (2023). Global patterns and drivers of genetic diversity among marine habitat-forming species. *Glob. Ecol. Biogeogr.* <https://doi.org/10.1111/geb.13685>.
- Fu, Y., Luo, L., Wang, S., Yu, Y., Wang, Y., & Gao, Z. (2024). Identification of sex-specific markers using genome re-sequencing in the blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*). *BMC Genomics*, 25(1), 963. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10884-0>
- Fuentes-Pardo, A & Daniel E. Ruzzante. 2017. Whole-genome sequencing approaches for conservation biology: Advantages, limitations and practical recommendations. *Molecular Ecology*. <https://doi.org/10.1111/mec.14264>Citations: 151
- Fuentes-Pardo A, Pettersson M, Sprehn C, Anderson L (2020) Population structure of the Atlantic horse mackerel (*Trachurus trachurus*) revealed by whole-genome sequencing. Report Northern Pelagic Working Group and the Pelagic Advisory. 38 pp

- Funk WC, Murphy MA, Hoke KL, Muths E, Amburgey SM, Lemmon EM et al. (2016) Elevational speciation in action? Restricted gene flow associated with adaptive divergence across an altitudinal gradient. *J Evol Biol* 29:241–252.
- Furrer, R., Kratzer, G. and Lewis, F.I. (2023). abn: Modelling Multivariate Data with Additive Bayesian Networks. R package version 2.7-2. <https://CRAN.R-project.org/package=abn>.
- Galleguillos R, Torres A (1988) Identificación de unidades poblacionales pelágicas. Tercera etapa. Informe Final. SUBPESCA. 67 p.
- Galleguillos, R., Canales-Aguirre, C. B., Ferrada, S., & Serra, R. (2011). Genética pesquera, una disciplina al servicio de especies explotadas; *Trachurus murphyi* un caso de estudio. Versión Diferente, 14, 88–89.
- Galleguillos R, Canales-Aguirre CB., Ferrada S. 2012. Genetic variability in Jack mackerel (*Trachurus murphyi*: new SSRs loci and application. *Gayana*. 76(1):58-62.
- García-Alcalde, F., Okonechnikov, K., Carbonell, J., Cruz, L. M., Götz, S., Tarazona, S., Dopazo, J., Meyer, T. F., & Conesa, A. (2012). Qualimap: Evaluating next-generation sequencing alignment data. *Bioinformatics* (Oxford, England), 28(20), 2678–2679. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts503>
- Garrett, M. J., Nerkowski, S. A., Kieran, S., Campbell, N. R., Barbosa, S., Conway, C. J., Hohenlohe, P. A., & Waits, L. P. (2024). Development and validation of a GT-seq panel for genetic monitoring in a threatened species using minimally invasive sampling. *Ecology and Evolution*, 14(5), e11321. <https://doi.org/10.1002/ece3.11321>
- Garrett, M. J., Nerkowski, S. A., Kieran, S., Campbell, N. R., Barbosa, S., Conway, C. J., Hohenlohe, P. A., & Waits, L. P. (2024). Development and validation of a GT-seq panel for genetic monitoring in a threatened species using minimally invasive sampling. *Ecology and Evolution*, 14(5), e11321. <https://doi.org/10.1002/ece3.11321>
- Geduk, S., & Ulusoy, I. (2021). A practical analysis of sample complexity for structure learning of discrete dynamic Bayesian networks. *Optimization*, 71(10), 2935–2962. <https://doi.org/10.1080/02331934.2021.1892105>.
- Gelman A (1995) Bayesian Data Analysis. Chapman and Hall/CRC
- George-Nascimento, M. & H. Arancibia. 1992. Stock ecológicos del jurel (*Trachurus symmetricus murphyi* Nichols) en tres zonas de pesca frente a Chile, detectados mediante comparación de

- su fauna parasitaria y morfometría. *Revista Chilena de Historia Natural* 65, 453-470.
- George-Nascimento, M. (2000). Geographical variations in the jack mackerel *Trachurus symmetricus murphyi* populations in the southeastern Pacific Ocean as evidenced from the associated parasite communities. *Journal of Parasitology*, 86(5), 929–932.
- Gerlotto F, Gutierrez M, Bertrand A (2012) Review 2012. Insight on population structure of the Chilean jack mackerel (*Trachurus murphyi*). *Aquatic Living Resources* 25:341-355
- Gerlotto F., M. Gutiérrez & A. Bertrand. 2010. The distribution of Jack mackerel *Trachurus murphyi* in the South Pacific Ocean: a metapopulation hypothesis. FAST-ICES-WG annual meeting. SWNFS, NOAA, San Diego, April 2010.
- Gerlotto, F., Gutiérrez, M., And Bertrand, A. 2012. Insight On Population Structure Of The Chilean Jack Mackerel (*Trachurus murphyi*). *Aquatic Living Resources*, 25: 341-355.
- Gerlotto, F., Gutiérrez, M., Bertrand, A. 2012. Insight on population structure of the Chilean jack mackerel (*Trachurus murphyi*). *Aquatic Living Resources*, 25 pp 341–355 (2012).
- Gilchrist, C. A., Turner, S. D., Riley, M. F., Petri, W. A., & Hewlett, E. L. (2015). Whole-Genome Sequencing in Outbreak Analysis. *Clinical Microbiology Reviews*, 28(3), 541–563. <https://doi.org/10.1128/CMR.00075-13>
- Good, S.; Fiedler, E.; Mao, C.; Martin, M.J.; Maycock, A.; Reid, R.; Roberts-Jones, J.; Searle, T.; Waters, J.; While, J.; Worsfold, M. The Current Configuration of the OSTIA System for Operational Production of Foundation Sea Surface Temperature and Ice Concentration Analyses. *Remote Sens.* 2020, 12, 720, doi:10.3390/rs12040720.
- Goudet J (2005) hierfstat, a package for r to compute and test hierarchical F-statistics. *Mol Ecol Notes* 5:184–186. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00828.x>
- Gower, J C. 1971. –A general coefficient of similarity and some of its properties”. *Biometrics*, 27, pp. 623–637.
- Gretchina A., A. Sepúlveda & S. Núñez. 2015. Cambios espacio-temporales de las principales pesquerías de jurel en el Pacífico Sur: años 1970-2015. Simposio –El jurel, *Trachurus murphyi*: Un análisis poblacional con integración de diferentes metodologías”. Congreso de Ciencias del Mar, Mayo 2015, Universidad Católica del Norte Coquimbo.
- Gretchina, A., Núñez, S. & D. Arcos. 1998. El desove del recurso jurel (*Trachurus symmetricus*

- murphyi (Nichols)), en el Océano Pacífico Sur. In *Biología y Ecología del Jurel en Aguas Chilenas*, pp. 117-140. Ed. By D.Arcos. Instituto de Investigación Pesquera, Talcahuano.
- Grimm V., Reise K., Strasser M., 2003, Marine metapopulations: a useful concept? *Helgol. Mar. Res.* 56, 222–228.
- Hancock, J., Hart ,J.B., Antezana, T. 1995. Searching behaviour and catch of horse mackerel (*Trachurus murphyi*) by industrial purse-seiners off south-central Chile. *ICES Journal of Marine Science* 52 pp.
- Hardie, D.C. and P.D.N. Hebert (2004). Genome-size evolution in fishes. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 61: 1636-1646
- Harvey MG, Aleixo A, Ribas CC & Brumfield RT (2017) Habitat association predicts genetic diversity and population divergence in Amazonian birds. *Am Nat* 190:631–648.
- Hayward, K. M., Clemente-Carvalho, R. B. G., Jensen, E. L., de Groot, P. V. C., Branigan, M., Dyck, M., Tschritter, C., Sun, Z., & Loughheed, S. C. (2022). Genotyping-in-thousands by sequencing (GT-seq) of noninvasive faecal and degraded samples: A new panel to enable ongoing monitoring of Canadian polar bear populations. *Molecular Ecology Resources*, 22(5), 1906–1918. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13583>
- Hernández, A., A. Sepúlveda & L Miranda. 1998. Morfometría y merística del jurel (*Trachurus symmetricus murphyi*) a lo largo de Chile. En Arcos, D (ed). *Biología y ecología del jurel en aguas chilenas*. Instituto de Investigación Pesquera, Talcahuano, 47-63 pp.
- Hey J, Nielsen R (2007) Integration within the Felsenstein equation for improved Markov chain Monte Carlo methods in population genetics. *Proceedings of the National Academy of Science of the United State of America* 2785-2790.
- Hintzen, N.T., Corten, A.A.H.M., Gerlotto, F., Habasque, J., Bertrand, A., Lehodey, P., Brunel, T.P.A., Dragon, A.C., Senina, I., 2014. Hydrography and Jack mackerel stock in the South Pacific - Final report. IJmuiden, IMARES C176/14, 65 pp.
- Hohenlohe PA, Day MD, Amish SJ, et al (2013) Genomic patterns of introgression in rainbow and westslope cutthroat trout illuminated by overlapping paired-end RAD sequencing. *Mol Ecol* 22:3002–3013
- Homola, J. J., Larson, W. A., & Albosta, P. (2024). An amplicon genotyping panel suitable for

- species identification and population genetics in sauger (*Sander canadensis*) and walleye (*Sander vitreus*). *Conservation Genetics Resources*, 16(1), 103–110. <https://doi.org/10.1007/s12686-023-01329-z>
- Hormazabal, S., Shaffer, G., & O. Leth. 2004. Costal transition zone off Chile. . *J. Geophys. Res.* 109, C01021.
- Hurlbut T. & D. Clay, 1998. Morphometric and meristic differences between shallow- and deep-water populations of white hake (*Urophycis tenuis*) in the southern Gulf of St. Lawrence. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 55 (10): 2274–2282.
- Ihssen, P.E., Booke, H.E., Casselman, J.M., McGlade, J.M., Payne, N.R., Utter, F.M., 1981. Stock identification: materials and methods. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 38: 1838-1855.
- Jombart, T. (2008). adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24(11), 1403–1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>
- Jombart T, Ahmed I (2011) adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics* 27:3070–3071. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr521>
- Jombart T, Devillard S, Balloux F (2010) Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genet* 11:94. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-94>
- Jorde LB (2000) Linkage disequilibrium and the search for complex disease genes. *Genome Res* 10:1435–1444
- Kelley JL, Brown AP, Therkildsen NO, Foote AD. 2016 The life aquatic: advances in marine vertebrate genomics. *Nat. Rev. Genet.* 17, 523–534. (doi:10.1038/nrg.2016.66)
- Kerr, L. A., and Goethel, D. R. 2014. Simulation modeling as a tool for synthesis of stock identification information. In *Stock Identification Methods: Applications in Fishery Science*, 2nd edn, pp. 501–534. Ed. by S. Cadrin, L. Kerr, and S. Mariani. Elsevier Academic Press, Burlington. 566 pp.
- Khromykh, A., & Solomon, B. D. (2015). The Benefits of Whole-Genome Sequencing Now and in the Future. *Molecular Syndromology*, 6(3), 108–109. <https://doi.org/10.1159/000438732>
- Konchina, Y.V., Nesin, A.V., Onishchik, N.A. & , Y.P. Pavlov. 1996. On the migration and feeding of the jack mackerel *Trachurus symmetricus murphyi* in the Eastern Pacific. *J. Ichthyol.* 36, 753–

- Korneliussen, T. S., Albrechtsen, A., & Nielsen, R. (2014). ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data. *BMC Bioinformatics*, 15(1), 356. <https://doi.org/10.1186/s12859-014-0356-4>
- Kwon JM, Goate AM. 2000. The candidate gene approach. *Alcohol Research & Health*. 24 (3): 164–168. PMC 6709736. PMID 11199286.
- Kuhner MK (2006) LAMARC 2.0: maximum likelihood and Bayesian estimation of population parameters. *Bioinformatics* 22(6): 768-70.
- Kuhner MK, Felsenstein J (2000) Sampling among haplotype resolutions in a coalescent-based genealogy sampler. *Genetic Epidemiology* 19, Issue Supplement S1 2000 Pages S15–S21.
- Kuhner MK, Yamato J, Felsenstein J (2000) Maximum likelihood estimation of recombination rates from population data. *Genetics* 156(3):1393-401.
- Kratzer G, Lewis F, Comin A, Pittavino M, Furrer R (2023). -Additive Bayesian Network Modeling with the R Package abn." *Journal of Statistical Software*, 105(8), 1-41. doi:10.18637/jss.v105.i08 <https://doi.org/10.18637/jss.v105.i08>.
- Larson WA, Seeb LW, Everett MV, et al (2014) Genotyping by sequencing resolves shallow population structure to inform conservation of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Evol Appl* 7:355–369
- Leal E., E. Díaz, J.C. Saavedra-Nievas & G. Claramunt. 2013. Ciclo reproductivo, longitud y edad de madurez de jurel *Trachurus murphyi*, en la costa de Chile. *Revista de Biología Marina y Oceanografía* Vol. 48, No3: 601-611.
- Ledger, K. J., Su, Y., Jeon, J. Y., Fullerton, A. H., Kuligowski, D., Bennett, T., Denton, K., McHenry, M., McMillan, J. H., Anderson, J. H., Connor, H., Seamons, T. R., Pess, G., Nichols, K. M., McKinney, G., Seaborn, T., & Fraik, A. K. (2023). Using riverscape genetics to investigate the genetic response of two species and their life-history forms to dam removal. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 11. <https://doi.org/10.3389/fevo.2023.1225229>
- Leth, O. & G. Shaffer. 2001. A numerical study of seasonal variability in the circulation off central Chile. *J. Geophys. Res.*, 106, 22229-22248.
- Lett, P. Verley, C. Mullon, C. Parada, T. Brochier, P. Penven, B. Blanke. 2008. A Lagrangian tool for modelling ichthyoplankton dynamics *Environ. Model. Softw.*, 23 (9) (2008), pp. 1210-1214.

- Li, H., & Durbin, R. (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics*, 25(14), 1754–1760. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>
- Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., Marth, G., Abecasis, G., Durbin, R., & 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. (2009). The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 25(16), 2078–2079. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp352>
- Lowe WH, Allendorf FW. 2010 What can genetics tell us about population connectivity? *Mol. Ecol.* 19, 3038–3051. (doi:10.1111/j.1365-294X.2010.04688.x)
- Marcus, L. E, 1990 Traditional Morphometrics. In Rohlf, F.J. and Bookstein, E (eds), *Proceedings of the Michigan Morphometrics Workshop*. University of Michigan Museum of Zoology Special, 1: 95-130.
- Magris RA, Andrello M, Pressey RL, Mouillot D, Dalongeville A, Jacobi MN, Manel S. 2018 Biologically representative and well-connected marine reserves enhance biodiversity persistence in conservation planning. *Conserv. Lett.* 11, e12439. (doi:10.1111/conl.12439)
- McCauley DJ, Pinsky ML, Palumbi SR, Estes JA, Joyce FH, Warner RR. 2015 Marine defaunation: animal loss in the global ocean. *Science* 347, 1255641. (doi:10.1126/science.1255641)
- McKinney GJ, Waples RK, Seeb LW, Seeb JE (2017) Paralogues are revealed by proportion of heterozygotes and deviations in read ratios in genotyping-by-sequencing data from natural populations. *Mol Ecol* 17:656–669
- McKinney, G., J., Waples R. K., Pascal C. E., Seeb L. W., Seeb J. E. 2018. Resolving allele dosage in duplicated loci using genotyping-by-sequencing data: A path forward for population genetic analysis. *Mol. Ecol. Resour.* 18 570–579. 10.1111/1755-0998.12763.
- McKinney, G. J., Pascal, C. E., Templin, W. D., Gilk-Baumer, S. E., Dann, T. H., Seeb, L. W., & Seeb, J. E. (2020). Dense SNP panels resolve closely related Chinook salmon populations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 77(3), 451–461. <https://doi.org/10.1139/cjfas-2019-0067>
- Meek, M., Larson, W. 2019. The future is now: Amplicon sequencing and sequence capture usher in the conservation genomics era. *Molecular Ecology Resources*. DOI: 10.1111/1755-0998.12998.
- Melvin, G. D., M. J. Dadswell & J. A. McKenzie 1992. Usefulness of meristic and morphometric

- characters in discriminating populations of American shad (*Alosa sapidissima*) (Osteichthyes: Clupeidae) inhabiting a marine environment. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 49: 266–280.
- Miller MR, Dunham JP, Amores A, et al (2007) Rapid and cost-effective polymorphism identification and genotyping using restriction site associated DNA (RAD) markers. *Genome Res* 17:240–248
- Morales, C., Torreblanca, M., Hormazábal, S., Correa-Ramírez, M., Núñez, S. & P Hidalgo. 2010. Mesoscale structure of copepod assemblages in the coastal transition zone and oceanic waters off central-southern Chile. *Progress in Oceanography* 84: 158-173.
- Moreira, C., Froufe, E., Vaz-Pires, P., Triay-Portella, R., & Correia, A. T. 2020. Landmark-based geometric morphometrics analysis of body shape variation among populations of the blue jack mackerel, *Trachurus picturatus*, from the North-East Atlantic. *Journal of Sea Research*, 101926. doi:10.1016/j.seares.2020.101926
- Murta, A. G., A. Pinto & P. Abaunza 2008. Stock identification of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) through the analysis of body shape. *Fisheries Research* 89: 152-158.
- Narum, S. R., Buerkle, C. A., Davey, J. W., Miller, M. R., & Hohenlohe, P. A. (2013). Genotyping-by-sequencing in ecological and conservation genomics. *Molecular Ecology*, 22(11), 2841–2847. <https://doi.org/10.1111/mec.12350>
- Nekrasov, V.V. 1994. Mackerel of the World Ocean (genus *Trachurus*) VNIRO, Moscow, pp 1-228.
- Ojeda V., Olivares J., Balbontín F., Garland D., Cubillos L., Alarcón R, George- Nascimento M. & A. Sepúlveda. 1997. Validación de los métodos aplicados en la estimación de edad y crecimiento, y determinación de la mortalidad en merluza común en la zona centro-sur. Informe final, FIP 95-15: 129 pp.
- Oliva, M. (1999). Metazoan parasites of the jack mackerel *Trachurus murphyi* (Teleostei, Carangidae) in a latitudinal gradient from South America (Chile and Peru). *Parasite*, 6(3), 223–230.
- Olsen MT, Volny VH, Bérubé M, et al (2011) A simple route to single-nucleotide polymorphisms in a nonmodel species: identification and characterization of SNPs in the Arctic ringed seal (*Pusa hispida hispida*). *Mol Ecol Resour* 11 Suppl 1:9–19.

- O'Leary, S. J., Puritz, J. B., Willis, S. C., Hollenbeck, C. M., & Portnoy, D. S. (2018). These aren't the loci you're looking for: Principles of effective SNP filtering for molecular ecologists. *Molecular Ecology*, 27(16), 3193–3206. <https://doi.org/10.1111/mec.14792>
- Paetkau D, Calvert W, Sterling I, Strobeck C (1995) Microsatellite analysis of population-structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4:347±354. PMID: 7663752.
- Paetkau D, Slade R, Burden M, Estoup A (2004) Direct, real-time estimation of migration rate using assignment methods: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* 13:55-65.
- Palumbi, S.R. (1994) Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 25: 547-572.
- Parada C, Yannicelli B, Hormazábal S, Vásquez S, Porobic J, Ernst B, Gatica C, Arteaga M, Montecinos A, Núñez S, Gretchina A. Environmental variability and fisheries in the southeastern Pacific: research status and challenges for fisheries management. *Lat. Am. J. Aquat. Res.* 2017;41(1): 1-28.
- Paris JR, Stevens JR, Catchen JM (2017) Lost in parameter space: a road map for stacks. *Methods Ecol Evol* 8:1360–1373
- Pearl J. (1993) Graphical models, causality and intervention. *Statist. Sci.* 13: 266–269.
- Pearl J. ([2000] 2009) *Causality: Models, Reasoning and Inference*. 2nd ed. Cambridge,UK: Cambridge University Press.
- Pearl, J., & Mackenzie, D. (2020). *El libro del porqué: La nueva ciencia de la causa y del efecto*. Editorial Pasado y Presente.
- Pembleton, L. W., Cogan, N. O. I., & Forster, J. W. (2013). StAMPP: an R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 946–952. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12129>
- Pennino MG, Coll M, Albo-Puigserver M, Fernández-Corredor E, Steenbeek J, Giráldez A, González M, Esteban A and Bellido JM (2020) Current and Future Influence of Environmental Factors on Small Pelagic Fish Distributions in the Northwestern Mediterranean Sea. *Front. Mar. Sci.* 7:622. doi: 10.3389/fmars.2020.00622.
- Perea, Á., Mori, J., Buitrón, B., Sánchez, J. (2013) Reproductive aspects of Jack mackerel

- Trachurus murphyi. In: Csirke J., Guevara-Carrasco, R., Espino, M. (Eds.). Ecología, pesquería y conservación del jurel (*Trachurus murphyi*) en el Perú. Revista Peruana de Biología, número especial, 20(1) pp 29–34.
- Pimentel, R. 1978. Morphometrics: the multivariate analysis of biological data. Ken Vertrees Printer. Santa Maria California, USA. 150 p.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–959
- Quiñones, R., Serra, R., Núñez, S., Arancibia, H., Córdova, J. & F. Bustos. 1997. Relación espacial entre el jurel y sus presas en la zona centro-sur de Chile. In: Tarifeño, E. (Ed.), Gestión de sistemas oceanográficos del Pacífico oriental. UNESCO COI/INF – 1046, pp. 187–202.
- R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Rafalski A (2002) Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. *Curr Opin Plant Biol* 5:94–100.
- Reiss, H., Hoarau, G., Dickey-Collas, M., & Wolff, W. J. (2009). Genetic population structure of marine fish: Mismatch between biological and fisheries management units. *Fish Fish*, 10(4), 361–395. <https://doi.org/10.1111/j.1467-2979.2008.00324.x>
- Rencher, A. C. (2002). Discriminant Analysis: Description of Group Separation. In *Methods of Multivariate Analysis* (pp. 270–298). John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/0471271357.ch8>
- Richards, C. L., Carstens, B. C. & Knowles, L. L. Distribution modelling and statistical phylogeography: An integrative framework for generating and testing alternative biogeographical hypotheses. *J. Biogeogr.* 34(11), 1833–1845 (2007).
- Richards-Zawacki CL (2009) Effects of slope and riparian habitat connectivity on gene flow in an endangered Panamanian frog, *Atelopus varius*. *Divers Distrib* 15:796–806.
- Rochette NC, Catchen JM (2017) Deriving genotypes from RAD-seq short-read data using Stacks. *Nat Protoc* 12:2640–2659
- Rochette NC, Rivera-Colón AG, Catchen JM (2019) Stacks 2: Analytical methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics. *Mol Ecol* 28:4737–4754

- Rohlf, F. J. and F. J. Bookstein (Eds). 1990. Proceedings of the Michigan Morphometrics Workshop. Ann Arbor, MI: University of Michigan Museums.
- Rubin, D. (2005) Causal inference using potential outcomes: Design, modeling, decisions. Journal of the American Statistical Association. 100: 322-331.
- Rundle, H. D. & Nosil, P. Ecological speciation. Ecol. Lett. 8(3), 336–352 (2005).
- Rue H, Martino S, Chopin N. 2009. Approximate Bayesian Inference for Latent Gaussian. Royal Statistical Society B, 71, 319–392.
- Salvatteci, R., 2013. Multi-decadal to millennial scale variability in Oxygen Minimum Zone intensity, export production and pelagic fish abundances from marine laminated sediments off Pisco, Peru during the last 25 000 years. l'UNIVERSITÉ PIERRE ET MARIE CURIE.
- Santander, H. and De Castillo, C. S. 1971. Desarrollo y distribución de huevos y larvas de "jurel" *Trachurus symmetricus murphyi* (nichols), en la costa peruana. Instituto del Mar del Perú. Informe N° 1239 36, 23pages.
- Schaefer, K. 1991. Geographic variation in morphometric characters and gill-raker counts of yellowfin tuna *Thunnus albacares* from the Pacific Ocean. Fishery Bulletin 89:289-297.
- Schweizer, T. M., & DeSaix, M. G. (2023). Cost-effective library preparation for whole genome sequencing with feather DNA. Conservation Genetics Resources, 15, 21–28. <https://doi.org/10.1007/S12686-023-01299-2>
- Seeb JE, Carvalho G, Hauser L, et al (2011) Single-nucleotide polymorphism (SNP) discovery and applications of SNP genotyping in nonmodel organisms. Mol Ecol Resour 11 Suppl 1:1–8
- Shipley B. (2016) Cause and correlation in biology: A user's guide to path analysis, structural equations and causal inference with R. Second edition. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Sepúlveda A, Cubillos L, Grechina A, et al (1996) Migración de jurel desde y hacia la ZEE de Chile central. Informes Técnicos. FIP/IT N°96-15, 273
- Serra, J.R. 1991. Important life history aspects of the Chilean jack mackerel, *Trachurus symmetricus murphyi*. Investigaciones Pesqueras (Chile), 36: 67 – 83.
- Serra, R Galleguillos R, Canales C, Ferrada S et al (2010) Estudio Migración de jurel en Chile

- (Fase I), 2007. Informe Final FIP N°2007-27. Fondo de Investigación Pesquera- IFOP, Valparaíso, Chile.339p+Anexos. (www.fip.cl)
- Serra, R Galleguillos R, Canales C, Ferrada S et al (2014) Estructura poblacional de jurel. Informe Final FIP N°2010-18. Fondo de Investigación Pesquera- IFOP, Valparaíso, Chile. 277p+Anexos. (www.fip.cl)
- Shaffer, G., S. Hormazabal, O. Pizarro & S. Salinas. 1999. Seasonal and interannual variability of currents and temperature over the slope of central Chile. J. Geophys. Res., 104, C12, 29,951-29,961, 1999.
- Shchepetkin, A. F., McWilliams, J. C. 2005. The regional oceanic modeling system (ROMS): a split-explicit, free-surface, topography-following-coordinate oceanic model. Ocean Modelling, 9(4): 347-404. doi:10.1016/j.ocemod.2004.08.002.
- Shchepetkin, A.F. & J.C. McWilliams. 2003. A method for computing horizontal pressure-gradient force in an oceanic model with a nonaligned vertical coordinate, J. Geophys. Res., 108 (C3), 3090, doi:10.1029/2001JC001047.
- Steinke D, Hanner R (2011) The FISH-BOL collaborators' protocol. Mitochondrial DNA 22 Suppl 1:10–14
- Stramma, L.; Peterson, R.G.; Tomczak, M. The South Pacific Current. J. Phys. Oceanogr. 1995, 25, 77–91.
- Strub, P. T., Mesias, J.M & C. James. 1995. Altimeter observation of the Perú-Chile Countercurrent. Geophys. Res. Lett. 22(3): 211-214.
- SWG-03, SPRFMO, 2012.Report of the Jack Mackerel Subgroup. 11th Meeting of the Science Working Group, SPRFMO. Lima, Peru, 15-19 October 2012. 69 p.(<http://www.southpacificrfmo.org/assets/11th-SWG-and-10th-DIWG-meetings/SWG-11/SWG-JM-report-with-TechAttachments.pdf>).
- SWG-11-08a, SPRFMO, 2012.Peru National Report No2. National report on the peruvian stock of jack mackerel (northern stock) and the peruvian fishery in national jurisdictional waters. 11th Meeting of the Science Working Group, SPRFMO. Lima, Peru, 15-19 October 2012. 65 p. (<http://www.southpacificrfmo.org/eleventh-meeting/>).
- Taylor E. B. & J. D. McPhail 1985. Variation in body morphology among British Columbia populations of coho salmon, *Oncorhynchus kisutch*. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic

Sciences, 42 (12): 2020-2028.

- Taylor, P.R., 2002. Stock structure and population biology of the Peruvian jack mackerel, *Trachurus symmetricus murphyi*. New Zealand Fisheries Assessment Report 2002/21. Ministry of Fisheries, Wellington, New Zealand.
- Textor J, van der Zander B, Gilthorpe MS, Liskiewicz M, Ellison GT. (2016) Robust causal inference using directed acyclic graphs: the R package 'dagitty'. International Journal of Epidemiology. 1;45(6):1887-1894. doi: 10.1093/ije/dyw341.
- Thia, J. A. (2023). Guidelines for standardizing the application of discriminant analysis of principal components to genotype data. Molecular Ecology Resources, 23(3), 523–538. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13706>
- Thiel M, Macaya E, Acuña E, Arntz W, Bastías H et al. 2007. The Humboldt Current System of northern and central Chile: oceanographic processes, ecological interactions and socioeconomic feedback. Oceanogr Mar Biol 45:195-345
- Thomas A. 1999. Seasonal distributions of satellite-measured phytoplankton pigment concentration along the Chilean coast. J Geophys Res-Oceans 104:25877-25890
- Thomé MTC, Carstens BC, Rodrigues MT, Galetti Jr PM, Alexandrino J & Haddad CF (2021) A role of asynchrony of seasons in explaining genetic differentiation in a Neotropical toad. Heredity 2021:1–10
- Turan, C. 2004. Stock identification of Mediterranean horse mackerel (*Trachurus mediterraneus*) using morphometric and meristic characters. ICES J. Mar. Sci., 61: 774-781.
- Vásquez, S., Correa-Ramírez, M., Parada, C., & A. Sepúlveda. 2013. The influence of oceanographic processes on jack mackerel (*Trachurus murphyi*) larval distribution and population structure in the southeastern Pacific Ocean. ICES Journal of Marine Science, 70: 1097–1107. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fst065>
- Vásquez, S., Salas, C., Sepúlveda, A. & M. G. Pennino. 2020. Estimation and prediction of the spatial occurrence of jack mackerel (*Trachurus murphyi*) using Bayesian Hierarchical spatial models. South Pacific Regional Fisheries Management Organization. 8th Meeting of the Scientific Committee. 3 to 8 October 2020, New Zealand. <https://www.sprfmo.int/assets/2020-SC8/SC8-HM07-Spatial-occurrence-of-Jack-mackerel-using-Bayesian-Hierarchical-spatial-models.pdf>

- Vásquez, S., Salas, C., Núñez, E., Sepúlveda, A., Gretchina, A., Arteaga, M., Gatica, C., González, C., San Martín, R., V. Echevin. 2021. Dinámica poblacional de juveniles y adultos de jurel basada en modelación biofísica. Informe Final proyecto FIPA 2017-62. Subsecretaría de Pesca y Acuicultura. 412 pp.
- Vásquez, S., Salas, C., Sepúlveda, A., Núñez, S., Soto-Mardones, L., Letelier, J., Cisterna, L., Alegría, N., Gretchina, A., Gatica, C. & M. Arteaga. 2017. Estructura poblacional y estimación de índices de reclutamiento de jurel basados en modelos biofísicos (fase I). Informe Final proyecto FIPA 2014-33. 321 págs.
- Vásquez, S., Salas, C., Sepúlveda, A., Núñez, S., Soto-Mardones, L., Letelier, J., Cisterna, L., Alegría, N., Gretchina, A., Gatica, C. & M. Arteaga. 2017. Estructura poblacional y estimación de índices de reclutamiento de jurel basados en modelos biofísicos (fase I). Informe Final proyecto FIPA 2014-33. 321 págs.
- Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A (2002) A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genet Sel Evol* 34:275–305.
- Wang IJ & Summers K (2010) Genetic structure is correlated with phenotypic divergence rather than geographic isolation in the highly polymorphic strawberry poison-dart frog. *Mol Ecol* 19:447–458.
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6), 1358–1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>
- Winans, G. 1987. Using morphometric and meristic characters for identifying stocks of fish. National Marine Fisheries Service Northwest and Alaska Fisheries Center. NOAA Technical Memorandum NMIS- SEFC. 199: 25-62.
- Wood, S. 2017. Generalized Additive Models An Introduction with R. Chapman and Hall [//doi.org/10.1201/9781315370279](https://doi.org/10.1201/9781315370279).
- Wright S. (1921). Correlation and causation. *Journal of Agricultural Research*. 20: 557- 585.
- Wright S (1943) Isolation by distance. *Genetics* 28:114–138.
- Wright, S. (1949). The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.*, 15(1), 323–354. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1949.tb02451.x>
- Yañez, E., Barbieri, M.A., González, A., Pizarro, O., Bravo, M., Canales, C. & S. Salinas. 1994. Sea

- surface thermal structure associated to the pelagic fish resources distribution in northern Chile. Second Thematic Conf. on Rem. Sens. Mar. Coastal Envir. ERIM, Ann Arbor MI, 149-162.
- Zhang, M., X. Zou, Y. Zhou. 2008. Report of data collection on Jack mackerel in South-East Pacific. Paper 15. In: Chilean Jack Mackerel WorkShop. Organized by SPRFMO and the Chilean UnderSecretary of Fishing. 30 June - 4 July 2008. FAO Regional Office for Latin America. Santiago-Chile.
- Zhang, Q., Sun, CH., Huang, XY. et al. Genetic diversity and population structure of the near threatened fish *Harpadon nehereus* in the Northwest Pacific: implications for conservation. Mar. Biodivers. 54, 9 (2024). <https://doi.org/10.1007/s12526-024-01403-1>
- Zhu, G., Zhang, M., Ashford, J., Zou, X., Chen, X., Zhou, Y., 2014. Does life history connectivity explain distributions of Chilean jack mackerel *Trachurus murphyi* caught in international waters prior to decline of the southeastern Pacific fishery? Fisheries Research 151, 20–25.
- Zwolinski. J. P. and Demer, D.A. 2012. A cold oceanographic regime with high exploitation rates in the 1297 Northeast Pacific forecasts a collapse of the sardine stock. PNAS, March 13, 2012, vol. 109 no. 11 pp 1298 4175–4180.

10. Plan de actividades o Carta Gantt FIPA 2023-18

Actividad	Resultado esperado asociado	Meses																				
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
1. Actividades Generales																						
Coordinación para ejecución del proyecto	Reuniones equipo trabajo	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Coordinación inicial con SUBPESCA	Reunión de coordinación	X																				
Talleres de trabajo con el o los grupos de trabajo y el comité científico de la OROP-PS al menos de forma ONLINE	Brindar apoyo técnico necesario a él o los grupos de trabajo y el comité científico de la OROP-PS (fechas según requerimiento de la contraparte técnica)																					
Taller al Comité Científico Técnico de Jurel	Taller al Comité Científico Técnico de Jurel																			X		
2. Objetivo específico 1																						
2.1. Validación de panel de SNPs Fipa 2021-28	Validación realizada mediante GT-seq sobre una submuestra de hasta 50 ejemplares provenientes de distintas localidades		X	X	X	X	X															
2.2. Panel de SNPs Validado	Los SNPs que alcancen criterios de calidad estándar serán ensayados en la totalidad de muestras propuestas en la presente iniciativa							X	X	X	X	X										
3. Objetivo específico 2																						
3.1. Ejecución del programa de muestreo propuesto.	Obtención de las muestras comprometidas	X	X	X	X	X	X	X	X													
3.2. Obtención de datos biológicos	Base de datos con medidas biológicas	X	X	X	X	X	X	X	X													
3.3. Procesamiento de muestras para fines genéticos	Obtención de tejido para análisis genéticos	X	X	X	X	X	X	X	X													
4. Objetivo específico 3																						

4.1. Secuenciación mediante WGS	Obtención de SNPS mediante WGS						X	X	X	X	X	X	X	X										
5. Objetivo específico 4																								
5.1. Extracción de ADN	Obtención de ADN para SNPs	X	X	X	X	X	X	X	X	X														
5.2. Diversidad genética en SNP	Obtención de parámetros de diversidad genética para cada base de datos											X	X											
5.3. Identificación de estructura poblacional SNP	Obtención de resultados para identificar diferencias poblacionales para cada base de datos											X	X	X										
5.4. Grado de conectividad genética SNP	Obtención de resultados del grado de conectividad genética entre las poblaciones identificadas														X	X								
5.5. Proporción de mezcla SNP	Obtención de la proporción de mezcla entre los grupos genéticamente divergentes que se evidencien														X	X								
6. Objetivo específico 5																								
6.1 Actualización de Modelo hidrodinámico para jurel del PS	Propuesta de posibles patrones de conectividad de jurel en el Pacífico Sur	X									X	X	X	X										
6.2. Actualización de Modelo biofísico para jurel del PS	Propuesta de posibles patrones de conectividad de jurel en el Pacífico Sur	X									X	X	X	X		X								
6.3. Análisis de procesos de conectividad en jurel en el Pacífico Sur	Propuesta de posibles patrones de conectividad de jurel en el Pacífico Sur									X	X	X	X	X		X								
6.4 Compilación bases de datos ambientales y climáticas	Series temporales de variables ambientales y climáticas														X									
6.5 Análisis de inferencia causal	Redes de causalidad															X								
Informe Avance	Documento Informe de Avance											X												
Pre Informe Final	Documento PreInforme Final																X							
Taller de Difusión de Resultados	Taller de difusión de resultados																	X						
Informe Final	Documento con Informe Final																		X					
Reuniones de coordinación según hito de avance	Revisar junto a contraparte técnica las observaciones sancionadas por el consejo												X				X			X				

11. Composición y organización del equipo profesional y técnico asignado al proyecto

NOMBRE	TÍTULO / PROFESIÓN	INSTITUCIÓN	FUNCION	ACTIVIDADES
Sandra Ferrada Fuentes	Magister en Pesquerías / Biólogo Marino	UdeC	Jefe de Proyecto	Coordinación Análisis Genético, Informes
Ricardo Galleguillos	PhD Biology / Profesor Biología	UdeC	Investigador	Coordinación de Talleres
Victoria Herrera Yáñez	Magister en Zoología / Biólogo Marino	UdeC	Investigador	Análisis genético Laboratorio
Luis Cubillos	Dr. en Oceanografía/ Magíster en Ciencias/ Biólogo Pesquero	UdeC	Investigador	Modelo conceptual jurel
Oscar Inostroza Michael	Dr. en Sistemática y Biodiversidad/ Magister en Zoología/ Biólogo	UdeC	Investigador	Modelo conceptual Jurel/ Análisis estadísticos
Rocio Barrios Figueroa	Dr.(c) en Sistemática y Biodiversidad / Biólogo Marino	UdeC	Técnico	Apoyo en Laboratorio
Sandra Sampértegui Espinoza	Magíster en Zoología /Zoologa	UdeC	Técnico	Apoyo en Bioinformática
Administrativo	-	UdeC	Administrativo	Apoyo administrativo
Cristian B. Canales-Aguirre	Dr. en Sistemática y Biodiversidad / Biólogo Marino	ULagos	Investigador	Coordinación, Análisis Genético, Informes
Aquiles Sepúlveda Oróstica	Doctorado Recursos Naturales (Pesquerías)/Magíster en Oceanografía /Biólogo Marino	INPESCA	Investigador	Coordinación de muestreo. Análisis de datos merísticos y bio-pesqueros, Modelo conceptual jurel en PS.
Sergio Núñez Elías	Magíster en Oceanografía /Biólogo Marino	INPESCA	Investigador	Análisis de modelo conceptual en PS (parte ambiental).
Sebastián Vásquez Pastene	Magister en Pesquerías / Biólogo Marino	INPESCA	Investigador	Modelo biofísico (MB) en PS. Patrones de conectividad. Modelo conceptual jurel.

12. Plan detallado de asignación de personal profesional y técnico y tiempo asignado (Hrs/Profesional)

Nombre	Actividades por profesional o técnico	HH mensual por actividad																					Totales por nombre
		Mes																					
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
Sandra Ferrada	Coordinación Proyecto	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	5	5	5	5	5	185
	Análisis de datos					15	15	15	15	15	15	15	15										120
	Preparación SNPs							10	10	10													30
	Analisis de SNPs										25	25	25	25									100
	Informes									10	5	20	5	20	10	20	5	20	30	15	15		175
	Organización Talleres	20									30				20	20							90
	Total HH por mes	30	10	10	10	25	25	35	35	75	55	70	55	75	40	30	15	25	35	20	20	5	700
Ricardo Galleguillos	Coordinación Proyecto	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	2	2	2	96
	Informes									10	10	10			10	10		10	10	10			80
	Organización Talleres	10							5	10		4		10	10		4			4			57
	Total HH por mes	15	5	5	5	5	5	5	10	25	15	19	5	15	25	15	9	15	15	16	2	2	233
Victoria Herrera Yáñez	Coordinación Proyecto	5	5	5	5	5	5	5	5	5	2	2	4	4	4	4	2	2	2	2	2	2	77
	Selección y muestreo de tejidos de Jurel		10	10	10	10	10	10	10	10	10												90
	Análisis genético Laboratorio					40	40	40	40														160
	Análisis de datos							20	20	20	20												80
	Informes									10	20	10			10	20	4	20	20	4			118
	Total HH por mes	5	15	15	15	55	55	75	75	45	52	12	4	4	14	24	6	22	22	6	2	2	525
Técnico NN	Selección y muestreo de tejidos de Jurel		20	20	20	20	20																100
	Informes									9					9								18
	Total HH por mes		20	20	20	20	20				9				9								118
Sandra	Análisis Bioinformático					20	20	20	20	20													100

Sampértegui Espinoza	Informes											9											9											18				
	Total HH por mes											20	20	20	20	20	9											9										
Cristian B. Canales Aguirre	Coordinación Proyecto	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	95																	
	Preparación SNPs						20	20	20	20																80												
	Análisis de SNPs											15	15	15	15	15	15						90															
	Análisis Bioinformatico											20	20	20	20	20	20						120															
	Informes											10	10	10						10	10	10	10	10	80													
	Talleres	5																10						10						35								
	Total HH por mes	10	5	5	5	5	25	25	60	60	50	50	60	40	5	15	15	25	15	15	15	500																
Aquiiles Sepúlveda Oróstica	Recolección especímenes localidades internacionales Pacífico Sur (PS)	5	5	5	5	5											5	5						35														
	Muestreos biológicos completos. Análisis entre localidades	5	5	5	5	5											5	5						35														
	Análisis de datos merísticos (actuales e históricos)						10	10	5																25													
	Procesamiento y datación de otolitos (determinación de edad)						30	30	20						5	15						100																
	Análisis modelo conceptual jurel en PS.						5	10	10											5						30												
	Informes y presentación de resultados											25						15						10	50													
	Total HH por mes	10	10	10	10	50	45	35	10						25	15	25						20	10	275													
Sebastián Vásquez Pastene	Análisis de conectividad.											5	5	10	5	5						30																
	Análisis de modelo conceptual jurel del PS											5	5	10	5	5	5						35															
	Informes y presentación de resultados																10						30	10	0													
	Total HH por mes											10	10	20	20	10	5	30						10	65													
Sergio Núñez Elías	Análisis modelo conceptual jurel en PS.	5											5	5	5	5						25																
	Variabilidad ambiental PS	5											5	5	5	10						30																
	Total HH por mes	10											10	10	10	15						55																
Luis Cubillos	Asesor de analisis estadisticos																					32											32					
	Análisis de inferencia causal																					32											32					
	Total HH por mes																					32	32											64				
Oscar Inostroza Michael	Compilación bases de datos ambientales y climaticas																					32											32					
	Análisis de inferencia causal																					32											32					

Total HH por mes														32		32												64	
Totales mensuales	80	65	65	65	200	195	230	220	235	245	206	154	99	163	216	55	77	97	67	24	9			2767					

ANEXOS

Anexo 1. Base de datos Muestras FIPA 2023-18

N°	N° INP	Embarcación	Tipo Pesca	Aparejo de pesca	País	Localidad	Acrónimo	Fecha	Latitud	Longitud	LT	LH	PT	Sexo	OTO	MB Etanol	Edad asignada
629	1	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	40	36	580,4	H	2	X	5
630	2	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	43	38	668,3	M	2	X	4
631	3	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42	38	601,7	M	2	X	4
632	4	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42,5	38,5	665,2	M	2	X	5
633	5	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	37	591,6	M	2	X	4
634	6	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	45,5	41	787,7	H	2	X	5
635	7	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	44	39,5	743,5	H	2	X	3
636	8	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	37	572,5	M	2	X	4
637	9	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42,5	37	590	M	2	X	4
638	10	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	38,5	34	504,7	H	2	X	4
639	11	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	45	40,5	755,7	H	2	X	5
640	12	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41,5	37	521,4	M	2	X	4
641	13	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	38	34,5	498,5	H	2	X	4
642	14	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	46	41,5	756	H	2	X	5
643	15	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42	38	599,8	M	2	X	4
644	16	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	40,5	36	569,8	M	2	X	4
645	17	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	40,5	36	562,1	M	2	X	3
646	18	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	43,5	39	702,3	H	2	X	5
647	19	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	37	585,8	M	2	X	6
648	20	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41,5	37,5	565,9	M	2	X	5
649	21	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	44	40	670,4	M	2	X	4
650	22	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	39,5	35,5	522	M	2	X	4
651	23	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	36,5	534,6	H	2	X	4
652	24	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	49	43,5	882,3	M	2	X	6
653	25	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	44,5	40	702	M	2	X	4
654	26	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	49	44	921,8	M	2	X	6

655	27	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	46	41	754,1	M	2	X	5
656	28	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	43	38	682,8	M	2	X	3
657	29	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42	37,5	634,8	H	2	X	5
658	30	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Maule_1	MAU_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	40,5	36,5	526,9	M	2	X	4
659	1	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39,5	36	488,1	M	2	X	4
660	2	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	34	472,6	H	2	X	4
661	3	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	36,5	32,5	392,2	M	2	X	4
662	4	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	34	31	331,5	H		X	
663	5	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	33	30	326,5	M	2	X	2
664	6	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	41	38	489,6	M	2	X	4
665	7	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	35,5	444,4	M	2	X	4
666	8	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	36,5	450,9	M	2	X	5
667	9	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	36	424,1	M	2	X	4
668	10	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	35	438,2	M	2	X	4
669	11	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	35	411,9	M	2	X	5
670	12	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38,5	35	541	H	2	X	4
671	13	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	41,5	39	548,9	M	2	X	4
672	14	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	37	498,9	M	2	X	6
673	15	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	55	51,5	1189,7	M	2	X	7
674	16	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	37	473,9	M	2	X	6
675	17	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	35,5	479,5	M	2	X	5
676	18	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	42,5	39,5	565,5	M	2	X	4
677	19	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	36	495,3	M	2	X	4
678	20	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	37,5	34	452,7	M	2	X	2
679	21	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	34	31	340,5	M	2	X	5
680	22	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	36	32,5	389,9	M	2	X	4
681	23	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	35,5	491,3	H	2	X	4
682	24	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	35,5	32	356,3	M	2	X	4
683	25	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	35	31,5	351,1	M	1	X	3

684	26	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	37	34	464,4	M	1	X	3
685	27	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	35	453,4	M	1	X	3
686	28	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38,5	35	494,9	H	1	X	2
687	29	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39,5	35,5	512,1	M	2	X	3
688	30	Don Manuel	Industrial	Cerco	Chile	Maule_2	MAU_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	55	50,5	1182,5	M	2	X	7
689	1	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	37	34	481,3	M		X	
690	2	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	48,5	44	896,6	H		X	
691	3	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	43,5	39,5	676,1	M		X	
692	4	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40	36,5	614,5	M		X	
693	5	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40	36,5	547,6	M		X	
694	6	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40,5	37	557,6	M		X	
695	7	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	37,5	35	531,5	H		X	
696	8	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	43,5	39,5	658,1	M		X	
697	9	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	56,9	51,5	1377,7	M		X	
698	10	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	38	34	471,7	H		X	
699	11	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	51	46	1001	H		X	
700	12	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	41	37	587,4	M		X	
701	13	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	38	34,5	575	M		X	
702	14	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	37	33	431,2	H		X	
703	15	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	45	40,5	754,8	H		X	
704	16	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40,5	36,5	590,9	H		X	
705	17	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	35,8	543,3	H		X	
706	18	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	42	38	627,8	H		X	
707	19	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	35,5	533,8	H		X	
708	20	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	41	37	591,7	H		X	
709	21	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	45,5	37	603,5	H	2	X	4
710	22	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	52	47	1151,2	H	2	X	7
711	23	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39,5	36	492,1	M	2	X	5
712	24	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	42	38	595,6	H	1	X	5

713	25	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	35	531,8	M	2	X	4
714	26	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	35	503,4	M	2	X	4
715	27	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40,5	36	525,6	M	2	X	4
716	28	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	38,5	34,5	510,2	M	2	X	5
717	29	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	36	503,2	H	2	X	5
718	30	Don Edmundo	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_3	IsM_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40	36	520	H	2	X	4
719	1	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	41	600,3	M	2	X	4
720	2	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	41	566,2	M	2	X	3
721	3	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			40	37	520,9	H	2	X	5
722	4	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			41,5	37	507,4	M	2	X	6
723	5	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			39	35,5	490,6	M	2	X	3
724	6	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	39	685,2	M	2	X	6
725	7	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43	38,5	669,3	M	2	X	7
726	8	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43,5	39	666,8	H	2	X	6
727	9	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			45	41	768,8	H	2	X	5
728	10	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			39,5	35,5	523,8	M	2	X	4
729	11	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43	39	687,7	M	2	X	5
730	12	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	39	707,6	H	2	X	5
731	13	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43	38,5	634,2	H	2	X	3
732	14	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			40,5	36,5	522,2	H	2	X	5
733	15	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	40	563,3	M	2	X	4
734	16	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43,5	40	592,4	M	2	X	4
735	17	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			56,5	51,5	1290,8	M	2	X	7
736	18	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			46	41,5	727,1	H	2	X	5
737	19	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			42	38	665,3	M	2	X	5
738	20	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	39,5	704,8	H	2	X	6
739	21	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			42	37,5	607,6	M	2	X	4
740	22	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			44	39,5	689	H	2	X	4
741	23	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43	39	612,5	M	2	X	4

742	24	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			43	38,5	659,9	H	2	X	5
743	25	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			38	34	468,5	H	2	X	4
744	26	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			39	34,5	518,5	H	2	X	4
745	27	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			39	35	465,8	M	2	X	4
746	28	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			38	34	480,3	M	2	X	3
747	29	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			40	36,5	511,1	M	2	X	4
748	30	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile			16-01-2024			45	40	694,1	M	2	X	4
749	1	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	41	781,5	H	2	X	6
750	2	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42,5	38	668,6	H	2	X	5
751	3	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	45	41	777,8	H		X	
752	4	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	38,5	752,3	H	2	X	4
753	5	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42,5	38,5	643,5	M	2	X	4
754	6	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	39	693,5	H	2	X	4
755	7	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	48	42	931,4	M	2	X	5
756	8	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	38,5	34,5	533,6	H	2	X	4
757	9	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	41,5	37,5	620	M	2	X	5
758	10	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	48	42,5	862,1	M	2	X	6
759	11	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	41,5	37	570,7	M	2	X	4
760	12	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	45	40	772,3	M	2	X	4
761	13	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	39	35	509,5	H	2	X	6
762	14	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	39,5	35,5	512,5	M	2	X	4
763	15	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44,5	39,5	731,8	M	2	X	5
764	16	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42	37,5	647,7	H	2	X	5
765	17	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	39	661,8	H	2	X	5
766	18	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42	38,5	719	H	2	X	5
767	19	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	39	706,4	H	2	X	6
768	20	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	48,5	43,5	972,1	H	2	X	6
769	21	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	39,5	714,5	M	2	X	5
770	22	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	53,5	46,5	1149	H	2	X	7

771	23	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	39	651,7	H	2	X	4
772	24	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	39	716,2	M	2	X	5
773	25	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	41	36,5	645,2	H	2	X	5
774	26	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42	38	658	M	2	X	5
775	27	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	45	41,5	789,9	H	2	X	5
776	28	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	40,5	715,1	M	2	X	4
777	29	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44,5	40	702,2	M	2	X	5
778	30	Yelcho I	Industrial	Cerco	Chile	Isla_Mocha_4	IsM_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	39	35,5	530,8	H	2	X	5
779	1	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39	34,5	489,5	M	2	X	3
780	2	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36	32,5	413,5	M	2	X	3
781	3	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39,5	35,5	504,5	H	2	X	4
782	4	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36	33	427,8	H	2	X	4
783	5	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	40	36	537,1	M	2	X	2
784	6	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	33	441,8	H	2	X	3
785	7	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	34,5	508,5	H	2	X	4
786	8	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	33,5	30,5	355,2	H	2	X	4
787	9	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	33	203,1	M	2	X	4
788	10	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39,5	35,5	505,4	M	2	X	4
789	11	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	34,5	486,2	M	2	X	4
790	12	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	34,5	496,1	H	2	X	4
791	13	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	34	31	360,8	H	2	X	2
792	14	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39	35	474,8	H	2	X	4
793	15	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	41,5	37	597,3	H	2	X	4
794	16	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	32,5	412,6	H	2	X	5
795	17	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	35	31,5	336,8	M	2	X	3
796	18	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	33	425,8	H	2	X	3
797	19	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39,5	36	545,5	H	2	X	4
798	20	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	35,5	32	379,4	H	2	X	3
799	21	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39	35	451,3	M	2	X	4

800	22	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	34,5	473,7	M	2	X	4
801	23	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	41	36,5	538,7	H	2	X	5
802	24	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	32,5	412,3	H	2	X	3
803	25	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	33,5	30,5	314,6	H	2	X	4
804	26	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	33,5	410,3	M	2	X	3
805	27	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	34,5	460,5	M	2	X	4
806	28	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	34,5	437	H	2	X	4
807	29	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	35,5	32	381,8	H	2	X	2
808	30	PAM COBRA	Industrial	Cerco	Chile	Golfo_de_Arauco_8	GAR_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	34,5	463,9	H	2	X	5
809	1		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	58	52	1293	M	2	X	7
810	2		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	43,5	631	M	2	X	5
811	3		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	45,5	41	497	M	2	X	6
812	4		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	54,5	48,5	722	M	2	X	7
813	5		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	55	49	1348	M	2	X	7
814	6		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49,5	44,5	1012	M	2	X	5
815	7		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	48,5	43,5	946	M	2	X	8
816	8		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	47,5	42,5	933	M	2	X	5
817	9		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	54	50	1591	M	1	X	4
818	10		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49,5	44,5	1084	H	2	X	7
819	11		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	48,5	44	1020	M	2	X	7
820	12		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	48,5	44	855	M	2	X	7
821	13		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	45	1011	M	2	X	5
822	14		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	50,5	45	1103	M	2	X	7
823	15		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	48	43	760	M	2	X	5
824	16		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	47,5	42,5	703	M	2	X	7
825	17		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	46	42	866	M	2	X	7
826	18		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	45	40	800	M	2	X	5
827	19		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	46	41,5	849	H	2	X	5
828	20		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	44	784	M	2	X	6

829	21		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	53	47	1129	M	2	X	6
830	22		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	44	875	M	1	X	5
831	23		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	50	45,5	956	M	2	X	5
832	24		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	46	41	787	M	2	X	3
833	25		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	50,5	45,5	935	H	2	X	6
834	26		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	59	53	1414	M	2	X	8
835	27		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	51	45	700	M	2	X	6
836	28		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	43,5	39,5	574	M	2	X	6
837	29		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	44	677	M	2	X	7
838	30		Artesanal		Perú	Callao	CAO	25-01-2024	-12,15	-78,01	45	40	722	M	1	X	6
839	1		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	33,5	417	H	2	X	4
840	2		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	33,5	482	M	1	X	5
841	3		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	35,5	553	M	2	X	4
842	4		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38,5	34,5	457	M	2	X	3
843	5		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	36	32	377	M	2	X	4
844	6		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	33,5	429	H		X	5
845	7		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	36	549	M	2	X	6
846	8		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	35,5	518	H	2	X	5
847	9		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38,5	34,5	471	M	2	X	5
848	10		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	33,5	461	H	2	X	5
849	11		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	35,5	565	M	2	X	5
850	12		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	33	448	H	2	X	4
851	13		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	34	502	M	2	X	4
852	14		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38,5	34	493	M	2	X	6
853	15		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	35	521	H	2	X	5
854	16		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38,5	34	536	H	2	X	5
855	17		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	33	412	M	2	X	3
856	18		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	34	465	M	2	X	5
857	19		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	36	519	M	2	X	4

858	20		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	35	517	M	2	X	5
859	21		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	35	485	M		X	
860	22		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	36	549	H		X	
861	23		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	33,5	360	M		X	
862	24		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	34	467	M		X	
863	25		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	35	487	M		X	
864	26		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	36	521	M	2	X	4
865	27		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	36	558	M		X	
866	28		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	34	455	M		X	
867	29		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	34	488	M		X	
868	30		Artesanal		Perú	Chimbote_2	CHB_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	35	539			X	
869	1		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	33	29,5	301	M	2	X	3
870	2		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	33,5	30	324	M	2	X	3
871	3		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	37	33	433	M	2	X	5
872	4		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	33	29	352	H	2	X	3
873	5		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	34,5	31	371	M	2	X	4
874	6		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	31,5	28	265	H	2	X	4
875	7		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35,5	31,5	411	M	2	X	4
876	8		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	36	32	379	M	2	X	3
877	9		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	36	32	381	M	2	X	4
878	10		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	37	33	416	H	2	X	4
879	11		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35	31	355	M	2	X	5
880	12		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35,5	32	361	M	2	X	5
881	13		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	34,5	30,5	344	M	2	X	3
882	14		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35	31,5	348	M	2	X	4
883	15		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35,5	32	393	M		X	
884	16		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	34,5	31	365	M	2	X	4
885	17		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	32	28,5	290	H	2	X	2
886	18		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	37	33	405	H	2	X	5

887	19		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	36	32	380	M	2	X	4
888	20		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35	31	351	M	2	X	3
889	21		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35	31	322	M	2	X	3
890	22		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	36,5	32,5	404	M	2	X	4
891	23		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	37,5	32,5	442	M	2	X	5
892	24		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	33	25	349	M	1	X	2
893	25		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	36	32	404	M	2	X	3
894	26		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	34,5	31,5	379	H	2	X	4
895	27		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	33	29	297	M	2	X	4
896	28		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	34	30	376	M	2	X	3
897	29		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	35	31,5	404	H	2	X	4
898	30		Artesanal		Perú	San_Juan_de_Marcona	SJM	30-01-2024	-15,43	-75,40	37	33	411	M	2	X	4
899	1	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38,5		574	M	2	X	
900	2	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38		618	H	2	X	6
901	3	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	32,8		407	H	2	X	6
902	4	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	36,5		558	M	2	X	7
903	5	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	40		931	H	2	X	6
904	6	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5		698	M	2	X	8
905	7	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	29		211	H	2	X	4
906	8	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	35,8		534	H	2	X	7
907	9	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	41,5		760	M	2	X	6
908	10	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	29,5		278	M	2	X	
909	11	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	27,8		202	M	2	X	4
910	12	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38,5		568	H	2	X	6
911	13	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	36,5		549	M	2	X	
912	14	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	40,5		664	H	2	X	7
913	15	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	31,2		267	M	2	X	4
914	16	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	44,4		1091	H	2	X	7
915	17	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	33,6		411	H	2	X	6

916	18	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	28,8		288	M	2	X	4
917	19	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	30,8		342	M	2	X	5
918	20	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	37		564	M	2	X	6
919	21	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	30		230	M	2	X	4
920	22	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5		681	M	2	X	8
921	23	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38,5		555	M	2	X	5
922	24	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38,5		638	H	2	X	7
923	25	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5		737	H	2	X	7
924	26	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	44,5		915	H	2	X	8
925	27	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	37,8		600	M	2	X	5
926	28	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5		680	M	2	X	6
927	29	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5		698	H	2	X	7
928	30	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	33,2		402	H	2	X	6
929	31	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	33		341	M	2	X	5
930	32	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	32,8		337		2	X	
931	33	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	29		261	H	2	X	
932	34	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,3		855	M	2	X	6
933	35	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	29,2		268	M	2	X	
934	36	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	29,7		291	M	2	X	4
935	37	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	37		569	H	2	X	
936	38	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	31,5		334	H	2	X	
937	39	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	40,6		628	M	2	X	
938	40	KL855 MARGIRIS			Perú	Perú_oceanico_2	POC_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	30,3		290	H	2	X	
939	1	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	37,5	523,7	H	2	X	5
940	2	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	37	478,8	M	2	X	4
941	3	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	42	37	537,2	H	2	X	4
942	4	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38	36,5	466,3	M	2	X	4
943	5	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	36	506	M	2	X	3
944	6	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39	34	528,7	M	2	X	4

945	7	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	37	508,4	M	2	X	4
946	8	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	36	501,3	M	2	X	4
947	9	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38,5	35,5	477,8	H	2	X	4
948	10	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	42	38	560,2	M	2	X	5
949	11	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	36	480,9	M	2	X	4
950	12	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	36,5	495,8	M	2	X	4
951	13	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	36,5	501	H	2	X	5
952	14	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	42	38	559,6	M	2	X	5
953	15	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	36	533,6	M	2	X	4
954	16	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	35,5	535,6	H	2	X	3
955	17	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39	35	433,2	H	2	X	3
956	18	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38,5	35	442,7	H	2	X	4
957	19	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	35,5	465,1	H	2	X	3
958	20	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	35	485,7	H	2	X	4
959	21	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	36	508,1	M	2	X	5
960	22	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	37	34,5	452,9	M	2	X	4
961	23	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	36	489,8	H	2	X	5
962	24	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	41,5	37	544,5	M	2	X	5
963	25	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	41	36,5	522,8	M	2	X	4
964	26	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38,5	34,5	491,6	H	2	X	4
965	27	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	36	469,4	H	2	X	4
966	28	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	36	500,6	M	2	X	4
967	29	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	41,5	37	570,3	H	2	X	6
968	30	Don Jose Miguel			Chile	Caldera_2	CAL_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	35,5	519,9	H	1	X	4
969	1	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40	36	567,7	M	2	X	5
970	2	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	39,5	35	554,5	M	2	X	3
971	3	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38	33,5	415,2	H	2	X	3
972	4	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	41	37	560,2	M	2	X	4
973	5	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	43,5	39	768,2	M	2	X	5

974	6	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38	34	492,9	H	2	X	4
975	7	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40	36	575,8	M	2	X	4
976	8	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	33	29,5	292,5	H	2	X	3
977	9	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40,5	36,5	522,1	H	2	X	3
978	10	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	42,5	38	664,4	H	2	X	5
979	11	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	35,5	32	389,1	M	2	X	3
980	12	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	37,5	34	472,9	H	2	X	2
981	13	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34,5	31	363,3	H	2	X	5
982	14	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38,5	34	474,3	H	2	X	4
983	15	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	37,5	34	435,8	M	2	X	5
984	16	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	36,5	33	418,7	M	2	X	4
985	17	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	37,5	33,5	478,4	H	2	X	5
986	18	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	39,5	35,5	535,4	M	2	X	2
987	19	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	55	50	1423,3	H	2	X	8
988	20	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	59	53,5	1741,7	M	2	X	7
989	21	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	56	50,5	1614,3	M	2	X	8
990	22	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	46	41,5	826,4	H	2	X	7
991	23	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	56,5	51	1389,1	M	2	X	7
992	24	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34	30,5	321,9	M	2	X	2
993	25	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	36	32	411,6	M	2	X	3
994	26	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	53	47,5	1188,1	M	2	X	4
995	27	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	39,5	36	546,4	H	2	X	4
996	28	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	42	37,5	602,9	M	2	X	5
997	29	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	51,5	47	1007,9	M	2	X	5
998	30	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	32	29	1272,2	M	2	X	3
999	31	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34	30,5	309,7	M	2	X	3
1000	32	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40	36	521,2	H	2	X	4
1001	33	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34,5	31	340,4	M	2	X	3
1002	34	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40,6	36,5	542,1	H	2	X	4

1003	35	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	43	39	690,6	M	2	X	2
1004	36	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34,5	31	349,1	M	2	X	2
1005	37	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	43	39	666,1	M	2	X	5
1006	38	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	36	32,5	402	M	2	X	3
1007	39	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38	34,5	465,8	H	2	X	3
1008	40	PAM VENTISQUERO			Chile	Quintero_1	QUI_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	45	37	549,1	M	2	X	5
1009	1	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	34	31	352,8	M	1	X	7
1010	2	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	30	300,6	M	2	X	6
1011	3	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38	34,5	489,2	H	2	X	4
1012	4	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35,5	32	401,7	M	2	X	6
1013	5	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	30	335,2	M	2	X	7
1014	6	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38,5	34,5	525,8	H	2	X	5
1015	7	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	41,5	37	634,6	M	2	X	3
1016	8	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	34,5	31,5	340,7	M	2	X	4
1017	9	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	47,5	43	850,5	M	2	X	6
1018	10	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	55	50	1400,4	H	1	X	4
1019	11	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	32	369,2	M	2	X	4
1020	12	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35	32	393,8	M	2	X	4
1021	13	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39,5	35	507,2	M	2	X	4
1022	14	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	30	335,3	M	2	X	4
1023	15	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36,5	32,5	402,6	M	2	X	4
1024	16	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	32	403,7	M	2	X	3
1025	17	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	32,5	376,2	M	2	X	5
1026	18	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	42,5	38	674,5	M	2	X	4
1027	19	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	40	35,5	568,5	H	2	X	4
1028	20	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39	35	483,6	M	2	X	5
1029	21	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	45	40	760,4	H	2	X	3
1030	22	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	34,5	31	361,9	M	2	X	3
1031	23	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39	34,5	471,4	M	2	X	6

1032	24	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35	31	349,3	M	2	X	7
1033	25	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	30	323,9	M	2	X	3
1034	26	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	32,5	29	298,6	M	2	X	3
1035	27	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	32	365,7	M	2	X	4
1036	28	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38,5	34,5	530,2	M	2	X	3
1037	29	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38	34,5	447,3	M	2	X	4
1038	30	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	32,5	396,1	M	2	X	5
1039	1039	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	51	47	1062,1	M	2	X	2
1040	1040	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	42	38	676,1	H	2	X	4
1041	1041	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36,5	33	460,7	H	2	X	5
1042	1042	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	49	44,5	949,1	H	2	X	4
1044	1044	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	53	48,5	1190,7	M	2	X	4
1045	1045	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39	35	486,2	M	2	X	3
1047	1047	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39,5	36	531,5	M	2	X	5
1048	1048	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35	31,5	377,8	M	2	X	4
1049	1049	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	41	37,5	613,7	M	2	X	4
1050	1050	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	44	40	738,6	M	2	X	3
1051	1051	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	40,5	37	561,4	M	2	X	5
1052	1052	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39	35,5	498,1	M	2	X	5
1053	1053	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35,5	32,5	410,7	M	2	X	4
1054II	1054II	Yelcho I			Chile	Quintero_2	QUI_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38,5	35	505,9	H	2	X	4
1054	1	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	43,5	874,5	H	2	X	6
1055	2	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	44,5	950,8	M	2	X	8
1056	3	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	42	873,8	M	2	X	6
1057	4	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	47	1097,6	H	2	X	7
1058	5	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	42	854	H	2	X	4
1059	6	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	45	41	733,8	M	2	X	3
1060	7	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	41	730,6	H	2	X	7
1061	8	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	48	43,5	1000,1	H	2	X	6

1062	9	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	43	850,4	H	2	X	5
1063	10	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	45	963,5	M	2	X	5
1064	11	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	42,5	39	643,6	H	2	X	5
1065	12	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	47,5	43,5	905,4	M	2	X	5
1066	13	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	40,5	687,8	H	2	X	6
1067	14	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	45	1012,6	H	2	X	6
1068	15	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	41	750,6	M	2	X	5
1069	16	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	41,5	750,1	H	2	X	5
1070	17	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	50	46	975,5	H	2	X	7
1071	18	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	41,5	747,8	M	2	X	6
1072	19	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	48,5	44	928	M	2	X	5
1073	20	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	52	47,5	1213,9	M	2	X	6
1074	21	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	42	855,9	M	2	X	4
1075	22	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	49,5	45	1006	H	2	X	6
1076	23	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	42,5	848,2	M	2	X	6
1077	24	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	45	41	755,1	M	2	X	5
1078	25	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	40	749,7	M	2	X	3
1079	26	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	49,5	45	1065,9	M	2	X	5
1080	27	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	47	1142,7	H	2	X	5
1081	28	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	48	43,5	953,1	H	2	X	5
1082	29	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	40,5	736,3	H	2	X	4
1083	30	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	42	806,5	H	2	X	4
1084	31	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	42,5	831,1	H	2	X	4
1085	32	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	48	44	925,8	M	2	X	4
1086	33	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	40,5	855,3	H	2	X	3
1087	34	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	42	847,3	M	1	X	5
1088	35	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	40	708,1	H	2	X	4
1089	36	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	42	880,7	M	2	X	4
1090	37	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	50,5	46	1118	M	2	X	4

1091	38	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	42,5	38	607,9	H	2	X	4
1092	39	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	49,5	45	1036,1	M	2	X	6
1093	40	RAPANUI	Industrial	Cerco	Chile	Valdivia	VAL	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	47	1053,8	H	2	X	3
1094	1		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	37	33,5	402,1	M	2	X	3
1095	2		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	41	38	581,8	H	2	X	3
1096	3		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	41	692,9	M	2	X	6
1097	4		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	41	37	546,4	M	2	X	5
1098	5		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	39,5	653,6	H	2	X	5
1099	6		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42	38	601,4	H	1	X	6
1100	7		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33,5	30,5	286,9	M	2	X	2
1101	8		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	41	682,3	M	1	X	5
1102	9		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	37	33,5	370,1	H	2	X	4
1103	10		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	50,5	46	1107,4	M	2	X	5
1104	11		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	47	43	802,9	M	2	X	5
1105	12		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	44,5	40,5	687,4	M	2	X	6
1106	13		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	31,5	28,5	265,6	M	2	X	3
1107	14		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	47,5	43,5	918,7	H	2	X	6
1108	15		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	42	334,5	H	2	X	3
1109	16		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	47	44	817,5	M	2	X	5
1110	17		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	36,5	33	412,8	H	2	X	3
1111	18		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	38,5	548,6	H	2	X	6
1112	19		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	40	36,5	518,9	H	2	X	3
1113	20		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33,5	30,5	285,4	M	2	X	1
1114	21		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	39	571,8	M	2	X	4
1115	22		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	35,5	32,5	339,9	M	2	X	2
1116	23		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	35	32,5	336,7	M	2	X	3
1117	24		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	44,5	40,5	697,8	M	2	X	4
1118	25		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	42	675,8	H	2	X	4
1119	26		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33,5	30	292,1	M	2	X	2

1120	27		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	35	32	339,9	H	2	X	3
1121	28		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	34	31	307,8	M	2	X	2
1122	29		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	36,5	33	370,1	M	2	X	3
1123	30		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	40,5	37	504,5	M	2	X	3
1124	31		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42	38,5	629,2	M	2	X	5
1125	32		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	51	47	1030,7	M	2	X	6
1126	33		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33	30,5	322,2	H	2	X	4
1127	34		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33	30,5	273,9	H	2	X	2
1128	35		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	36	33	391	H	2	X	5
1129	36		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	40	37	528,6	H	2	X	4
1130	37		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	43	39	621,6	M	2	X	3
1131	38		Artesanal		Chile	Iquique_4	IQQ_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	40	707,8	M	2	X	6
1132	1-1	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1220			X	
1133	1-2	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1260			X	
1134	1-3	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1285			X	
1135	1-4	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1240			X	
1136	1-5	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1210			X	
1137	1-6	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1225			X	
1138	1-7	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1345			X	
1139	1-8	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1295			X	
1140	1-9	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1235			X	
1141	1-10	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1305			X	
1142	1-11	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1215			X	
1143	1-12	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1325			X	
1144	1-13	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1235			X	
1145	1-14	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1230			X	
1146	1-15	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1295			X	
1147	1-16	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1270			X	
1148	1-17	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1310			X	

1149	1-18	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	NWZ_3	26-04-2024	-48,66	167,14			1235			X	
1150	2-1	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			590			X	
1151	2-2	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			595			X	
1152	2-3	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			540			X	
1153	2-4	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			570			X	
1154	2-5	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			635			X	
1155	2-6	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			600			X	
1156	2-7	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			585			X	
1157	2-8	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			470			X	
1158	2-9	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			605			X	
1159	2-10	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			670			X	
1160	2-11	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			510			X	
1161	2-12	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			575			X	
1162	2-13	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			515			X	
1163	2-14	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			515			X	
1164	2-15	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			530			X	
1165	2-16	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			575			X	
1166	2-17	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			600			X	
1167	2-18	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			785			X	
1168	2-19	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			540			X	
1169	2-20	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			640			X	
1170	2-21	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			480			X	
1171	2-22	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			525			X	
1172	2-23	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			540			X	
1173	2-24	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			580			X	
1174	2-25	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			665			X	
1175	2-26	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			560			X	
1176	2-27	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			605			X	
1177	2-28	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			505			X	

1178	2-29	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			590			X	
1179	2-30	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			575			X	
1180	2-31	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			540			X	
1181	2-32	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			505			X	
1182	2-33	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			510			X	
1183	2-34	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			530			X	
1184	2-35	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			610			X	
1185	2-36	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			595			X	
1186	2-37	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			635			X	
1187	2-38	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			560			X	
1188	2-39	Takatu Sealand	Industrial		Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	NWZ_4	11-04-2024	-47,54	167,11			525			X	

Anexo 2. Asignación de edad a ejemplares de *Trachurus murphyi*

Metodología de procesamiento y análisis de la edad de jurel mediante lectura de anillos de crecimiento anual en otolitos *sagitta*

Extracción de otolitos

Una vez llegadas las muestras provenientes del respectivo puerto de desembarque, en el “Laboratorio Húmedo” del Instituto de Investigación Pesquera se realizó el muestreo biológico de cada ejemplar de jurel, el que incluye, entre otros procedimientos, la extracción de los otolitos, que consiste en realizar un corte oblicuo en el cráneo del individuo, dejando las cápsulas óticas a la vista, para luego extraer ambos otolitos con una pinza de disección (Figura 1).



Figura 1. Extracción de otolitos de jurel *Trachurus murphyi* FIPA N°2023-18.

Almacenamiento de otolitos

Cada par de otolitos se lavó con agua (en una cápsula Petri), y luego se secó con papel absorbente, para luego ser almacenados en cartones rectangulares de 10x14 cm con fondo negro (Figura 2), provistos de 20 cavidades y luego se recubrió cada cavidad con cinta adhesiva para evitar el extravío de las muestras. Cada cartón contiene información referente al número de serie correspondiente al muestreo biológico respectivo, y la fecha de muestreo, la embarcación, especie y lance al reverso.

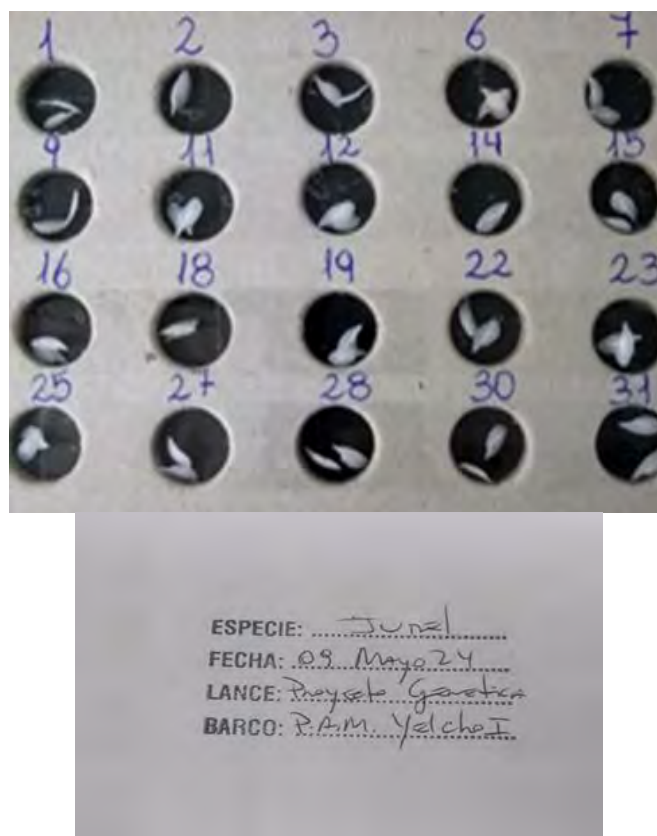


Figura 2. Cartón para guardar otolitos de jurel *Trachurus murphyi* FIPA N°2023-18.

Lectura de los otolitos

Para realizar este procedimiento en jurel se seleccionó el otolito derecho, y sólo cuando éste no estuvo en un estado óptimo para ser leído (quebrado, manchado, difuso, etc.), se utilizó el otolito izquierdo. La observación de éstos se realizó bajo una lupa estereoscópica, marca Zeiss, modelo Stemi SV6, en un aumento 10X. La lectura consiste en un conteo y medición de los anillos de crecimiento (macroincrementos), colocando el otolito en una cápsula Petri con aceite clarificador, sobre un fondo negro (Ojeda et al, 1997) (Figura 3). Los resultados son registrados en planillas de lectura (Figura 4).

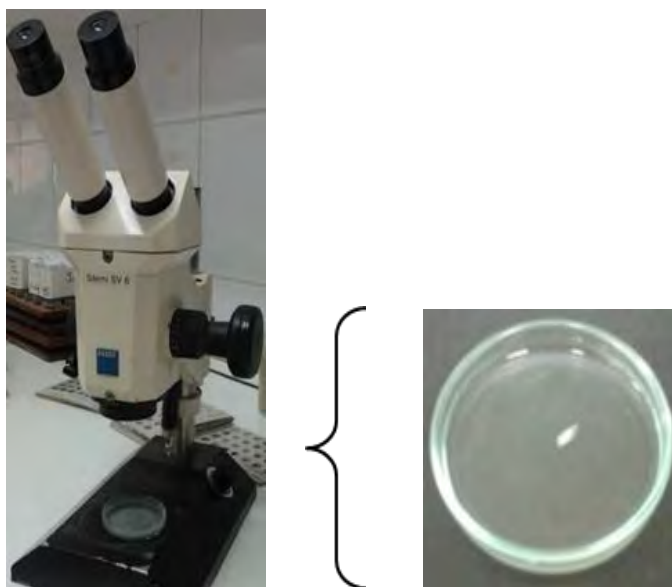


Figura 3. Lupa estereoscópica y cápsula petri con el otolito en su interior.

INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN PESQUERA																																	
VIII REGION																																	
FORMULARIO DE LECTURAS DE EDAD																																	
Especie.....												Mes o Trimestre.....																					
Sexo.....												Lector.....																					
Año.....																																	
Lote	Trimestre	Mes	N° de registro	L. Pz (cm)	Peso pz (g)	Peso OI	Peso OD	R otolito (mm)	RADIO DE LOS ANILLOS ANUALES												N° de caja	N° anillos hialinos	Tipo de borde	Edad	Grupo edad	Fecha	Barco						
									R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9	R10	R11	R12													
																									1								
																																	2
																																	3
																																	4
																																	5
																																	6
																																	7
																																	8
																																	9
																																	10
																																	11
																																	12
																																	13
																																	14
																																	15

Figura 4. Tipo de planilla utilizada para registrar las lecturas de otolitos de jurel *Trachurus murphyi* FIPA N°2023-18.

Medición de los anillos de crecimiento

Las mediciones se realizaron en la cara externa (o cóncava) del otolito derecho. Desde el foco (f) al borde post-rostral se midió el radio total del otolito (Ro) y del foco a cada anillo hialino se midieron los radios (R1....Rn) (Figura 5), para lo cual se utilizó un ocular provisto de una reglilla micrométrica con 100 divisiones (d.m.o) donde cada división corresponde a 0,1 mm.

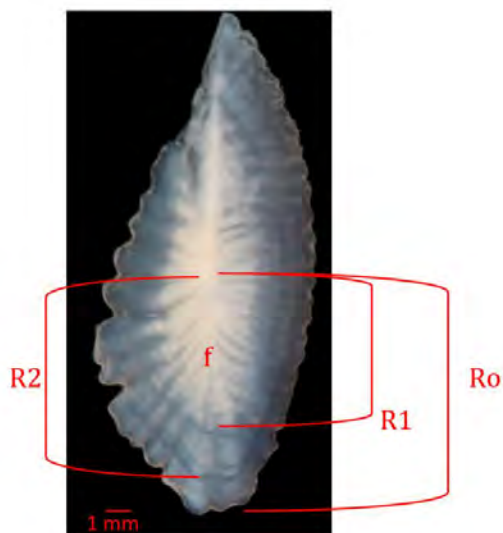


Figura 5. Otolito de jurel, con dos anillos de crecimiento

Se usó iluminación incidente o reflejada desde un ángulo lateral, mediante una fuente de luz fría modelo KL200 de Zeiss (Figura 6), lo que permite que los anillos más estrechos, indicativos de una etapa de crecimiento lento del pez, se vean oscuros (hialinos) y los anillos más anchos, que corresponden a un periodo de crecimiento rápido, se vean blanquecinos (opacos) (Ojeda et al, 1997).



Figura 6. Fuente de luz fría.

Procesamiento de la información: asignación de edad

La edad tiene una connotación biológica y se asigna de acuerdo al número de anillos hialinos anuales presentes en el otolito. La fecha de “nacimient” utilizada para determinar la edad, no necesariamente tiene que coincidir con el nacimiento biológico. En el caso de jurel se ha adoptado como fecha de nacimiento el 1 de enero (Tabla 1). La ventaja de adoptar este sistema consiste en obtener correspondencia entre los años calendario y las clases de edad (Aguayo & Ojeda 1981, Aguayo 1983).

Tabla 1. Esquema de asignación de edad (biológica), grupo de edad (fecha de cumpleaños arbitraria y biológica) y determinación de clase anual



Resultados lectura de anillos de crecimiento anual en otolitos *sagitta*

En el Anexo 1 podrá encontrar el registro completo con la información de edad asignada de cada uno de los ejemplares de jurel para el proyecto FIPA N°2023-18 en la columna llamada “Edad asignada”.

Anexo 3. Morfometría geométrica

Fundamentos Morfometría de Cuerpo

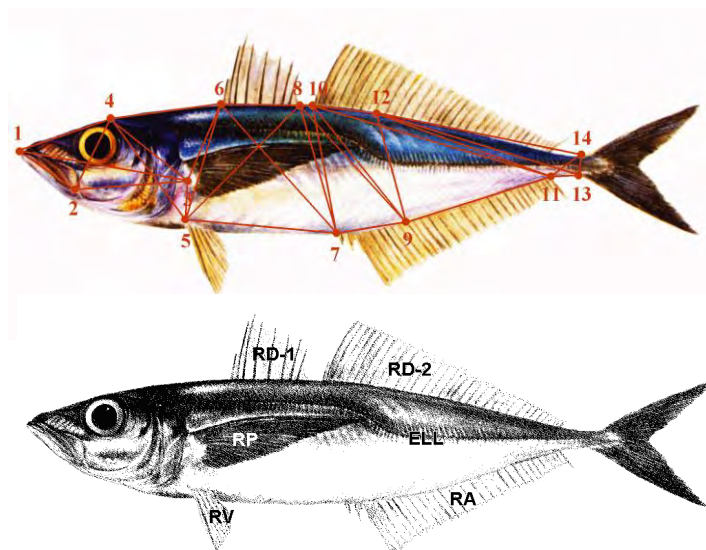
El análisis morfométrico del cuerpo ha sido uno de los métodos más utilizados para la diferenciación de unidades de stocks pesqueros (e.g. Taylor and McPhail, 1985; Melvin et al., 1992; Hurlbut and Clay, 1998; Turan, 2004). El estudio de los caracteres morfométricos, además de ser una de las primeras técnicas en ser usadas para este propósito, ha estado sujeta a numerosos mejoramientos en los años recientes, debido al desarrollo de nuevos métodos y herramientas para registrar, describir y analizar las formas en los peces (Rohlf and Bookstein, 1990; Marcus et al., 1996; Cadrin and Friedland, 1999).

La forma del cuerpo de un pez es definida a partir de la interacción entre factores ambientales y genéticos (Barlow, 1961; Swain & Foote, 1999), especialmente aquellos que ocurren ligados a estados tempranos de desarrollo. Por lo tanto, la forma corporal representa una expresión fenotípica, pero influenciada por variaciones ambientales. Con el crecimiento de los peces, los rasgos morfométricos pueden cambiar entre diferentes localidades, y éstas pueden ser utilizadas para la discriminación de unidades de stocks (Cadrin & Friedland, 1999). De hecho, con este propósito, los caracteres fenotípicos pueden ser complementarios a aquellos puramente genéticos (Casselman et al., 1981; Lear & Wells, 1984; Kinsey et al., 1994; Swain & Foote, 1999). Esto, debido a que un bajo o débil flujo génico puede interferir en la detección de diferencias genéticas significativas. Si bien las diferencias morfométricas entre localidades pueden indicar una fuente de separación poblacional, o la existencia de diferentes unidades de stocks, estas diferencias pueden ser también causadas por la influencia del ambiente y de existir una alta mezcla de individuos de diferentes localidades, las diferencias serían entonces indetectables (Murta et al., 2008).

Metodología análisis morfometría de cuerpo

Para la obtención de las variables morfométricas se siguió la metodología propuesta por Winans (1987), la cual utiliza una red de medidas entrelazadas a través de marcas corporales, tal como se presenta en la **Figura 1**. No obstante, debido a que no todas las medidas se relacionan significativamente con la morfometría del jurel, se propone reducir las posibles combinaciones de medidas a las elegidas por Arancibia et al. (1996) y Hernández et al. (1998), basándose en el trabajo de George –Nascimento y Arancibia, (1992). Estas medidas corresponden a las líneas rectas entre los puntos: (1-2), (1-3), (1-4), (2-3), (2-4), (3-4), (3-6), (4-5), (5-6), (5-8), (6-7), (7-8), (7-10), (8-9), las cuales fueron medidas con una sensibilidad de 1 mm. A efecto de poder contrastar variaciones históricas en la morfometría de cuerpo, se utilizó en este estudio la data analizada por Hernández et al. (1998).

Las combinaciones de medidas entre los números 1 a 5 permitieron una caracterización de la zona de la cabeza del jurel, mientras que la combinación del resto de las medidas son asociables a la forma corporal (ver **Figura 1**).



ELL=Escamas de la línea lateral (Number of lateral-line scales)

RD1=Radios primera aleta dorsal (Number of rays from first dorsal fin)

RD2=Radios segunda aleta dorsal (Number of rays from second dorsal fin)

RP=Radios aleta pectoral (Number of rays from pectoral fin)

RV=Radios aleta ventral (Number of rays from ventral fin)

RA=Radios aleta anal (Number of rays from anal fin)

Figura 1. Puntos de interés para las mediciones de morfometría.

Proceso de obtención de datos y marcas de identificación

A diferencia del estudio de Hernández et al. (1999), donde los peces fueron medidos uno a uno en el laboratorio, mediante compás y mediciones con 1 mm de sensibilidad, y además teniendo en consideración la necesidad de establecer un método validado y estandarizado en las diferentes localidades y centros de obtención de muestras, se optó por establecer un protocolo de trabajo común y realizar el proceso de colecta de datos por medio de digitalización de registros fotográficos de los peces analizados, previo establecimiento de marcas o hitos de referencia en una red de puntos a marcar y acorde a la metodología aplicada en el estudio FIP 2007-27.

Las imágenes fueron obtenidas mediante una cámara fotográfica, montada en un trípode y con el debido marcaje del número de pez y una reglilla de calibración. A su vez, se privilegió que las fotografías fuesen tomadas sin utilizar una fuente de aumento, zoom digital o efectos especiales.

Las fotografías contemplaron la toma de cada ejemplar completo (ver **Figura 1**). Para esto, cada individuo fue montado en una superficie de Poliestireno (PE) blanca, la cual fue previamente socavada para garantizar que el ejemplar se posicionara adecuadamente y recostado sobre esta superficie de forma horizontal.

Para efectos de estandarizar el proceso de medición, cada ejemplar fue dispuesto en la plantilla de PE descansando sobre su costado derecho y con orientación de su cabeza hacia la izquierda (ver fotografía **Figura 2**). Antes de cada fotografía, se utilizó un pié de metro como reglilla de referencia para calibrar la fotografía y para la obtención de posteriores mediciones en ella.

Teniendo en consideración la retracción de las aletas, y con el interés de poder identificar de manera exacta la localización de sus inserciones, se utilizaron alfileres de cabeza coloreada para demarcar adecuadamente las inserciones, previamente a cada registro digital (ver fotografía **Figura 2**). De cada ejemplar fueron tomadas al menos 2 fotografías, las cuales permitieron seleccionar siempre la de mejor calidad y foco existente de cada individuo.



Figura 2. Imagen representativa de un ejemplar de jurel con alfileres en las inserciones de las aletas (hitos o “landmarks”).

Una consideración adicional fue garantizar la mayor nitidez en la fotografía y que la cámara siempre se ubicara en un plano vertical hacia el objeto, razón por la cual se desestimaron o evitaron fotografías en planos inclinados o poco nítidas.

Procesamiento y análisis de las muestras obtenidas

Luego de ser catalogadas y revisadas las fotografías, se verificó su procedencia y desarrollar una base de datos del material existente. Del total de fotografías, se detectó un bajo porcentaje de imágenes sin etiquetas o imágenes con rotulación inadecuada.

Las fotografías obtenidas en formato JPEG fueron analizadas por 2 especialistas, con un software de post-procesamiento de imágenes utilizando la modalidad de medición manual. Para esto, cada fotografía contó con la información de número de muestra y la existencia de una referencia de la escala de medición, la cual para efectos de calibración de dimensiones, permitió que las mediciones se efectuaran con una precisión inferior a 1

mm. El software, de libre uso o dominio público, denominado ImageJ 1.54P programado en lenguaje Java y disponible en el Instituto Nacional de Salud de los Estados Unidos (<https://imagej.nih.gov/ij/>) fue utilizado en el procesamiento de las imágenes. En el análisis de imágenes de previos estudios se utilizó Image Tool para Windows versión 3.00, software desarrollado por el Centro de Salud de la Universidad de Texas en San Antonio.

Cada imagen JPEG, fue calibrada midiendo o estableciendo una línea de referencia de 10 marcas del pié de metro, las que fueron equivalentes a 10 mm de longitud. Luego, se procedió a realizar las mediciones acorde al plan de enlazamiento de hitos morfométricos en la secuencia formulada en la sección de metodología. Cabe señalar que los hitos 1, 2 y 4, por su notoriedad no requirieron ser marcados con alfileres previamente, sino que sus posiciones fueron establecidas digitalmente.

En este software las diferentes medidas fueron efectuadas marcando los puntos de referencia (1-2), (1-3), (1-4), (2-3), (2-4), (3-4), (3-6), (4-5), (5-6), (5-8), (6-7), (7-8), (7-10), (8-9), y su medición fue automáticamente trasladada a una hoja de cálculo, con la cual se logró almacenar las mediciones en archivo digital.

Las mediciones así obtenidas, representaron por cada individuo un total de 14 puntos, los que correspondieron a las coordenadas cartesianas (x,y) y en píxeles de los puntos precitados, más 2 mediciones adicionales correspondientes a la distancia de calibración. Estas mediciones fueron luego llevadas a distancias (en mm) utilizando la siguiente conversión para cada par de hitos morfométricos (1-2), (1-3), (1-4), (2-3), (2-4), (3-4), (3-6), (4-5), (5-6), (5-8), (6-7), (7-8), (7-10), (8-9):

$$Dist = \sqrt{\frac{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2}{(x_{11} - x_{12})^2 + (y_{11} - y_{12})^2}}$$

Donde: (x_i, y_i) representa las coordenadas del primer punto, con $i=1, \dots, 8$.

(x_j, y_j) representa las coordenadas del segundo punto, con $j= 2, \dots, 10$.

$(x_{11}, y_{11}); (x_{12}, y_{12})$ coordenadas de dos puntos situados sobre la reglilla utilizada para la calibración.

Transformación de los datos

Con el objeto de obtener expresiones morfométricas independientes del tamaño del individuo y hacer constante la varianza de los datos se debe recurrir a una función que transforme la información original, siendo esto posible mediante simples transformaciones en proporción de la talla (George –Nascimento y Arancibia, 1992; Arancibia **et al.**, 1995), a través de transformaciones logarítmicas (Schaefer, 1991) o del tipo multivariado (Winans, 1984; Cortes **et al.**, 1996).

Luego de probar cual de estas transformaciones logra remover efectivamente el efecto del tamaño sobre la forma del individuo, mediante el uso de Análisis de Componentes Principales (ACP) para el total de mediciones realizadas en cada función descrita y un Análisis de Covarianzas (ANACOVAS) para las tres primeras componentes principales resultantes de cada ACP, la transformación aplicada inicialmente por Schaefer (1991), aplicada también para el caso del atún de aleta amarilla *Thunnus albacares*, es la que logra de forma más significativa la remoción del efecto de la talla sobre la forma del pez lo que indica que al relacionar linealmente el logaritmo de las mediciones morfométricas con

el logaritmo de la talla en ejemplares de jurel se logra eliminar en gran medida el efecto alométrico del crecimiento en longitud del jurel. De acuerdo a esto, con objeto de obtener componentes libres del efecto de la talla sobre la forma de los peces, se propone usar la función de Schaefer, (1991), Ec. 1, la que se expresa matemáticamente como:

$$\hat{Y}_i = \log(Y_i) - \beta(\log(LH_i) - \log(LHp)) \quad (\text{Ec. 1})$$

donde \hat{Y}_i es la medida transformada del ejemplar i; Y_i la medida original del ejemplar i, LH_i es la longitud de horquilla del ejemplar i, LHp es la longitud de horquilla promedio y β es la pendiente de la regresión del modelo de Schaefer (1991) entre Y_i y LH_i .

En el análisis de los procedimientos de transformación, cabe considerar la metodología y el trabajo publicado por Murta *et al.* (2008), donde para el jurel del Atlántico, *Trachurus trachurus*, proponen el mismo método de transformación para remover el efecto de la talla y la posible relación alométrica entre variables. Este método corrige las variables de acuerdo a la longitud media de todas las muestras individuales por la expresión (Ihssen *et al.*, 1981b; Hurlbut and Clay, 1998):

$$D_c = D \times \left(\frac{\overline{LH}}{LH} \right)^b$$

donde, LH es la longitud horquilla medida para cada ejemplar, D es la distancia antes de la corrección, \overline{LH} es la media de la longitud horquilla total y b la pendiente de la regresión media geométrica (Ricker, 1973) calculada desde la log-transformación de las variables D y LH.

Una fuente de “ruido” o elemento que puede interferir en el proceso de análisis, se basa en la obtención simultánea de las muestras, la madurez sexual de los individuos, de tal forma que idealmente representen grupos de agregaciones reproductivas de este recurso. Para esto se debiera privilegiar individuos pre-desovantes o desovantes obtenidos de cada área o localidad de muestreo.

Análisis estadístico

Los análisis morfométricos implican la incorporación de técnicas multivariadas que permitan el entendimiento del proceso de diferenciación multi-dimensional de la forma de un pez (Pimentel, 1978). De esta manera, para identificar los caracteres morfométricos que explican mayores diferencias entre localidades se aplica un Análisis Discriminante Múltiple (ADM) exploratorio utilizando la localidad como fuente de variación, sobre una matriz de covarianza (Winans, 1987). El software de libre acceso Past 5 (v.5.2, <https://www.nhm.uio.no/english/research/resources/past/>) fue utilizado para la aplicación de este método.

Resultados

Caracterización de las muestras por localidad

En su mayoría, desde las muestras obtenidas, se logró el objetivo de que los peces recolectados fueran de tallas entre 30 y 40 cm LH. La talla media de la totalidad de la muestra es de 37,1 cm LH y el peso medio de 655 g.

La distribución de frecuencia de tallas de toda la muestra se presenta en la **Figura 3**. El rango completo de tallas estuvo entre 28 y 54 cm LH, observándose una talla modal centrada en 36 cm LH. En su mayoría, las muestras obtenidas en las diferentes localidades, centran su distribución de tamaños entre 30 y 40 cm LH (**Figura 4**); sólo los individuos provenientes de naves industriales que realizaron capturas frente a Bahía Mansa (sur de Corral) y frente a Caldera exceden el rango de tallas objetivo, con tallas por sobre los 40 cm LH.

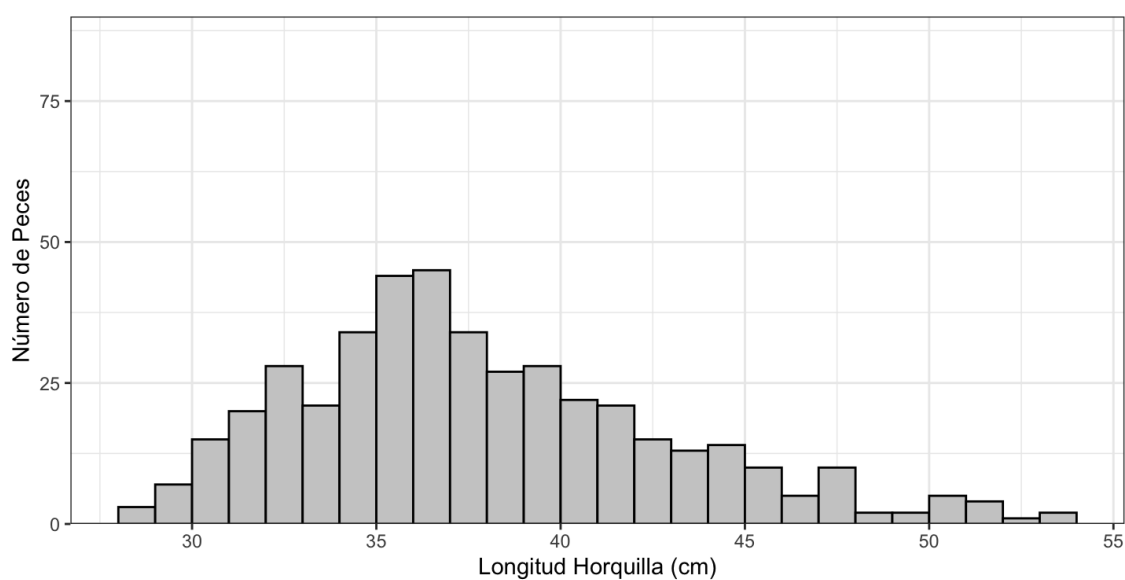


Figura 3. Distribución de frecuencia de los 432 peces.

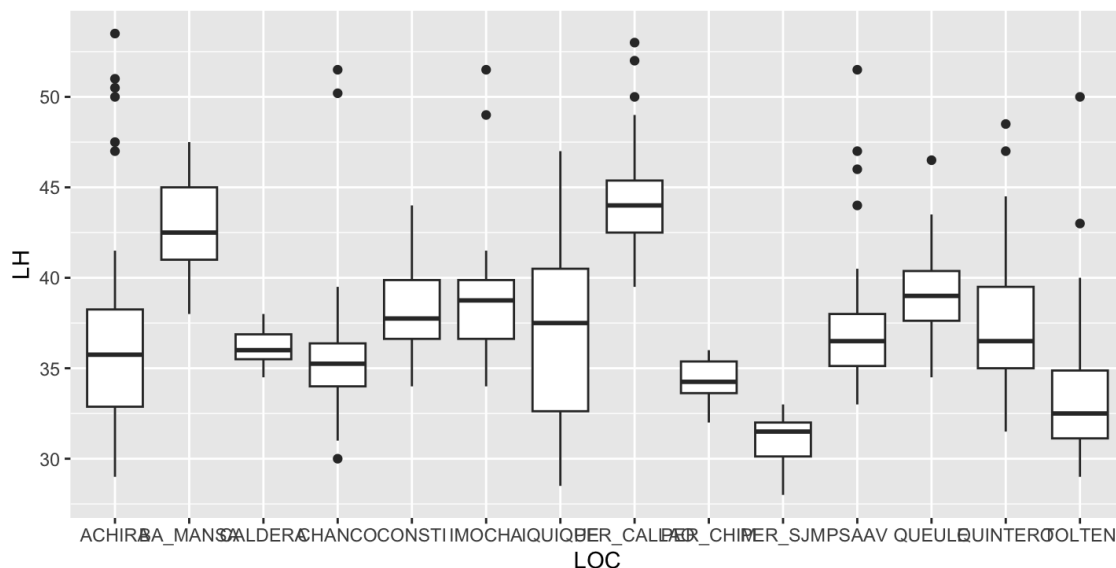


Figura 4. Distribución por tallas (LH cm) de los ejemplares analizados por localidad.

Morfometría de cuerpo (Año 2024)

El análisis de la morfometría del cuerpo fue efectuado sobre un total de 428 ejemplares. En esta colecta, individuos provenientes de las diferentes localidades de la costa chilena, fueron agrupados en macrozona norte (CH_IQ), centro-norte (CH_CA) y centro-sur (CH_CS), por separado se consideraron la Isla Mocha (CHSIM) y el área al sur de Puerto Saavedra (CH_VA). Las muestras provenientes de Perú se mantuvieron separadas (Chimbote = PE_CH; Callao = PE_CA y San José de Marcona = PE_SJM).

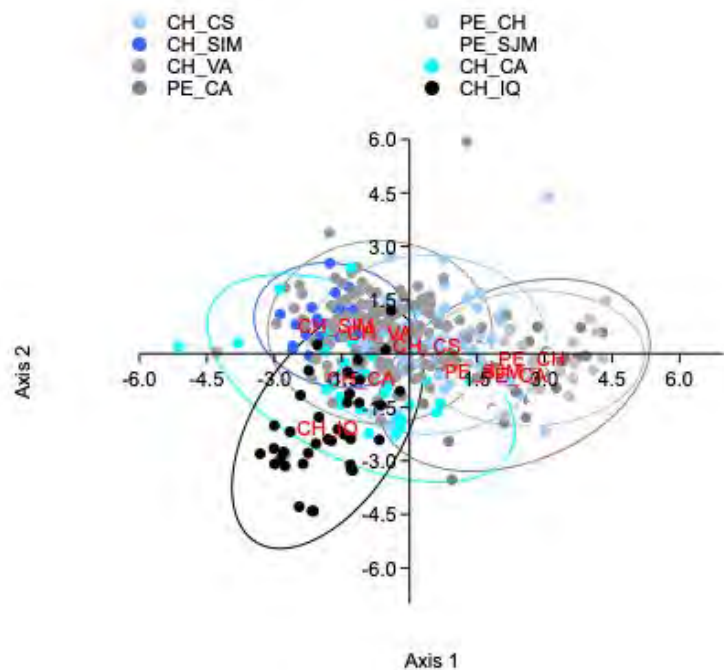


Figura 5. Puntajes de la segunda componente discriminante canónica (19,08%) versus la primera discriminante canónica (56,06%).

Tabla 1. Matriz de confusión entre localidades

	CH_CS	CH_SIM	CH_VA	PE_CA	PE_CH	PE_SJM	CH_CA	CH_IQ	Total
CH_CS	50	10	14	6	8	3	6	3	100
CH_SIM	1	27	1	0	0	0	1	0	30
CH_VA	15	38	63	3	2	4	8	8	141
PE_CA	0	0	1	24	2	2	0	0	29
PE_CH	1	0	0	2	26	2	0	0	31
PE_SJM	2	0	1	2	3	22	0	0	30
CH_CA	2	0	2	0	0	1	25	0	30
CH_IQ	1	1	3	0	0	0	4	28	37
Total	72	76	85	37	41	34	44	39	428

Tabla 2. Valores del estadígrafo F que representan una significancia $p = 0,0028$

	CH_CS	CH_SIM	CH_VA	PE_CA	PE_CH	PE_SJM	CH_CA	CH_IQ
CH_CS		5,017	6,811	5,68	5,726	4,89	4,83	6,651
CH_SIM	5,017		3,642	4,094	4,251	4,164	3,927	4,404
CH_VA	6,811	3,642		8,226	8,821	6,944	6,149	7,43
PE_CA	5,68	4,094	8,226		3,21	3,441	3,377	4,422
PE_CH	5,726	4,251	8,821	3,21		3,722	3,894	4,499
PE_SJM	4,89	4,164	6,944	3,441	3,722		3,822	4,312
CH_CA	4,83	3,927	6,149	3,377	3,894	3,822		3,463
CH_IQ	6,651	4,404	7,43	4,422	4,499	4,312	3,463	

La **Figura 5** resume el análisis discriminante considerando las dos primeras componentes canónicas discriminantes, las que explican 75,14% y utilizando la distancia de Mahalanobis, representa valores de probabilidad $p = 0,0028$ (corregidos por Bonferroni).

En la **Tabla 1**, se presenta la matriz de confusión entre zonas y en la **Tabla 2**, se presentan los valores del estadígrafo F, donde todos son significativos con $p = 0,0028$. Un rasgo importante, se observa en la **Tabla 1**, donde un número relevante de individuos provenientes de localidades de la zona centro-sur contienen atributos del resto de las localidades del norte y centro-norte de Chile. Del mismo modo, se destacan atributos comunes en las 3 caletas de Perú.

Análisis discriminante considerando conjuntamente muestras de 2024 y 2009

La **Figura 6** resume el análisis discriminante considerando las dos primeras componentes canónicas discriminantes, las que explican 62,06% y utilizando la distancia de Mahalanobis, representa valores de probabilidad $p = 0,0091$ (corregidos por Bonferroni).

En la **Tabla 3**, se presenta la matriz de confusión entre zonas y en la **Tabla 4**, se presentan los valores del estadígrafo F, donde todos son significativos con $p = 0,0091$. En

la **Tabla 3**, donde un número relevante de individuos provenientes de localidades de la zona centro-sur contienen atributos del resto de las localidades del norte y centro-norte de Chile. Del mismo modo, se destacan atributos comunes en las 3 caletas de Perú.

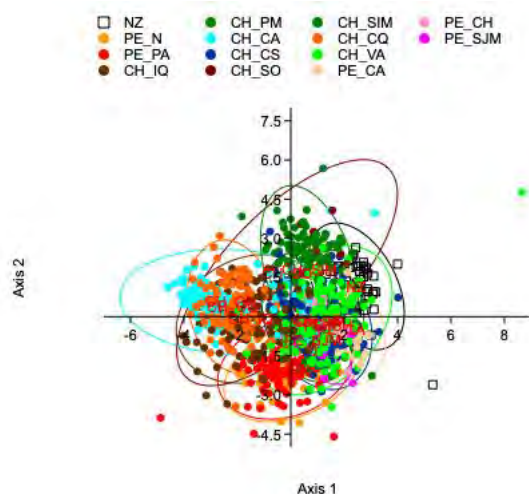


Figura 6. Puntajes de la segunda componente discriminante canónica (21,32%) versus la primera discriminante canónica (40,74%).

Tabla 3. Matriz de confusión entre localidades

	NZ	PE_N	PE_PA	CH_IQ	CH_PM	CH_CA	CH_CS	CH_SO	CH_SIM	CH_CQ	CH_VA	PE_CA	PE_CH	PE_SJM	Total
NZ	49	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	1	0	54
PE_N	0	29	12	0	2	0	0	0	0	1	0	1	0	5	50
PE_PA	0	28	66	2	3	0	0	0	1	1	0	0	1	2	104
CH_IQ	0	1	6	81	2	27	0	1	1	4	10	0	2	4	139
CH_PM	6	5	0	0	57	0	8	3	1	0	0	3	1	8	92
CH_CA	1	0	1	10	3	77	1	2	2	19	13	0	0	1	130
CH_CS	2	4	1	3	17	0	37	6	6	2	32	10	11	5	136
CH_SO	0	0	0	0	0	0	0	6	4	2	0	0	0	0	12
CH_SIM	1	1	0	1	3	0	1	14	75	0	29	1	3	1	130
CH_CQ	0	1	0	1	1	20	0	0	0	76	0	0	1	0	100
CH_VA	2	3	2	7	1	0	6	0	4	0	87	7	8	14	141
PE_CA	2	0	0	1	3	0	0	0	0	0	0	18	3	2	29
PE_CH	0	0	0	0	1	0	2	0	2	0	1	1	20	4	31
PE_SJM	0	1	0	0	2	0	3	0	0	0	1	3	20	30	30
Total	63	73	88	106	96	124	58	33	96	105	172	44	54	66	1178

Tabla 4. Valores del estadígrafo F que representan una significancia $p = 0,0091$

	NZ	PE_N	PE_PA	CH_IQ	CH_PM	CH_CA	CH_CS	CH_SO	CH_SIM	CH_CQ	CH_VA	PE_CA	PE_CH	PE_SJM
NZ		6,949	10,73	12,47	8,617	12,37	12,36	4,237	12,03	11,28	13,06	5,346	5,768	5,871
PE_N	6,949		4,538	10,98	7,424	11,48	9,699	4,078	11,49	10,02	11,83	4,739	5,175	4,257
PE_PA	10,73	4,538		13,93	11,29	14,83	13,29	7,398	15,3	13,84	14,99	8,267	7,986	6,659
CH_IQ	12,47	10,98	13,93		13,69	10,4	13,71	8,327	16,32	13,16	15,55	9,123	8,264	7,402
CH_PM	8,617	7,424	11,29	13,69		14,05	9,61	6,065	13,43	13,52	15,12	6,253	6,129	5,542
CH_CA	12,37	11,48	14,83	10,4	14,05		13,81	6,996	15,64	9,396	15,49	8,555	9,324	8,534
CH_CS	12,36	9,699	13,29	13,71	9,61	13,81		4,418	11,93	15,27	8,18	6,17	6,182	4,894
CH_SO	4,237	4,078	7,398	8,327	6,065	6,996	4,418		2,986	5,783	9,748	2,767	2,823	2,839
CH_SIM	12,03	11,49	15,3	16,32	13,43	15,64	11,93	2,986		15,75	12,48	8,696	8,081	8,125
CH_CQ	11,28	10,02	13,84	13,16	13,52	9,396	15,27	5,783	15,75		17,39	9,197	9,3	8,964
CH_VA	13,06	11,83	14,99	15,55	15,12	15,49	8,18	9,748	12,48	17,39		8,226	8,821	6,944
PE_CA	5,346	4,739	8,267	9,123	6,253	8,555	6,17	2,767	8,696	9,197	8,226		3,21	3,441
PE_CH	5,768	5,175	7,986	8,264	6,129	9,324	6,182	2,823	8,081	9,3	8,821	3,21		3,722
PE_SJM	5,871	4,257	6,659	7,402	5,542	8,534	4,894	2,839	8,125	8,964	6,944	3,441	3,722	

Análisis discriminante 2009 (FIP2007-18)

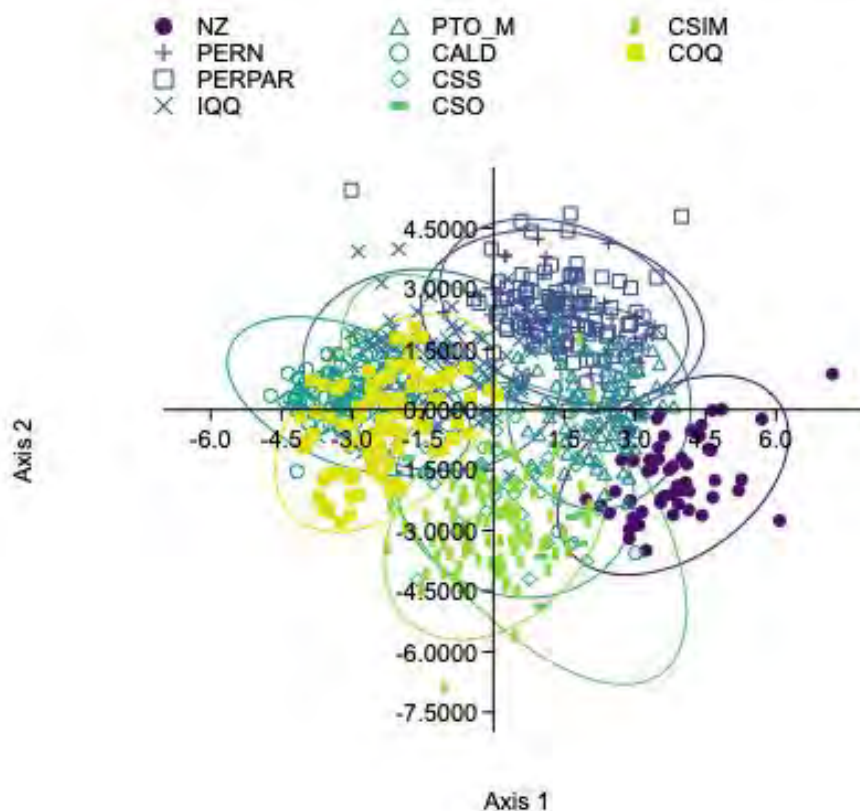


Figura 7. Puntajes de la segunda componente discriminante canónica (30,89%) versus la primera discriminante canónica (47,07%).

En la **Figura 7** se destaca una alta sobreposición entre las localidades, exceptuando la localidad de Nueva Zelanda. La **Tabla 5** contiene el nivel de confusión entre localidades, destacando la baja interacción o re-asignación de individuos de Nueva Zelanda. La **Tabla 6** resume los valores del estadígrafo F, todos valores con una probabilidad $p = 0,001$.

Tabla 5. Matriz de confusión entre localidades

	NZ	PE_N	PE_PA	CH_IQ	CH_PM	CH_CA	CH_CS	CH_SO	CH_SIM	CH_CQ	Total
NZ	52	0	0	0	1	0	0	0	1	0	54
PE_N	0	34	14	0	1	0	1	0	0	0	50
PE_PA	0	26	76	1	0	1	0	0	0	0	104
CH_IQ	0	3	3	84	1	6	0	0	1	4	102
CH_PM	7	5	2	0	75	0	0	1	2	0	92
CH_CA	1	0	0	5	0	83	0	0	2	9	100
CH_CS	1	0	0	0	0	0	33	0	0	2	36
CH_SO	0	0	0	0	0	0	0	8	3	1	12
CH_SIM	0	1	0	2	2	0	3	8	84	0	100
CH_CQ	0	0	0	3	0	19	0	0	0	78	100
Total	61	69	95	95	80	109	37	17	93	94	750

Tabla 6. Valores del estadígrafo F que representan una significancia $p = 0,0045$

	NZ	PE_N	PE_PA	CH_IQ	CH_PM	CH_CA	CH_CS	CH_SO	CH_SIM	CH_CQ
NZ		6,949	10,73	10,74	8,617	11,05	6,431	4,237	10,15	11,28
PE_N	6,949		4,538	9,838	7,424	10,53	5,912	4,078	10,04	10,02
PE_PA	10,73	4,538		13,38	11,29	14,43	9,868	7,398	13,95	13,84
CH_IQ	10,74	9,838	13,38		12,44	11,74	9,085	6,918	13,21	11,59
CH_PM	8,617	7,424	11,29	12,44		13,47	8,634	6,065	12,27	13,52
CH_CA	11,05	10,53	14,43	11,74	13,47		8,975	6,491	13,33	8,032
CH_CS	6,431	5,912	9,868	9,085	8,634	8,975		2,972	8,133	8,302
CH_SO	4,237	4,078	7,398	6,918	6,065	6,491	2,972		4,146	5,783
CH_SIM	10,15	10,04	13,95	13,21	12,27	13,33	8,133	4,146		13,6
CH_CQ	11,28	10,02	13,84	11,59	13,52	8,032	8,302	5,783	13,6	

Análisis del período 1990-1999

En la **Figura 8** se destaca una alta sobreposición entre las localidades. La **Tabla 7** contiene el nivel de confusión entre localidades, destacando la baja interacción o re-

asignación de individuos de Chile sur (CH_PM) y la muestra oceánica (OC). La **Tabla 8** resume los valores del estadígrafo F, todos valores con una probabilidad $p = 0,0021$.

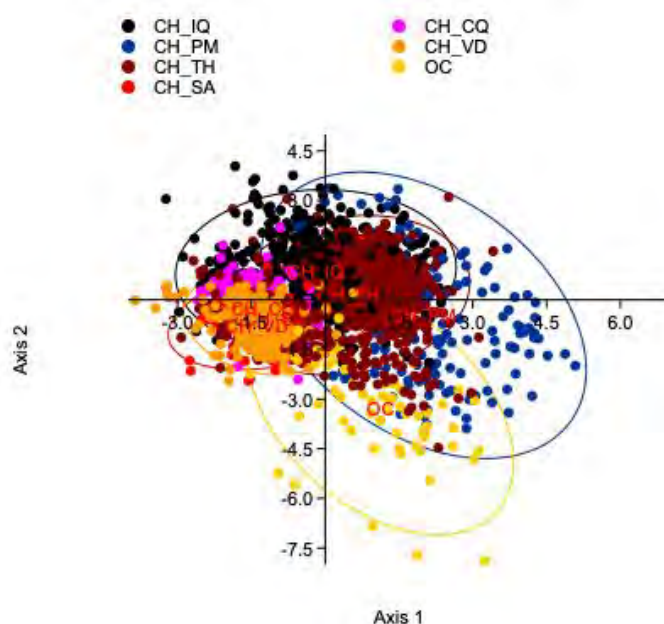


Figura 8. Puntajes de la segunda componente discriminante canónica (33,85%) versus la primera discriminante canónica (49,61%).

Tabla 7. Matriz de confusión entre localidades a lo largo de la costa chilena y una muestra oceánica

	CH_IQ	CH_PM	CH_TH	CH_SA	CH_CQ	CH_VD	OC	Total
CH_IQ	259	30	98	41	89	27	1	545
CH_PM	23	92	20	0	2	1	27	165
CH_TH	156	75	565	96	63	45	37	1037
CH_SA	6	0	37	113	41	48	0	245
CH_CQ	3	1	0	41	119	46	0	210
CH_VD	1	0	3	31	62	103	0	200
OC	0	2	4	1	0	6	49	62
Total	448	200	727	323	376	276	114	2464

Tabla 8. Valores del estadígrafo F

	CH_IQ	CH_PM	CH_TH	CH_SA	CH_CQ	CH_VD	OC
CH_IQ		24,74	28,57	24,54	20,66	27,32	28,59
CH_PM	24,74		29,76	22,83	23,93	23,3	10,45
CH_TH	28,57	29,76		29,55	34,62	36,14	35,12
CH_SA	24,54	22,83	29,55		8,825	9,361	17,81
CH_CQ	20,66	23,93	34,62	8,825		8,351	17,13
CH_VD	27,32	23,3	36,14	9,361	8,351		15,58
OC	28,59	10,45	35,12	17,81	17,13	15,58	

Análisis discriminante de la totalidad de las muestras

En la **Figura 9** se destaca una alta sobreposición entre las localidades. La **Tabla 9** contiene el nivel de confusión entre localidades, destacando la baja interacción o re-asignación de individuos de Chile sur (CH_PM) y la muestra oceánica (OC). La **Tabla 10** resume los valores del estadígrafo F, todos valores con una probabilidad $p = 0,0021$.

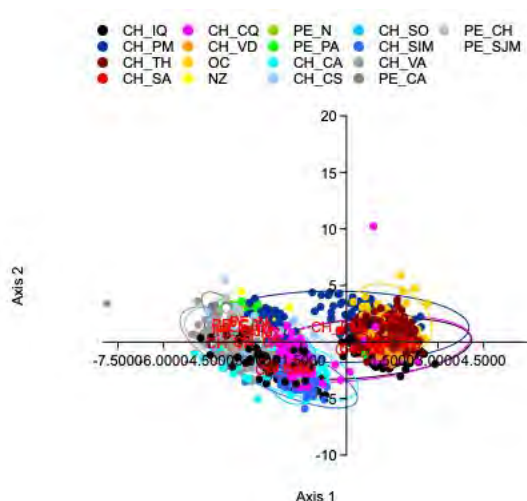


Figura 9. Puntajes de la segunda componente discriminante canónica (33,85%) versus la primera discriminante canónica (49,61%).

Tabla 9. Matriz de confusión basada en los rasgos morfométricos para 18 localidades de Perú, Chile y Nueva Zelanda considerando un total de 3642 peces (1990-1999, 2009, 2023-2024).

	CH_IQ	CH_PM	CH_TH	CH_SA	CH_CQ	CH_VD	OC	NZ	PE_N	PE_PA	CH_CA	CH_CS	CH_SO	CH_SIM	CH_VA	PE_CA	PE_CH	PE_SJM	Total
CH_IQ	197	10	172	86	21	58	4	19	2	7	46	2	0	33	20	0	2	5	684
CH_PM	23	58	30	5	5	2	42	34	18	16	1	11	1	2	0	1	0	8	257
CH_TH	75	14	682	142	14	72	38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1037
CH_SA	1	1	42	138	7	56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	245
CH_CQ	28	0	7	80	17	78	3	8	2	0	26	3	47	11	0	0	0	0	310
CH_VD	3	0	11	40	9	137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	200
OC	0	0	4	3	0	8	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	62
NZ	0	0	0	0	0	0	0	40	4	0	3	1	2	0	0	0	1	3	54
PE_N	0	0	0	0	0	0	0	0	34	10	0	2	0	0	0	0	0	4	50
PE_PA	0	0	0	0	0	1	0	3	31	57	0	1	0	2	1	1	0	7	104
CH_CA	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	76	1	13	8	23	1	2	3	130
CH_CS	0	0	0	0	0	0	0	4	9	0	2	32	24	5	38	4	7	11	136
CH_SO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	8	2	0	0	0	0	12
CH_SIM	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	18	1	29	50	30	1	0	0	130
CH_VA	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	5	0	3	99	5	9	17	141
PE_CA	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	1	0	0	0	1	18	5	1	29
PE_CH	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	3	4	21	1	31
PE_SJM	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	3	0	0	2	1	3	17	30
Total	327	83	948	494	74	412	134	113	104	94	176	63	124	116	217	36	50	77	3642

Tabla 10. Valores de F obtenidos para pares de localidades (valor de probabilidad corregidos por Bonferroni = 0,0153)

	CH_IQ	CH_PM	CH_TH	CH_SA	CH_CQ	CH_VD	OC	NZ	PE_N	PE_PA	CH_CA	CH_CS	CH_SO	CH_SIM	CH_VA	PE_CA	PE_CH	PE_SJM
CH_IQ		33,69	40,76	26,83	23,74	26,51	32,34	26,59	32,37	39,64	34,51	38,16	15,55	37,61	45,48	25,67	24,44	21,01
CH_PM	33,69		49,64	28,5	27,9	28,17	14,04	8,961	10,3	14,73	21,75	17,72	8,095	22,56	24,94	14,36	15,6	9,949
CH_TH	40,76	49,64		29,55	51,69	36,14	35,12	82,13	81,79	86,58	88,48	88,81	73,84	88,28	89,22	79,03	79,31	79,25
CH_SA	26,83	28,5	29,55		14,35	9,361	17,81	22,66	22,34	26,55	28,52	28,93	19,08	28,5	29,35	20,68	20,83	20,79
CH_CQ	23,74	27,9	51,69	14,35		12,72	20,55	19,71	22,79	27,99	20,43	24,01	5,35	21,1	32,44	21,34	21,23	20,67
CH_VD	26,51	28,17	36,14	9,361	12,72		15,58	19,26	19,96	23,13	25,11	25,54	15,89	25,09	25,93	17,32	17,47	17,41
OC	32,34	14,04	35,12	17,81	20,55	15,58		8,663	8,375	12,51	14,46	14,89	5,418	14,44	15,31	6,756	6,919	6,847
NZ	26,59	8,961	82,13	22,66	19,71	19,26	8,663		6,684	10,15	10,42	10,37	4,126	11,5	12,82	5,694	5,943	5,244
PE_N	32,37	10,3	81,79	22,34	22,79	18,96	8,375	6,684		11,4	9,317	4,135	11,38	11,87	8,336	5,575	4,175	
PE_PA	39,64	14,73	86,58	26,55	27,99	23,13	12,51	10,15	4,558		14,82	12,68	7,087	14,97	15,16	8,265	7,796	6,266
CH_CA	34,51	21,75	88,48	28,52	20,43	25,11	14,46	10,42	11,4	14,82		13,09	5,077	10,47	15,43	8,33	8,971	8,373
CH_CS	38,16	17,72	88,81	28,93	24,01	25,54	14,89	10,37	9,317	12,68	13,09		4,312	11,31	8,77	7,004	6,832	5,243
CH_SO	15,55	8,095	73,84	19,08	5,35	15,89	5,418	4,126	4,135	7,087	5,077	4,312		2,806	9,51	2,825	2,998	2,831
CH_SIM	37,61	22,56	88,28	28,5	21,1	25,09	14,44	11,5	11,38	14,97	10,47	11,31	2,806		13,1	9,782	9,77	8,723
CH_VA	45,48	24,94	89,22	29,35	32,44	25,93	15,31	12,82	11,87	15,16	15,43	8,77	9,51	13,1		8,226	8,621	6,944
PE_CA	25,67	14,36	79,03	20,68	21,34	17,32	6,756	5,694	5,336	8,265	8,33	7,004	2,825	9,782	8,226		3,21	3,441
PE_CH	24,44	15,6	79,31	20,83	21,23	17,47	6,919	5,943	5,575	7,796	8,971	6,832	2,998	9,77	8,621	3,21		3,722
PE_SJM	21,01	9,949	79,25	20,79	20,67	17,41	6,847	5,244	4,175	6,266	8,373	5,243	2,831	8,723	6,944	3,441	3,722	

Conclusiones

De los análisis morfométricos realizados se puede concluir lo siguiente:

Los 14 hitos morfométricos seleccionados permiten un adecuado nivel de discriminación de la forma corporal del jurel y caracterización de los peces provenientes de diferentes localidades.

Este análisis, basado en la recolección de hitos morfométricos y obtención de fotografías digitales bajo un procedimiento estándar de marcado de peces, permite un método costo-efectivo que puede utilizarse adecuadamente para un seguimiento de hitos que permitan caracterizar atributos fenotípicos de diversas localidades en el área de distribución del jurel.

Si bien, el uso de estos hitos permite un satisfactorio nivel de caracterización de los peces provenientes por localidades, se detecta un alto grado de mezcla o sobreposición con otras localidades.

El jurel proveniente de la localidad de Nueva Zelanda (NZ) muestra atributos específicos que se alejan del resto de las localidades. Cabe destacar que en términos de tamaño, NZ tiene tallas medias que superan los 45 cm LH; mientras que el resto de las localidades muestran tallas medias menores a 40 cm LH y una mayor superposición de rangos de tamaños. Si bien se utilizó una transformación que pondera este efecto, factores de crecimiento alométrico y condicionado al hábitat en el cual los peces asociados a nueva Zelandia han crecido, podrían ser causales de las diferencias encontradas.

Referencias

- Arancibia, H., L. Cubillos, F. Alay, F. González, J.F. Gavilán, A. Hernández, R. Alarcón, S. Núñez, L. Miranda & M. George-Nascimento. 1996.** Unidades de stock en el recurso jurel de la I a XI Regiones. Informe Final Proyecto FIP 1994-19: 165 pp.
- Cadrin, S.X. & K.D. Friedland. 1999.** Advances in morphometric analysis of fish stock structure. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*. 10: 91 - 112.
- George-Nascimento, M. & H. Arancibia. 1992.** Stock ecológicos del jurel (*Trachurus symmetricus murphyi* Nichols) en tres zonas de pesca frente a Chile, detectados mediante comparación de su fauna parasitaria y morfometría. *Revista Chilena de Historia Natural* 65, 453-470.
- Hernández, A., A. Sepúlveda & L. Miranda. 1998.** Morfometría y merística del jurel (*Trachurus symmetricus murphyi*) a lo largo de Chile. En Arcos, D (ed). *Biología y ecología del jurel en aguas chilenas*. Instituto de Investigación Pesquera, Talcahuano, 47-63 pp.
- Hurlbut T. & D. Clay, 1998.** Morphometric and meristic differences between shallow- and deep-water populations of white hake (*Urophycis tenuis*) in the southern Gulf of St. Lawrence. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 55 (10): 2274–2282.

- Ihssen, P.E., Boone, H.E., Casselman, J.M., McGlade, J.M., Payne, N.R., Utter, F.M., 1981.** Stock identification: materials and methods. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 38: 1838-1855.
- Marcus, L. E, 1990** Traditional Morphometrics. *In* Rohlf, F.J. and Bookstein, E (eds), Proceedings of the Michigan Morphometrics Workshop. University of Michigan Museum of Zoology Special, 1: 95-130.
- Melvin, G. D., M. J. Dadswell & J. A. McKenzie 1992.** Usefulness of meristic and morphometric characters in discriminating populations of American shad (*Alosa sapidissima*) (Osteichthyes: Clupeidae) inhabiting a marine environment. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 49: 266–280.
- Murta, A. G., A. Pinto & P. Abaunza 2008.** Stock identification of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) through the analysis of body shape. Fisheries Research 89: 152-158.
- Pimentel, R. 1978.** Morphometrics: the multivariate analysis of biological data. Ken Vertrees Printer. Santa Maria California, USA. 150 p.
- Rohlf, F. J. and F. J. Bookstein (Eds). 1990.** Proceedings of the Michigan Morphometrics Workshop. Ann Arbor, MI: University of Michigan Museums.
- Schaefer, K. 1991.** Geographic variation in morphometric characters and gill-raker counts of yellowfin tuna *Thunnus albacares* from the Pacific Ocean. Fishery Bulletin 89:289-297.

- Taylor E. B. & J. D. McPhail 1985.** Variation in body morphology among British Columbia populations of coho salmon, *Oncorhynchus kisutch*. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 42 (12): 2020-2028.
- Turan, C. 2004.** Stock identification of Mediterranean horse mackerel (*Trachurus mediterraneus*) using morphometric and meristic characters. ICES J. Mar. Sci., 61: 774-781.
- Winans, G. 1987.** Using morphometric and meristic characters for identifying stocks of fish. National Marine Fisheries Service Northwest and Alaska Fisheries Center. NOAA Technical Memorandum NMIS- SEFC. 199: 25-62.

Anexo 4. Loci SNPs de *Trachurus murphyi*
seleccionados para ser validados con
tecnología GTseek e incluidos en el panel de
monitoreo de diversidad genética

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
1	Adaptive DAPC	73477698-50-T/A	39	Adaptive DAPC	73499403-50-A/T
2	Adaptive DAPC	100153783-5-G/A	40	Adaptive DAPC	73499645-64-T/A
3	Adaptive DAPC	100154761-25-G/A	41	Adaptive DAPC	73486243-55-C/T
4	Adaptive DAPC	73468854-49-T/G	42	Adaptive DAPC	73498675-15-C/A
5	Adaptive DAPC	100174733-18-G/T	43	Adaptive DAPC	73503892-17-C/A
6	Adaptive DAPC	100176114-53-T/A	44	Adaptive DAPC	100173569-20-G/C
7	Adaptive DAPC	73488107-68-C/A	45	Adaptive DAPC	75977057-64-C/T
8	Adaptive DAPC	100191451-65-G/T	46	Adaptive DAPC	73492533-53-C/A
9	Adaptive DAPC	100193168-50-C/A	47	Adaptive DAPC	100176621-11-A/T
10	Adaptive DAPC	73497040-44-G/C	48	Adaptive DAPC	100194758-64-G/A
11	Adaptive DAPC	100204113-10-C/A	49	Adaptive DAPC	73487426-52-T/A
12	Adaptive DAPC	73492349-42-G/A	50	Adaptive DAPC	73497940-47-T/C
13	Adaptive DAPC	73476451-22-C/A	51	Adaptive DAPC	75977686-51-G/A
14	Adaptive DAPC	73491754-53-G/C	52	Adaptive DAPC	73496327-20-C/A
15	Adaptive DAPC	73477280-64-A/C	53	Adaptive DAPC	73491575-17-C/T
16	Adaptive DAPC	100208881-7-G/T	54	Adaptive DAPC	73478530-19-A/C
17	Adaptive DAPC	73496569-39-G/C	55	Adaptive DAPC	100234822-19-C/T
18	Adaptive DAPC	73485673-64-A/C	56	Adaptive DAPC	73501498-45-G/T
19	Adaptive DAPC	73497316-52-T/C	57	Adaptive DAPC	100246992-6-G/T
20	Adaptive DAPC	100220951-8-T/A	58	Adaptive DAPC	73494181-44-C/A
21	Adaptive DAPC	100225710-53-G/A	59	Adaptive DAPC	73499343-9-T/G
22	Adaptive DAPC	73484960-49-T/A	60	Adaptive DAPC	73496366-21-T/C
23	Adaptive DAPC	73499542-8-C/G	61	Adaptive DAPC	75978370-29-T/A
24	Adaptive DAPC	73493541-63-A/T	62	Adaptive DAPC	73496053-18-C/T
25	Adaptive DAPC	73473139-62-G/C	63	Adaptive DAPC	73496316-9-C/T
26	Adaptive DAPC	73493898-60-G/T	64	Adaptive DAPC	73490198-13-C/T
27	Adaptive DAPC	73483956-9-T/G	65	Adaptive DAPC	73487837-28-A/C
28	Adaptive DAPC	73491318-19-A/T	66	Adaptive DAPC	73502973-53-G/A
29	Adaptive DAPC	73477334-34-G/T	67	Adaptive DAPC	73500414-31-G/T
30	Adaptive DAPC	73484235-66-C/A	68	Adaptive DAPC	73501492-46-A/T
31	Adaptive DAPC	75978886-38-T/C	69	Adaptive DAPC	75978706-68-C/G
32	Adaptive DAPC	73476660-26-T/A	70	Adaptive DAPC	73495773-17-G/A
33	Adaptive DAPC	73492687-27-C/G	71	Adaptive DAPC	75976957-22-C/G
34	Adaptive DAPC	73500248-67-G/T	72	Adaptive DAPC	73502900-29-G/T
35	Adaptive DAPC	73487663-66-G/T	73	Adaptive DAPC	100245599-7-A/C
36	Adaptive DAPC	73496316-57-C/G	74	Adaptive DAPC	73493861-25-G/C
37	Adaptive DAPC	73491627-45-G/T	75	Adaptive DAPC	73500126-11-C/A
38	Adaptive DAPC	73498071-57-C/T	76	Adaptive DAPC	73497126-8-G/A

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
77	Adaptive DAPC	73497445-31-G/A	115	Neutral DAPC	73499769-27-G/A
78	Adaptive DAPC	73500415-63-C/T	116	Neutral DAPC	73497780-57-A/G
79	Adaptive DAPC	73498115-56-C/G	117	Neutral DAPC	73493800-44-G/T
80	Neutral DAPC	73478461-41-A/G	118	Neutral DAPC	73501223-32-T/C
81	Neutral DAPC	73475892-17-G/T	119	Neutral DAPC	73491000-24-C/A
82	Neutral DAPC	73492712-54-C/T	120	Neutral DAPC	73500020-6-A/G
83	Neutral DAPC	73485151-31-A/G	121	Neutral DAPC	73477982-47-G/A
84	Neutral DAPC	73484808-6-A/G	122	Neutral DAPC	73500259-66-T/G
85	Neutral DAPC	73485678-51-A/G	123	Neutral DAPC	73502068-51-T/G
86	Neutral DAPC	73497708-44-C/T	124	Neutral DAPC	73497815-35-G/C
87	Neutral DAPC	73491997-48-C/T	125	Neutral DAPC	73497822-15-T/C
88	Neutral DAPC	73488319-34-G/T	126	Neutral DAPC	73502818-8-T/C
89	Neutral DAPC	73492186-64-G/T	127	Neutral DAPC	73497481-55-G/A
90	Neutral DAPC	73485750-34-T/G	128	Neutral DAPC	73502070-35-G/C
91	Neutral DAPC	73492616-27-A/C	129	Neutral DAPC	73493561-11-A/C
92	Neutral DAPC	73478442-26-T/C	130	Neutral DAPC	73498127-23-A/T
93	Neutral DAPC	73495261-34-C/G	131	Neutral DAPC	73499721-10-T/G
94	Neutral DAPC	73484597-68-C/A	132	Neutral DAPC	73500929-7-T/C
95	Neutral DAPC	73501440-8-G/C	133	Neutral DAPC	73496524-8-C/A
96	Neutral DAPC	73496195-19-A/T	134	Neutral DAPC	73498984-7-C/G
97	Neutral DAPC	73484904-6-A/G	135	Neutral DAPC	73501979-16-A/G
98	Neutral DAPC	73491991-39-C/A	136	Neutral DAPC	73504563-53-A/C
99	Neutral DAPC	73496994-51-A/G	137	Neutral DAPC	73487631-16-G/A
100	Neutral DAPC	73497707-46-T/G	138	Neutral DAPC	73484676-39-G/A
101	Neutral DAPC	73489392-5-A/G	139	Neutral DAPC	73476883-65-A/T
102	Neutral DAPC	73487865-64-C/T	140	Neutral DAPC	73477966-16-C/T
103	Neutral DAPC	73494237-32-A/C	141	Neutral DAPC	73478643-34-A/C
104	Neutral DAPC	73501497-27-G/A	142	Neutral DAPC	73491893-59-T/G
105	Neutral DAPC	73485779-28-A/C	143	Neutral DAPC	73493913-32-G/C
106	Neutral DAPC	75978707-49-A/G	144	Neutral DAPC	73486763-32-C/T
107	Neutral DAPC	73497864-57-C/G	145	Neutral DAPC	73484989-58-C/T
108	Neutral DAPC	73502650-28-C/G	146	Neutral DAPC	73486602-36-G/C
109	Neutral DAPC	73499373-61-T/C	147	Neutral DAPC	73494128-16-A/T
110	Neutral DAPC	73499599-37-A/T	148	Neutral DAPC	73493136-49-T/A
111	Neutral DAPC	73491410-28-G/T	149	Neutral DAPC	73483852-61-C/T
112	Neutral DAPC	73502235-31-A/G	150	Neutral DAPC	73486136-29-A/C
113	Neutral DAPC	73503873-23-G/A	151	Neutral DAPC	73492920-31-C/T
114	Neutral DAPC	73491829-38-G/C	152	Neutral DAPC	73497563-5-G/A

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
153	Neutral DAPC	100252734-13-G/A	191	Neutral DAPC	73475656-19-T/C
154	Neutral DAPC	73491055-58-G/C	192	Neutral DAPC	73496328-56-G/C
155	Neutral DAPC	73492883-22-A/T	193	Neutral DAPC	73492388-27-G/C
156	Neutral DAPC	73493068-53-G/A	194	Neutral DAPC	73491229-25-C/T
157	Neutral DAPC	73497432-32-A/C	195	Neutral DAPC	73496967-56-C/T
158	Neutral DAPC	73485408-14-C/A	196	Neutral DAPC	73498707-5-C/T
159	Neutral DAPC	73492657-26-G/C	197	Neutral DAPC	73495951-45-C/A
160	Neutral DAPC	73483762-16-C/T	198	Neutral DAPC	73493278-32-T/A
161	Neutral DAPC	73484875-40-T/C	199	Neutral DAPC	73492211-8-A/G
162	Neutral DAPC	73485185-8-T/C	200	Neutral DAPC	73496460-12-T/C
163	Neutral DAPC	75979290-32-A/G	201	Neutral DAPC	73498019-17-A/C
164	Neutral DAPC	73487589-53-A/G	202	Neutral DAPC	73500702-45-T/C
165	Neutral DAPC	73489267-20-G/C	203	Neutral DAPC	73500713-46-C/T
166	Neutral DAPC	73500068-66-T/C	204	Neutral DAPC	73504235-5-C/A
167	Neutral DAPC	73493280-27-T/C	205	Neutral DAPC	73504149-43-C/T
168	Neutral DAPC	73488101-32-A/T	206	Neutral DAPC	73498146-47-G/A
169	Neutral DAPC	73476644-59-A/T	207	Neutral DAPC	73502229-57-C/T
170	Neutral DAPC	73492904-30-G/C	208	Neutral DAPC	73494289-50-A/G
171	Neutral DAPC	73500569-54-T/A	209	Neutral DAPC	73492129-28-A/C
172	Neutral DAPC	73502478-11-T/C	210	Neutral DAPC	73490610-17-G/A
173	Neutral DAPC	73495919-46-A/T	211	Neutral DAPC	73490982-14-T/A
174	Neutral DAPC	73501448-34-C/A	212	Neutral DAPC	73499863-11-T/C
175	Neutral DAPC	73501692-24-G/A	213	Neutral DAPC	73503045-68-A/G
176	Neutral DAPC	73492731-11-G/T	214	Neutral DAPC	73490971-35-C/A
177	Neutral DAPC	73500128-28-T/G	215	Neutral DAPC	73504669-46-C/T
178	Neutral DAPC	73491630-37-G/T	216	Neutral DAPC	73503620-31-T/A
179	Neutral DAPC	73502803-55-C/G	217	Neutral DAPC	73504256-46-T/C
180	Neutral DAPC	75978573-34-C/G	218	Neutral DAPC	73505888-41-G/T
181	Neutral DAPC	73499007-41-T/C	219	High Fst	100150624-37-G/T
182	Neutral DAPC	73504122-63-A/T	220	High Fst	100156295-20-A/G
183	Neutral DAPC	73502143-50-G/A	221	High Fst	100179248-11-A/C
184	Neutral DAPC	73476950-56-C/T	222	High Fst	100180150-52-G/A
185	Neutral DAPC	73491398-38-G/T	223	High Fst	100196456-39-T/C
186	Neutral DAPC	73484997-67-T/A	224	High Fst	100196878-66-C/A
187	Neutral DAPC	73485340-37-T/C	225	High Fst	100204142-44-A/C
188	Neutral DAPC	73491239-21-C/T	226	High Fst	100217435-48-T/C
189	Neutral DAPC	73493467-21-T/C	227	High Fst	100226764-23-G/A
190	Neutral DAPC	73494200-7-C/A	228	High Fst	100237728-68-C/A

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
229	High Fst	100239385-48-C/A	267	Sex	73475655-14-C/T
230	High Fst	100262284-44-G/C	268	Sex	73479245-32-G/A
231	High Fst	73469451-55-C/A	269	Sex	73493044-54-G/A
232	High Fst	73470734-50-T/G	270	Sex	73493531-11-C/A
233	High Fst	73477204-6-C/G	271	Sex	73495659-26-G/A
234	High Fst	73477832-8-G/C	272	Sex	73475583-18-T/C
235	High Fst	73478667-28-T/A	273	Sex	73495783-51-G/A
236	High Fst	73479474-16-G/T	274	Neutral random	73487814-34-G/A
237	High Fst	73483527-27-T/G	275	Neutral random	73495896-51-C/G
238	High Fst	73485916-56-G/C	276	Neutral random	100219370-56-G/C
239	High Fst	73486379-26-C/G	277	Neutral random	73500001-14-C/A
240	High Fst	73486474-45-C/G	278	Neutral random	73469133-57-C/A
241	High Fst	73489428-29-A/T	279	Neutral random	73492303-57-C/G
242	High Fst	73490838-20-A/G	280	Neutral random	100174192-68-G/A
243	High Fst	73490944-66-G/T	281	Neutral random	73497112-59-G/A
244	High Fst	73492487-10-C/A	282	Neutral random	73490996-31-G/A
245	High Fst	73493149-41-C/A	283	Neutral random	73477383-54-G/C
246	High Fst	73493895-18-T/A	284	Neutral random	73486932-60-C/G
247	High Fst	73496592-58-A/T	285	Neutral random	73502088-68-A/C
248	High Fst	73498003-21-T/A	286	Neutral random	73497469-46-A/T
249	High Fst	73499203-23-C/G	287	Neutral random	73495061-29-G/A
250	High Fst	73499948-25-C/T	288	Neutral random	73492008-6-C/T
251	High Fst	73500522-17-C/A	289	Neutral random	73479179-56-A/G
252	High Fst	73501207-29-C/T	290	Neutral random	73501554-34-C/G
253	High Fst	73502638-45-G/A	291	Neutral random	100100776-41-C/A
254	High Fst	73505555-46-A/G	292	Neutral random	73479796-34-G/A
255	High Fst	75976955-31-G/C	293	Neutral random	100235732-14-G/A
256	Sex	73478745-32-G/C	294	Neutral random	73503512-57-T/G
257	Sex	73477872-51-C/T	295	Neutral random	73498107-9-G/A
258	Sex	73477548-28-C/A	296	Neutral random	73477535-16-G/C
259	Sex	73500684-10-G/A	297	Neutral random	73497996-46-G/A
260	Sex	73497410-29-C/T	298	Neutral random	73487839-66-G/T
261	Sex	73487747-65-C/G	299	Neutral random	73483999-52-G/A
262	Sex	73495022-30-C/A	300	Neutral random	73498582-19-T/G
263	Sex	73477357-19-G/A	301	Neutral random	73498067-51-A/T
264	Sex	73486361-55-T/C	302	Neutral random	73500164-26-T/G
265	Sex	73494933-46-T/G	303	Neutral random	73496248-17-C/T
266	Sex	73475697-8-G/A	304	Neutral random	73485599-21-A/T

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
305	Neutral random	73476400-39-G/C	343	Neutral random	100174199-8-T/C
306	Neutral random	73485602-38-G/T	344	Neutral random	75979474-14-T/C
307	Neutral random	73499353-15-C/G	345	Neutral random	73495808-10-C/T
308	Neutral random	73493238-8-T/C	346	Neutral random	73498044-50-G/A
309	Neutral random	73491405-32-G/C	347	Neutral random	73490979-39-T/A
310	Neutral random	73493752-55-T/G	348	Neutral random	73492757-20-G/T
311	Neutral random	73497851-17-T/G	349	Neutral random	73487549-42-A/G
312	Neutral random	73491200-19-C/T	350	Neutral random	73488027-18-G/C
313	Neutral random	73490580-20-C/T	351	Neutral random	73499948-5-C/T
314	Neutral random	73493607-35-C/T	352	Neutral random	73493475-19-C/T
315	Neutral random	73485030-26-C/T	353	Neutral random	73484082-13-C/G
316	Neutral random	73486246-68-C/G	354	Neutral random	73505365-58-A/T
317	Neutral random	73476446-29-C/A	355	Neutral random	73504036-16-G/A
318	Neutral random	73496375-14-T/C	356	Neutral random	73503348-10-T/G
319	Neutral random	75976926-26-C/G	357	Neutral random	73484648-11-T/A
320	Neutral random	73478748-41-C/A	358	Neutral random	100205362-21-C/A
321	Neutral random	73491302-33-T/A	359	Neutral random	73494543-6-T/C
322	Neutral random	73478254-10-A/G	360	Neutral random	73485250-42-C/G
323	Neutral random	73494991-45-A/T	361	Neutral random	73489793-40-T/A
324	Neutral random	73488020-60-A/T	362	Neutral random	73492455-41-G/A
325	Neutral random	73497595-30-C/T	363	Neutral random	73471090-67-G/A
326	Neutral random	73495681-24-G/C	364	Neutral random	73485612-65-C/G
327	Neutral random	73476739-21-G/A	365	Neutral random	73493384-45-G/A
328	Neutral random	73478480-68-A/C	366	Neutral random	73477854-23-G/A
329	Neutral random	73484810-64-G/T	367	Neutral random	73483540-50-A/G
330	Neutral random	73484810-65-A/T	368	Neutral random	73499953-22-G/C
331	Neutral random	73492691-57-A/G	369	Neutral random	73486796-67-A/G
332	Neutral random	73495378-42-G/A	370	Neutral random	73479108-57-G/C
333	Neutral random	73496851-58-C/T	371	Neutral random	73498140-6-T/C
334	Neutral random	73499199-56-G/C	372	Neutral random	100175578-30-A/G
335	Neutral random	73497825-45-C/G	373	Neutral random	73504342-31-C/A
336	Neutral random	73505347-58-G/A	374	Neutral random	73504343-57-C/G
337	Neutral random	73500023-40-G/T	375	Neutral random	73498810-26-G/A
338	Neutral random	73504311-23-C/A	376	Neutral random	73499915-42-C/T
339	Neutral random	73497738-25-C/T	377	Neutral random	73487432-47-A/G
340	Neutral random	100174721-40-T/A	378	Neutral random	73494142-27-A/C
341	Neutral random	73487434-12-G/A	379	Neutral random	73478485-27-T/G
342	Neutral random	73490641-42-G/A	380	Neutral random	73497746-22-G/A

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
381	Neutral random	75977961-31-T/A	419	Neutral random	73485034-6-A/G
382	Neutral random	73502211-31-G/C	420	Neutral random	73500729-29-T/A
383	Neutral random	73491909-27-G/A	421	Neutral random	73497707-47-C/A
384	Neutral random	73494086-55-G/C	422	Neutral random	73502189-41-T/C
385	Neutral random	75977969-18-G/T	423	Neutral random	73503790-26-G/A
386	Neutral random	73493702-13-T/G	424	Neutral random	73501369-32-T/C
387	Neutral random	73503003-62-C/A	425	Neutral random	73497486-65-T/A
388	Neutral random	73502234-59-G/T	426	Neutral random	73500177-46-A/G
389	Neutral random	73487155-62-G/A	427	Neutral random	73485208-10-T/G
390	Neutral random	73490781-58-G/A	428	Neutral random	73478862-59-C/G
391	Neutral random	73491527-32-C/T	429	Neutral random	73485734-14-G/A
392	Neutral random	73491525-57-G/T	430	Neutral random	73479383-41-C/A
393	Neutral random	75978744-59-T/G	431	Neutral random	73490702-27-T/A
394	Neutral random	73490882-38-G/T	432	Neutral random	73494060-8-A/G
395	Neutral random	73493728-24-G/A	433	Neutral random	73486787-10-T/G
396	Neutral random	73485264-40-G/A	434	Neutral random	73499714-43-A/G
397	Neutral random	73490810-5-A/C	435	Neutral random	73490761-12-G/A
398	Neutral random	73496085-15-C/T	436	Neutral random	73491126-40-G/T
399	Neutral random	100192117-48-T/G	437	Neutral random	73493046-7-C/T
400	Neutral random	100100224-30-C/G	438	Neutral random	73495741-58-C/G
401	Neutral random	73485051-39-T/C	439	Neutral random	73475260-28-G/A
402	Neutral random	73493125-18-G/T	440	Neutral random	73490822-68-T/A
403	Neutral random	73500686-8-A/G	441	Neutral random	73483907-33-C/T
404	Neutral random	73497435-51-T/C	442	Neutral random	73487337-39-C/A
405	Neutral random	73491602-54-C/T	443	Neutral random	73498316-66-C/G
406	Neutral random	100191847-66-G/C	444	Neutral random	73502038-40-T/G
407	Neutral random	73470448-38-G/T	445	Neutral random	73491950-22-A/C
408	Neutral random	73487732-31-T/A	446	Neutral random	73496434-50-C/A
409	Neutral random	73468881-9-G/T	447	Neutral random	73496657-26-T/C
410	Neutral random	73478201-16-C/T	448	Neutral random	73491162-53-C/T
411	Neutral random	73501463-36-T/C	449	Neutral random	73502101-60-C/A
412	Neutral random	73495335-34-T/G	450	Neutral random	73490754-55-T/A
413	Neutral random	73476561-18-T/C	451	Neutral random	73493178-12-G/T
414	Neutral random	73489982-39-G/A	452	Neutral random	73496473-55-C/G
415	Neutral random	73501181-54-G/A	453	Neutral random	73478657-37-T/G
416	Neutral random	73491051-18-G/A	454	Neutral random	73503198-35-G/A
417	Neutral random	73486764-36-A/T	455	Neutral random	73498160-19-T/C
418	Neutral random	73498990-55-T/C	456	Neutral random	73500555-51-G/T

N°	Tipo	Locus	N°	Tipo	Locus
457	Neutral random	73495719-9-G/A	495	Neutral random	73486843-55-T/A
458	Neutral random	73502749-44-T/A	496	Neutral random	100221015-19-G/A
459	Neutral random	73493191-55-C/T	497	Neutral random	73497429-29-G/A
460	Neutral random	73502952-55-G/C	498	Neutral random	73504281-53-C/A
461	Neutral random	73486470-47-G/C	499	Neutral random	73500528-10-A/G
462	Neutral random	73499103-38-G/A	500	Neutral random	73503519-27-C/A
463	Neutral random	73487558-26-G/A			
464	Neutral random	73481421-36-G/C			
465	Neutral random	73485455-59-T/C			
466	Neutral random	73497836-9-C/T			
467	Neutral random	73485291-37-C/A			
468	Neutral random	73493093-23-A/T			
469	Neutral random	73499073-37-C/A			
470	Neutral random	73469003-48-C/G			
471	Neutral random	73490779-29-C/G			
472	Neutral random	73485552-6-G/A			
473	Neutral random	73478524-64-G/A			
474	Neutral random	73492985-35-A/T			
475	Neutral random	73492601-55-A/G			
476	Neutral random	73481582-42-T/A			
477	Neutral random	73502600-11-G/A			
478	Neutral random	73501601-38-G/A			
479	Neutral random	73497120-33-G/A			
480	Neutral random	73497660-38-C/G			
481	Neutral random	73503593-36-G/C			
482	Neutral random	73503507-64-A/G			
483	Neutral random	100228756-51-C/G			
484	Neutral random	73503519-17-C/A			
485	Neutral random	73491540-38-C/G			
486	Neutral random	73499835-59-T/C			
487	Neutral random	73490601-59-T/C			
488	Neutral random	73500528-39-A/G			
489	Neutral random	73499568-12-G/A			
490	Neutral random	73487041-61-A/G			
491	Neutral random	73499456-30-T/C			
492	Neutral random	73490635-41-C/T			
493	Neutral random	73486193-53-C/T			
494	Neutral random	73496969-24-C/A			

Anexo 5. Loci SNPs de *Trachurus murphyi*
validados con tecnología GTseek para ser
incluidos en el panel de monitoreo de
diversidad genética

01	10538233,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGCCAGAACTTTGGGGACT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTCTCTCAGGTTGAGCCGAG
01	11060153,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCTGGGAGACATGCTCTTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGTCTGCAGCGATCGTTTT
01	12331148,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCCAAGTGTGGTGCATTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCATCGCAGTCTGTTGGAC
01	12785542,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTTCGCCTTCGACCATCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTACCCACCAACAGCTGA
01	1303670,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACTGGTGATGTTCTGCAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCCCTCACACACAGAGAGA
01	14035468,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGATACCAGACATCCCCGTGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAGCGTGCTCAAAGACCTCT
01	1723212,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGAAAGATGCCAGGCTTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTAAGACATTGGGGCGAGCT
01	21700222,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCTGCACTTGAAAGAGCCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAAGCTGTGTCCCAATTTGG
01	24391678,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGAGAATGAGAAACAGAGCAGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCTTGCCAGGGTTCAGCA
01	25854518,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGTAGGCTGCTGCAGATACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACCTTTCCATTGCCCCTCA
01	30255802,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGCTTTGGTCCCCTTCCAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACACATGAAAGTCTGGCCCC
01	31558041,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCGCACTATTGCTGCTAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACAGCTGTGGTGCAGTAGA
01	32546700,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCTCAGCATGCTGTATGTTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCAATTGGTCGCTGGCTGAT
01	33075186,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTGGGTTTCTGAGACGTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTACACACTTGGCTCGACTC
01	35094582,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTAGTGTGATGCTTGATGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGAACTGGAGCTTTTCTTACAGT
01	39507442,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCCCTCTCGCTACAAAGAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTCTCACCTGCAGCTACACA
01	39621807,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTCCACAGGTGAGATGCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGTGCTCTCTGCAGGTCC
01	4083723,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCAAGGCATGCTGAGTCGAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCTCTAAGGGTGATGACTGT
01	6279423,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACACTGATGAGCCGTACTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGTGAAGCTGTGAGAGTGTGT
02	10466698,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTGGGCATGCATCACATTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAACCCTACTGCAGCACCT
02	14501819,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAAAGTGAGGTGCGGGACTCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAAACCGTAGATGCAAGCAGC
02	17035480,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTCTTCGTTCTCCTGGAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCGCACACACTGGAACACAT
02	19200858,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGTGTGAATAACCTCTGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGAGAGAAGGCAGCAGAGG
02	29718439,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACACTAGAGCTTTGTGTCTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATGCATGCACAGACAGCAGA
02	30778393,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGAGAAATAGAAAACGCAGGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCTCTGAGATGAAGGTGGGG
02	3155963,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCTCCAGTGGGACTTCAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTTGAGGACATACTGGGCG
02	32884550,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAATGCACACACACACTGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACTTGATGCCAGCAGTG
02	34568160,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGGACAGGCCAGAGTACAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCACACAACACACACTCT
02	35146189,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGCCACACCAGCCCTATTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACAGAAGAGAGAGCACCCGC
02	35167684,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGCCTGCACACACAAATGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACCCACACCCTCTTCTGTTC
02	35316263,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTCTGGGATGCTGTTGGAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCATCTGTTTGGTTGGCTCG

02	35445931,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTCTTAAGGGCTGCGATGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCTGCAGTGCTTTTCTTTCC
02	36349567,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCACCTTCACCCACACTAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAACCACGAGCTTCTCTTTT
02	37427701,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCAGGTCTGCAGAGATGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCCTCGACATCTGCTTTGCA
02	8812343,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACACACGTCACATCAGGCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCAAGTTCCCCACTGAGTTGA
03	10939370,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCGATATGACAAGAGGGGTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCGCTGACACCACAAAATG
03	11239212,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAACATTAATCTGCAGCTCTAGATGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGACAGTAAGAGTGGGCCC
03	11963293,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCAAGGGTCACAGGTCAACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTTGTGTGTGAGGCTGCA
03	12519463,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTACGGAATAATGGCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGTGCAGCTGTAGGGTCAA
03	16690490,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCACACCTTGAAGTGCTTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACCTCTCATCCAAGCTGCA
03	17541039,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGACGATCAGCGATGCATCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCACTGCAGTGTAAATGGCCC
03	2022752,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTGCAGCCAGACACTCTTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAATCAGGTGTGGCAGGACAG
03	2544127,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTCTCTGGAGTCACAGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGCCAGCATGTGTACACTA
03	26454293,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTGCATGCCTAAGCCCAAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTTTCTGCCACTTTCTGCA
03	27800501,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAACAGCACAGTTTCCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCAACAGCTTTGTCTGACCT
03	28691165,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCAACATTTCTTCCCTATGAGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGCCAGTGGAGACTTCCCT
03	32600983,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCACTAAACACAAAGCACGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCAAGCCTCAGCACTTGAA
03	35049695,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACAGCATGCTAACAATGCGAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGTGAAAGTTGCCACCTCAG
03	6622893,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGAATGTTTCCCTGTGCGTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGCTTAAACATTGCGCGAGT
03	7515794,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTGCACAACTGGAGCTGAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACAGTGTGTGTGTGC
03	8433120,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTGCTCTACCCAAACTGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTAGAACGTTGCGACATCCGA
04	14440205,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTCACTGCTCTGCTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTCGCATGCTGTCTCCAAC
04	20536943,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGGATCTTGCCACACCTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTGAGATGTTTGCATGCATACA
04	24320920,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCCTCAAGGATGCAACAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCAATGATGCAAGGCCAAAC
04	25495350,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCATGCTGACGTGCACATGAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGTTGTAAATGGCGAGGCTG
04	26906716,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTGCAGGTCTTGAGGATA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCTGTCATGCCTGGTCTT
04	29528317,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATTGCATGCTGTGGGAGGAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCAGTTCAATGTGTGCGC
04	37104768,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGTCAGTGCTGCAGCTTTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGGTCACAACACCTGCAAA
04	37461780,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTCTCCCCAGACACAGAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTGGATGATTACTTTACCAGTGGT
04	37681364,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTTCTTTGTGCACACGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATTAAGAGCATGCGCCAGGT

04	8113285,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCATGCGGGATTACAGTGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACACAGCTTAGAGCCCTCC
05	11752344,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGAGCTGCTGACATGAGTCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTAAACTGAGGAGGGAGGGCA
05	12512303,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTATTCTATCGGCCGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCCAGCTCCCTCCCTTTCT
05	18444007,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGAACACTGCAGCAAACCTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTGCAACAACAGATCCACA
05	18590033,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGGGTTCTGTGTGCACAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTCTCGTAAGTTGAGCGC
05	19808977,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTTCAGCAAATTTGTCACTTTCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACCAGCGGGAGTTTACTACT
05	2040454,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCGGTGTATGACTGTTACTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCACATGTAGAGACACCGCA
05	21100025,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGATCACTACGCTTTGGCAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATGGCAAAGTCTCCAGAGC
05	23698078,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGATACTTAACCAAAGTCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTCTAAGACAGCTCATCTCACT
05	23701433,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGCACCACACAAAGCTTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTATGCTGTCATTGGCACCCA
05	23999779,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTGTATCACAGCCATGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTTCCCTGGGAACGTCCA
05	24586441,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGAACCTGTGTGATGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGTAGATGCTGTTTCGGTGGT
05	25987796,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATCATTGTTGGCAGACCCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACAGTCCCACACAGTCCAG
05	26927980,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTGAAACAGCTGCTGCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTCATCCAAAAGGCACTCG
05	26985350,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTCAGACCTGAGCTGTCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACGCATACACAACGCAGAC
05	27999847,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGGACTGTGAGCTGTCATGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCGGAGTTAGCTCAGCTAG
05	28678354,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAGCCAAGCTGCACCCATA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCAGTCTGTCTGCCTGTCTG
05	5415509,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCGAAGGGCTCCAGAAAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTGTGTGTTCCTCAGCA
05	9422749,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAATTTCCCTGCAGTAGGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTCACTCAGCATAGCCCCCT
06	10160737,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTTTAAATGTGGGGCATGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCCTGAACATTTCATCTGCA
06	11131117,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTGGTGATTGCGATGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTACGCCAACGTGTACTGTAGT
06	13503099,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTAATCAGCACAGCGATCGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTACGACAGGGATGAGACTCTTT
06	23095422,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGGGCTGTCTTTTACCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCCTCTTTCTCTGGCC
06	23571162,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACAACGTGGGCATGCCTTAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGCAGGGCTCACTACAGTG
06	24390986,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTCAGCAAGTTGAATGGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCAGCTAGACTCACGGCTG
06	25144202,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGAACCCACAGAAACCCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAAGAACTGCTGCAGGAAAA
06	25425399,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCAGCTGCAGACAGTGACAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGGATGAGGAGCGCTACAA
06	26700675,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACACACAGCTGTTGTCTACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATCTGCAGCTTTTGTCTCCA
06	30066988,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTGACCAGGGTGCCTAAAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTACTGGGTTTCATGCCTCGT

06	33124223,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCACCTCAGACAAATTGACACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACACACATTTCAACAACTGCATC
06	35460886,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTGTGCAACATACCGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCCAGTCCCTCAGTGTTC
06	35718257,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTGCAGCATTAGAGCAAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAAAAGAAATTGGCAAGTGAAGTG
06	5027463,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGAGAAAAGTTGGACTGCAGAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCGTGACGGAGAACAAAGT
06	5851302,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCAGCAAGAATGAACCCGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCCCACACACACTCACAC
06	6096091,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGAATCTCTGAACCGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCAGTCACAGATGCTCGACT
06	6804175,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCAGAGCTCAGATGCAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACACACACACCCCTTCCT
06	7008819,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTGACAATTGTTGAGTTGGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGCCGGGCATATCTGTACTT
06	8197037,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCAGGGAACGGGATTCAACG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCTCTGCAGTGAGTCAACC
06	8374070,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCTTACATGCATATACCCACGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACTACCCGAAACTGGCAGC
06	9423458,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGCAGCTGCAGTTATCATGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACACAGGGTTGTTGAGAGCA
07	11231816,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGGGCCATTGTACAATCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTACCCGCTCAGAGTCTG
07	12725968,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAACTTTCAGTCTGCCCTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGTTGATCACAGCGTTGCT
07	12856178,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAGAACCAAAAATAAAAGACTGCAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTGTGACACCTGTTGGGAA
07	14464844,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGGCAAGTTTACCTGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTGCTCCTCTGCTCTGGAA
07	19385495,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTTATTTACATCTGCAGTCCCTTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTCTTGTAGGTGGTGCGTGC
07	23733757,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACCTTGATGTTGTGGTGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTCGCATGCCTCTTTACCT
07	23888184,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAGTGTTCCTTTAAGGGCTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTGTTGTAGGAAGGGAGCT
07	2459541,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATCTGCTCTGCATGCACTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAGCCTCCTGCAGTAACCAC
07	28802405,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTGGTCCCTTACTTCCACTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTGCAGGGATTAGGAGCA
07	28994585,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTCTGGCTGGTTTG TGACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTCTCCGATGCCAAACCTGT
07	3042897,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGCTTGCAAACTGTTCTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGGCATTGATCTGACCCCTGA
07	35890489,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGATTCTCAACCCAGCAGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTACAACGAGGCAAATGGCG
07	5034408,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGACAGACGTGCAGAGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTACACTGACCGTAGCAACCG
07	7217786,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACAAATGGCGTCCGTTTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATAACACCCCTTAGCTCCGC
07	7240480,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGCCCCAGCAGAAAGAGTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGAATGGCTGTGACAGTGGA
07	7768032,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGATCTCACACCCGTGGTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCTGCAGGAGGTGACACTG
07	7824258,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCCCTGCAGTAGTAAGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAACTCACACCATTTCTGAACA
07	8157342,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGGGAAGCTGAACAATCCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCCAGCTGAGAAGCAAAGT

08	13881053,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCAAGCAGGCGTCTCTTTGTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTGCAGGCCTGAGAGTAAA
08	16488422,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCAACTGGTCGTTCCATCAGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGTGTGCCAGCTCTGAAGA
08	29302319,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGACAAGGCAATTAACACT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCTCTGCCTTACCCCTCTG
08	29528056,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTTCAGTGCAGCAACAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCTCTCATCTTACATGCAAATGC
08	30728664,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCAAAATGGGTCGTCTCATCCCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCATGTGACCAGTAGCAGCT
08	32657703,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCGTCACAGTCCAGTGGATCATCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTGGTGATGATTCAGGTTCCA
08	32657966,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCTTCCCGCAATCACTTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACTGGGGTCACACATTTGC
08	33402943,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTGATTAACAGCCCCACAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCAGGTCACATGTCCAGTG
08	33728791,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTGACTCAGCTCCTCCTCTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAGACCACAGAGTCCAGGT
08	3757549,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCGCATTGCTCTCCACTCACCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAGACAGAGCGAGTGGAACA
08	4682677,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCACCAAACAGGGCCCAATGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCATGCACCCTATGATCAGC
08	7510914,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCACAACGTCTCTGTGTCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCACTGTCAGTGTTTCCA
08	8918342,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCCCTTGTGGTCTCTTCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACAGAGACAGTGGGAAC
08	9386173,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGCCAGAAGGAATGAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACTCTGATGTCATGCCA
08	9937549,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTTCCCTCCCTCAATCCCTCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGAGAGGTGAGGGAGACGA
09	10096377,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCGGTGACCACAGTTTCAATGACT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTGTGACACCACATCCCA
09	12128740,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCACCAGTACCCAGGAAGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGGTGTGCTGTCGACATGTA
09	12999307,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTCAAGGTGAAGGAACAGAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCAAGGGCAAAAGCTCAGCT
09	14144529,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTAAAGTTCTGCAGCGCTGTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGTGATGTCTGCAGGGTTAGA
09	15841682,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGATAGCCGGGATAGTGGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAGAGAACGCTCCAGAGGA
09	20528561,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCAAAGCACTACTTCCCGGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAAGATAGCTGCAGCACCT
09	20932419,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGACAGGTGCTCCTTCCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCCACTGTTGTTCCAGGGC
09	21414326,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTAGCATAGCACAGCCACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGGTGCTAATGTTACCCTGCA
09	2212049,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTTACGACGTGCAGTTCCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAGTCACACACAGTCACTGT
09	22939755,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGCAAAGCAAAGCAAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGATTTCACTCAGGTCAATGA
09	24660050,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTGGTGAACCTCATACCCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTGTGGAGATGCTGTCAGT
09	26644000,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCACTAGCTGGACGAACCTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAGAGAAGCAGCCCTCTTGG
09	29265023,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCACCTGCAGGGAAGAACACAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAAGTGAACAGTCGTGCGC
09	29662372,CTACACGTTACAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGACCTGCAGCTGCTGATA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCCCTGCCTGAAATGTTTGC

09	31304095,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCCACTGCAGTTATCTGTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCTTGCAGTGGTTTATTTGAACT
09	3897599,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAACTCCACACGACCCCTCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACACAGATGATTGGGGCT
09	8840487,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAAATGCGTGTTTCAGCTGACG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAATCCAAGTTCGTCGGA
09	9322268,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACCACAGGCTGCACAAATG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCGATTTAGGCCCGATTT
09	9350308,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTCTGCAGATCTGTGGTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCTCTCTTCTCAGGCAGGA
10	13751236,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATTCGCTCAGCTGCAGTCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTGCCCTGGCTGTGTTGG
10	14895061,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGGTGACCATAGGTCCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTGTATGACCTCCGGCATC
10	15027048,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGACCTGTTGATGTTTCGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCAACGTGACCATATCGGG
10	17105679,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGAATGACTTGCGTGATGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCATGCAAAGTAAGAACTGCA
10	18559343,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTCTGCAGGCAAGAACAAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTCGTAAAGCGGACTAGGG
10	21954935,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTTACATCTGCAGCCTCAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCGCCAGTACAGATGTCTGA
10	22179606,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGATAAACCTGCAGGGCCAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAGAGACGCTAGGTTTCTT
10	22246199,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTTATTTCTGCAGGGTCCTTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCGGTGGAAATCAGCCTTTC
10	23554597,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAACTGCAGTGAATCACAAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGAGCATGTGGTTTGTCATG
10	23898144,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATCACGTCAGCAAACTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAATGGGGATGCTCAGGGAG
10	26921734,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCATGCAAGCATCTTCCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTGCAGGTTTGTAAGTGTCCA
10	32886160,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCTGCAGAGGCTGACTTTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTATGCAGGACCAGTCGCATG
10	6438713,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCATGTTGCATCCTGACTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCCTAGTTTAGCATAAAGACTGGG
11	10469271,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCATGTAGAAGTGCGTGGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATAAAGACCCCGTGCCTGTG
11	18737704,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCCGAGCTGGAATTAAAGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGATGAGAATGACCTGTACGT
11	18835538,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCATCTGCTGGTGATGTGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTCCACGTTGCAAGCTCTTG
11	19470708,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTACGTTAATGGCCCTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGCATGCTCCCTCCTCATA
11	20579233,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTCTCGCGCTACTGTCAACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCCTCGGGGCGCATTTTAG
11	21167964,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGTAATCCAGCGCCACAGAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACATGCAATCGCTCTGGGTT
11	21284752,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGCACAACTGTTCCAAGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACGCTGTTTGACAGACTGTG
11	23644542,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGGTTTAACAGCGAGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTTGATGTGAGTGTTCGGG
11	29299411,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCCTTTAGCCATCACTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCAAGAACTCCAGGTGAGC
11	30553810,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCATGTGTTGGTCTTGGCTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACAGCTGTCCCTTCAGATT
11	31480528,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTATCAGACTTCCTACTGTAGGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGTGGCTGTGAGCTCCTG

11	503104,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGGCTGTGATTGGCTGAGAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGCATGCATGTTGTCTATGGG
12	13452653,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCATCAAGGTGAGGCTGCATG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACCTGCTCGTAGATCCGTC
12	13529543,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGACCGTAGTCGCCATCTGTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTCTGCTCCCATCGTTACAGA
12	20679739,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGAAAAGTCCTCCCTCTGCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACGCTGTCAGACTGGGAAA
12	20724299,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTACACCATCACTCCCCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAATGCTGCTCTTGTGGT
12	22398604,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGCATGTGCCCATTTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACCCGTGTCACCTGAAGTCC
12	22737596,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTGCAGTCCAAGGTGACAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCCCTGCATGCATTAAGTGT
12	24281369,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCATCGGCTTTGTCTGAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAAGACAATTATCTGCAGCTCAT
12	25985224,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACGGCAAATCTGAGGCCTTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTTTGCTGGTTGCCCTTCT
12	26902020,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACGCTGCAGCCCATATCTTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAACGTACGCACACTCCACA
12	29911158,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGTCAGAACCGAATTGGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCCTCAGTGATGCTTCGCTA
12	8843441,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTCCCTTCACACCTCTCCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCCATCTATCTGCAGTAACACA
13	10335258,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGTTTTCTTCTACTGTGTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTCCGAACCTGTGTTCCCTT
13	11120306,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAACAGTCGAGCCGCTATT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACAGGCAGTGGTTAGTCGG
13	11895583,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGGTCACACAATACGTCTCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCATGTCCGGGAGATGAGTG
13	13049676,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTAGCCTCGGTTCTGTTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTTGGTGGGACAAGGGTAA
13	14468061,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAGTGAGACCTGGCTGGACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTTGTGTCACACAGAGCAC
13	17899314,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCTCCACATGACACACTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATCAAGCAGCCACATGACG
13	19242554,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGGCATGCTGCTCTTCATGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCTTATCATTCTGCAGCATTTCA
13	22601369,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGCTTGAAATGTCAGAGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCGGTGCACATCAATTGACG
13	22968142,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCGCTGCATGCATTACATCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACCCCACTTTTGGCCTGAA
13	26638734,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACCGTAGCATGCCTTTGTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTAACCCGGCGCAATATCACT
13	5800303,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGACGACTGCCAGAAGCTTCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGGGTCGTTGCTGTGAGAT
13	6037683,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCATCAGCGGAGAGAAAGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGACCCAGCACAGCTCTTAT
13	717512,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCATGCTTCACGGTAGGAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTTCTGCTGGTCGACCAAAT
14	11722965,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCAAGGGGTCCCAAGTTTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCTTTACCGCCGCTTACA
14	12258022,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGTCCGGCCTCTTCAGTTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAGGTTGAAGGTAGCTG
14	14454741,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGTGACCTGCTGATTGGAATAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACATGGAACCAGACCTCACAC
14	18044850,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGACACACACACCAGGAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAATCTGCAGATCTTTGGCGC

14	19516513,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATCGAGCTCCACGCATACTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCGCAGGTGTCAGTGTGT
14	19888247,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGGTCTGTAACAGGTGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTTATACCTGTTGCATCCGGT
14	20027763,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGTGCAGAAACCTGGCCAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAGACTCCGCTCCATTGTC
14	20572817,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACAATGCATGCCCTACACCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTTTAGGTCCTGAGCTGCA
14	21164435,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGATGGTACCTCAAGCCAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTCACCTAGACTGTGAACCGG
14	21642951,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGAGCAGGGAGACAAGGGAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCATGCAGCTGACACGTAAT
14	23878875,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGGGTGGGAGATGTTTGCAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAGCTGTGAATGGTCAGGC
14	24042159,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATCAGGAACCAACCAAGGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTCCTGCCCTGGTACTGA
14	27589741,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGTGGTCACGTGTCTGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCACCGTTTTGCATGCTGTT
14	27627468,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTGCAGCAAACGTTAGCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACAAACAACACTGAGCCAGG
14	6285507,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTCGGTTTTAGCGTCAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCCCGTGAGTAAAAGCTGC
14	9348391,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGGCTGTAATGACTGTCCCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCTGTCCCTTTTCTGCCTC
15	10272193,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCCCGAGCTGCAGTTCTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGATTTTGAGTGCCCGCAT
15	12001301,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATCCACTCACCTGGTGCTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTTGTGCTTTCAGGCGTCG
15	13708827,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTGCAAGTCAACAAGGTGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAATGCAGAGCCTGATCCA
15	15472612,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAGGAGCGGGTCAACATCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTCTTCCCTGCTGTCCTC
15	21607830,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGCCATGGGTGTGCATAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCAGGGTCACTGCTCTTTGT
15	23890871,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGCAGTCTGTGGTGAGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGTAGTTGTGGGGCTGGAAA
15	25173452,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGTGCAGAAAGTGATTTTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCCTAATCCGAGGAACAGCT
15	32653799,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGCTAGGTTCAGGGCCTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTTAGCAGGACTCCGCATG
15	35155600,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTTGGGGAGCTGTTTACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTAAGCAAGGACATGGCAC
15	37379286,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGAGCTGCTGCAGAAGAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTTCAAGCAGCATAGGTGG
15	38034734,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGAGCAGGGTTACCATG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCCAAGATTCTTTGCGTGCC
15	40095217,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAGGCTCTGATGGGGAACG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTATGAGAGCAGGAGGAGGGG
15	40940161,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCACACATGTCTGACACG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCCATCATTGGCCGTCCTT
15	8441134,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGCTCTCTGATAGCATCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACACACACACTGGAGGCAAA
15	9466636,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTACCCCATGACCTACAGCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATGGGCGACAGGTAGGAG
16	11103095,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTGTCGCTGTGTCAGTGTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGATCCCAGCATGCATCAGG
16	11885908,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCACAGCGTTTCAGTCAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGGCTCATAAATGATCCAGTGC

16	17788340,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGAGGGCGATGTTCTCAAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAAGACAGCACCACCAGACTG
16	1912701,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGCACAGCAGAAACAAACCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCATGCTGTGCTGAGCTGGTAA
16	19518264,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCGAGCTTGACTTTCTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAACGCTGTTCATGCCAAC
16	19567884,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGACCTTGTGTCTCAGAGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTCCTCAGGGTTAACTGCA
16	20130733,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACTGCATGCTGTGGCTTAA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAGAGAGAGCATGGAGGCTG
16	23215571,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCAGTCTGCTCAGGTGACAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCAATTTGCCTCTGAGCTGA
16	24691372,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTCTTTCTCTTCGACCTCAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGTGGCACATGCAAAACGA
16	26828971,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGGGATTTTCGGTGGTGACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAGCATGGTGGAGGCTAAC
16	29153629,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCATGCGCTCTATAGTGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTGCCATGACGAATGCCTA
16	2949837,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATAGTGGTGTGGAGCAGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGTGGGTCAGCCTCTGTC
16	4337798,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCCAGATGCAGAATGTGTCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAGGGCGGTGTTTGATT
16	4758409,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGCTGCAGTTTAGCGTCAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAGGCATAGTGACAGGACCG
16	7187316,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTGTCTGCCTGCTCAGTAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTCCCTCCTCAGCTTCTCT
16	7410512,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAGTGAAGTGGAGGTGCAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATGCATCACTGTAGCCCAGC
17	10621878,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGAGAAGAGGGCAAGAGCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGTAAACTGGAGGGGACTG
17	12064728,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACAACAACTCATCCCCCTTGGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTCTCTGTGCATGCACTCA
17	16691298,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGCCTGTTTCCAGTGAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATCAATACTCCCCTGCCCC
17	17737877,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCAAAGCCATTCTCAGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAATAAGTCCGCTGTCCTGCA
17	19612330,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATTTCTCCAGGTCTGCAGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACCTCAGCCTGGAATTT
17	20954098,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTGACAACTTGCTGCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTGAAGCACGATTATCAGGC
17	23838862,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGAATCTGGACCTTGCCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTTCTGCAGCCTTTGATCCG
17	4682972,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGGACCGCTGTTTCTGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGTGGTGCCTGGTAATGGT
17	6521149,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAACAGTGAGTGAGTGTGGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACAGTCCAAGAGGCGGAAG
17	7587077,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTGCATGCGCCTTCATTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCCTCATCTTCTGCAGGCTG
17	9411409,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCCACCTGCCTTTCATCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGGTCTGAGGAAATTTACTGGT
18	11395727,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGAAGAGGAAGGAATGGCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGTTGATGCAGACTGCCAC
18	12381855,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGACACGCACAACTGGATGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCGTTACAGGGAGCTGACAA
18	13068138,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGCATCATCCAGGACCTCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGATGGCAGGGGTGTGAAA
18	13563577,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCATCATGCCATGCTGAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGGACGGTAACAGGGGTATC

18	15141238,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGAGGAGCATCTGAAGCCAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGATTTGTGCATGCGTTTGT
18	19010608,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCATTTTAATTGGCCGGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGAGGATCAACAGGCCACTC
18	20139946,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCGATAAAGACTCGCCACAGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTGTGTTAATCGTGCAGCT
18	22224794,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGTACATGGAACGGAGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTGAAGCATGCACCTCAAA
18	24034702,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTTGTCAACTTCCCAGGACT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACGCTCTGCTGTTTCTCTGTT
18	28099197,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGACAACTCAGAGGCTGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACCAAGCATTCTAGTTGCAGC
18	29153035,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGTACGCCGCCCTCATGAAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAACACGCCTAGAATCGTCCA
18	4882820,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCATGCCTCATGTTGCTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACAGTGTGTAACCTGTGCG
18	8721912,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCAGCGTGAGGTTTCGTCTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCCAGCCGGTGAATCAAT
19	10611939,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATTAATCACCAGACCCAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTTTCCCGTTTCGAACTCCA
19	12082584,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTCATGTGTTACTGCATGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTCAGGTTAGGCTGCTTTGAAT
19	14016922,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTGCAGTGTAACATTTACCCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTTTGCACAAAAGAGGGAGT
19	15642969,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCAGGTGGCGTTCTTTCAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGAAGGGAGCCAGACAGTTT
19	15672510,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAACTGCCCTTGTGCACCTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGCTGGTGCCCTCTTTAGGTT
19	17540928,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACTCCACTGTTCCCTGCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACTACTGCATGCACAGCA
19	17996912,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTCTGCAGAGCATCCTGACG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGCGGCCTTCCTATAGAGC
19	18113022,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTCTGCCCTGAGTTTCTTCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGACTGGCGAAGTGTGGTT
19	20146249,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGCTGAGCTCATGTACAGGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATGCAGTCGGGTGTTTCAGT
19	20665551,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGATGTGGAGGTGACAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACAGCATGACAAAGCAGGTC
19	20691386,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACACGACCATGTGGCTCATT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACGACAGAGAGCTGGACAGA
19	22198361,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCGAGGACATTGGAAGATGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACACACACATTTCTGCAGAAGG
19	22396667,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTTGACTTCCCCAGCTCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACTCGCAGCGGATCCAG
19	26575858,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCTCCGCCAGAGACTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATGCGTTTGTGGAAGCCG
19	28455059,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTAACGTCTGGCAGTGGTCTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTGTGAACCAATGACCTGGA
19	7177653,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGTTTTGCCACAGCTGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTGTAGCCGACTCTGGATGA
20	10801494,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAATAGGCAGGATCACGGCTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACACATGCATGCATACTTCATT
20	1097950,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTAGTAGGGTGCAGGTCCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTGCCTTTGAAGCAATGC
20	13564735,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCTTCTGGATTGCGTAGCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTCTGCAGTGCATGGACAT
20	16656401,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCATGAAAAGCCTGACGCATGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTGTGTTGTTACTTGAGTGCG

20	18966119,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGGGCTCTCTTCTCTCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTAGATGAGCGCTGTTGGAGC
20	2283924,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCCAGCAGTCTCATCACCTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTTGCTCGTTGCAGTGG
20	495173,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGGAGCATGCTATTGGGCCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCATTACCGTGCCCTGTCT
20	4956194,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTTTCCTCCTGCAGTTCTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGCCAGGGCCTTGTATAACA
20	504596,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACCTCGCCCTGTAGAACTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCCAGCAGACTACAATGAGC
20	5785683,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGCCCCTTGACTGAGAGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCAAACACGGTGCCAAAAT
20	6888803,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCGCATGATAAGTGTGCTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCACTGGTCTAGAGCCCCCTC
20	7638904,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGCTGCAGTTTGATTGGCAT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCAGCATGTTTACACACCCC
20	7744206,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAACAAACACGACCCTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAGCGGTGGGAGAGAGTAG
21	13953366,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACGCTGAATCTGGCTGGTA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCAGTCTGCGATGGGGAAAC
21	1484056,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTGAGGAACTGCACGTTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCATGCAAGCTGAGAGACA
21	15176808,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTACCTGCCTTGCATCAGCT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATGGCAAGTACCAAAGCC
21	15274470,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGACATGATGACAGAAGGCAGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGGCTTATTTACAGAGTTGGC
21	15525531,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCATGCTCAGTGAACAGGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTGCTGCTCCTCATTGTGG
21	16958580,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCCCAATTTATAGGCTTGATGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCGAGAGTCTGTCCCATCT
21	17147009,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCCCTTGTGTCTTCTCCTCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGGCCGTCGAAGTCTCTTT
21	17538402,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTGTGTTTACACTAAGTGGGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGGCATGCAAAGTGACTTTCA
21	20439873,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCGTTTGCACTCTGAGTCAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTGTGCATGCTTCGGTTTG
21	20508161,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCACGCTGGTTCACAGTTTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGTGCTCATCTCGTCATGT
21	23640284,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGCCTTTTCTCCGTCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGAGTGACCACCTTGACCG
21	3347740,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACACATTGCGAGAGCTCTCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGAAGGAGGTACACCGCTG
21	4106375,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTCAAAGATGGCCCTCTTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCTGGACTTCTTGTTCGGGA
21	4789296,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTACAAAGGCATTCTCTGGGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGGGAGAAGTGCGATGGC
21	5854239,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAAAGCCTGCAGTTGAGAGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCAGTGGAGCCCCATTGTCTA
21	9595152,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCATGGCACCCCTCACTTCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCCCATCCACTCTGCACTAGA
21	9948348,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTGATCATTCTGCAGTGTACG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGGAGCATAACCAAGCAATGTC
22	10153275,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCGCTCTGTCTGTCCGAGTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCTCCAGATTACGTCGCCG
22	11436512,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCACGCGAGGTGGATATCTGA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGACCTCAGGATGCAACTCCA
22	11681777,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGGAGAAGTAACTGCAGCACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTGGCAGGCTTAGTGCAT

22	13588582,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCCTAACACTCTTGACAGCCTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGGGTTTCATTGCAGAAGAACA
22	13678146,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGGTGGACACTGTGATGGACA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGCAGCTCCTGTTCTTAACCA
22	14832282,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGCTCTACCTTCGGGAAAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGACACACACACTCGTACA
22	18150991,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTCACACTCCATCCTGCAG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCAGAGCTCAGCAGAAGTCA
22	19818487,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAACTGCAGGAACCAGGAACC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGTGCACATGGTGGGTGAAA
22	20390727,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTATCTTCTGCAGCCGGGTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGTCCGTGCATGCCTTTACA
22	23561376,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTCAGCATGCCATCACACAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCACCGCGGCCTTTTCTAAAG
22	9123673,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTCTTTGTCTCCAGGCTCTCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCGCATGCATCGAAAAGACT
22	9943318,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTCTGCAGGAGGTGGATCTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGCAGCCACCATGGACACAT
23	10127035,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGCTGCAGCCAATGTAGAGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGCTCGTCTCACCACTTTCA
23	11791182,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCACACAGAGAGTTCTCTGCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACAGGCATGCCGTAGATTCA
23	13165967,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTTCAAAGCCCTGTTGCAGTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATGGTGTTCAGGGCATTTT
23	1326004,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGTGGTGATTGTGCACGTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGCTGCAGTTGACGTTTAC
23	14124349,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCACTTCACTTGCACGTTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTGTGTGTTTTCTTCCAAGCA
23	15275514,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAATGCAGCAGGAGAGCCTC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCGATGGGAGAAAAGCAATTCT
23	17409368,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCAGTGTGTGGATGCACTCTCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCGCTTTTGCTTACCCTCCT
23	2548137,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGTCTCTCAACCTTCGAGGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCTGAGCTGCAGGAGTGAAG
23	6309624,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTCTTCTCTGGAGAGGTGTCA,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTAGAGGACGGAAAAGTGCTTTT
23	6373435,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCTGTAGCTGCAGCAGTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCACTCTGCTGCTAATGGGA
23	8703113,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACCTCTGTCTCCTCTCTGTCC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCATGCTCACAGGTAGAGG
23	8889439,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAGTTCACATCCTCTCGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTATCATTGCCGTGACAAACAGG
23	9878776,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCTGACGGGCGCATGTTTG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGAAGGGTGCAGAAAAGAGCG
24	10405159,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCTCGCACATACATGCATGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCATGGCTTGGCTCAACTTGG
24	1728426,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGCAGTTTCACTCCATGCTT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTCCTCTGGAGGCGAGTTCTTG
24	2857625,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCACTGCTACCAAGACGAGTGC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTACAGACACAGGCCTCTCAGA
24	7052244,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCCAGCGCTTTCCTGCCTAAAC,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTGCATGCACGCTTCTCTGTA
24	8028341,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGCCACTGTTGCCTTGTGTGT,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGGGGTGAACCAAGTACACACT
24	9768615,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCTGTGTAAGTGCGCTGATCG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTACTCAATAAAACGGACAGGGG
24	9859863,CTACACGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAGCAGAAGAAGTCTCCGGG,GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTGTGGTGCACAGGTACTTCT

Anexo 6. Información de las 5 placas
analizadas para la prueba del panel de loci
SNPs/GT-seq de *Trachurus murphyi*

Primera placa analizada para la prueba del panel de loci SNPs/GT-seq de *Trachurus murphyi*.

N° Placa	Muestra	País	Localidad	Fecha Muestreo	Latitud	Longitud	Longitud Total (cm)	Peso Total (gramos)	Sexo
A1	NZ19	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	49,5	1243,7	M
B1	NZ20	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	49	1165,6	M
C1	NZ23	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	49,5	1463,5	H
D1	NZ24	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	52,5	1363,5	M
E1	NZ25	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	46,5	1016,3	M
F1	NZ28	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	51	1231,2	H
G1	NZ29	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	48	1202,4	M
H1	NZ30	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	48	1375,5	H
A2	NZ31	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	50	1460,9	H
B2	NZ33	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_1	2008	-42,08	170,75	47,5	1133,4	H
C2	NZ3	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	52		H
D2	NZ4	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	50		H
E2	NZ6	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	53		H
F2	NZ7	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	55		H
G2	NZ8	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	53		H
H2	NZ26	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	51		M
A3	NZ51	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	51		M
B3	NZ53	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	52		M
C3	NZ55	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	52		M
D3	NZ58	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_2	2011	-40	173	50		M
E3	900	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	38	618	H
F3	901	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	32,8	407	H
G3	903	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	40	931	H
H3	907	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	41,5	760	M
A4	909	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	27,8	202	M

B4	910	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	38,5	568	H
C4	911	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	36,5	549	M
D4	912	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	40,5	664	H
E4	913	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	31,2	267	M
F4	916	Perú	Perú_oceanico	2022	-17,21	-78,23	28,8	288	M
G4	809	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	58	1293	M
H4	810	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	49	631	M
A5	811	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	45,5	497	M
B5	812	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	54,5	722	M
C5	813	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	55	1348	M
D5	814	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	49,5	1012	M
E5	815	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	48,5	946	M
F5	816	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	47,5	933	M
G5	818	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	49,5	1084	H
H5	819	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	48,5	1020	M
A6	820	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	48,5	855	M
B6	821	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	49	1011	M
C6	822	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	50,5	1103	M
D6	827	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	46	849	H
E6	833	Perú	Callao	2024	-17,15	-78,01	50,5	935	H
F6	839	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	38	417	H
G6	841	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	40,5	553	M
H6	842	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	38,5	457	M
A7	843	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	36	377	M
B7	845	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	40,5	549	M
C7	846	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	40	518	H
D7	847	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	38,5	471	M
E7	848	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	37,5	461	H

F7	849	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	40	565	M
G7	850	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	37,5	448	H
H7	851	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	38	502	M
A8	852	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	38,5	493	M
B8	853	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	39,5	521	H
C8	854	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	38,5	536	H
D8	855	Perú	Chimbote_2	2024	-9,15	-79,59	37,5	412	M
E8	869	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	33	301	M
F8	870	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	33,5	324	M
G8	871	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	37	433	M
H8	872	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	33	352	H
A9	873	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	34,5	371	M
B9	874	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	31,5	265	H
C9	875	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	35,5	411	M
D9	876	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	36	379	M
E9	877	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	36	381	M
F9	878	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	37	416	H
G9	879	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	35	355	M
H9	885	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	32	290	H
A10	886	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	37	405	H
B10	894	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	34,5	379	H
C10	897	Perú	San_Juan_de_Marcona	2024	-15,43	-75,4	35	404	H
D10	629	Chile	Maule_1	2023	-35,1	-72,39	40	580,4	H
E10	630	Chile	Maule_1	2023	-35,1	-72,39	43	668,3	M
F10	631	Chile	Maule_1	2023	-35,1	-72,39	42	601,7	M
G10	634	Chile	Maule_1	2023	-35,1	-72,39	45,5	787,7	H
H10	779	Chile	Golfo_de_Arauco_8	2024	-36,44	-73,43	39	489,5	M
A11	780	Chile	Golfo_de_Arauco_8	2024	-36,44	-73,43	36	413,5	M

B11	781	Chile	Golfo_de_Arauco_8	2024	-36,44	-73,43	39,5	504,5	H
C11	782	Chile	Golfo_de_Arauco_8	2024	-36,44	-73,43	36	427,8	H
D11	709	Chile	Isla_Mocha_3	2024	-38,55	-73,48	45,5	603,5	H
E11	710	Chile	Isla_Mocha_3	2024	-38,55	-73,48	52	1151,2	H
F11	711	Chile	Isla_Mocha_3	2024	-38,55	-73,48	39,5	492,1	M
G11	713	Chile	Isla_Mocha_3	2024	-38,55	-73,48	39	531,8	M
H11	749	Chile	Isla_Mocha_4	2024	-39,09	-73,49	44	781,5	H
A12	750	Chile	Isla_Mocha_4	2024	-39,09	-73,49	42,5	668,6	H
B12	753	Chile	Isla_Mocha_4	2024	-39,09	-73,49	42,5	643,5	M
C12	755	Chile	Isla_Mocha_4	2024	-39,09	-73,49	48	931,4	M
D12	GAR178	Chile	Golfo_de_Arauco_2	2022	-36,46	-73,65	37	750	H
E12	GAR4	Chile	Golfo_de_Arauco_3	2022	-36,02	-73,15	42	972,9	H
F12	GAR35	Chile	Golfo_de_Arauco_4	2021	-36,48	-73,61	46	1262,2	H
G12	GAR67	Chile	Golfo_de_Arauco_5	2021	-33,61	-73,64	44	1097,9	M
H12	GAR159	Chile	Golfo_de_Arauco_1	2022	-36,63	-73,71	31	345	M

Detalle de la segunda placa del panel de loci SNPs/GT-seq para *Trachurus murphyi*.

N° Placa	Muestra	País	Localidad	Fecha Muestreo	Latitud	Longitud	Longitud Total (cm)	Peso Total (gramos)	Sexo
A1	817	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	54	1591	M
B1	823	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	48	760	M
C1	824	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	47,5	703	M
D1	825	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	46	866	M
E1	826	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	45	800	M
F1	828	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	784	M
G1	829	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	53	1129	M
H1	830	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	875	M
A2	831	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	50	956	M
B2	832	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	46	787	M
C2	834	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	59	1414	M
D2	835	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	51	700	M
E2	836	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	43,5	574	M
F2	837	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	49	677	M
G2	838	Perú	Callao	25-01-2024	-12,15	-78,01	45	722	M
H2	840	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	482	M
A3	844	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	429	H
B3	856	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	465	M
C3	857	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	519	M
D3	858	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	517	M
E3	859	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	485	M
F3	860	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	549	H
G3	861	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	37,5	360	M
H3	862	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	467	M
A4	863	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	487	M

B4	864	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40,5	521	M
C4	865	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	40	558	M
D4	866	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	455	M
E4	867	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	38	488	M
F4	868	Perú	Chimbote_2	27-01-2024	-9,15	-79,59	39,5	539	
G4	880	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	35,5	361	M
H4	881	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	34,5	344	M
A5	882	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	35	348	M
B5	883	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	35,5	393	M
C5	884	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	34,5	365	M
D5	887	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	36	380	M
E5	888	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	35	351	M
F5	889	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	35	322	M
G5	890	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	36,5	404	M
H5	891	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	37,5	442	M
A6	892	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	33	349	M
B6	893	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	36	404	M
C6	895	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	33	297	M
D6	896	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	34	376	M
E6	898	Perú	San_Juan_de_Marcona	30-01-2024	-15,43	-75,4	37	411	M
F6	632	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42,5	665,2	M
G6	633	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	591,6	M
H6	635	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	44	743,5	H
A7	636	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	572,5	M
B7	637	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42,5	590	M
C7	638	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	38,5	504,7	H
D7	639	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	45	755,7	H
E7	640	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41,5	521,4	M

F7	641	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	38	498,5	H
G7	642	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	46	756	H
H7	646	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	43,5	702,3	H
A8	659	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39,5	488,1	M
B8	660	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	472,6	H
C8	661	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	36,5	392,2	M
D8	662	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	34	331,5	H
E8	663	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	33	326,5	M
F8	664	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	41	489,6	M
G8	665	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	444,4	M
H8	666	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	450,9	M
A9	667	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	424,1	M
B9	668	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38	438,2	M
C9	669	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	411,9	M
D9	670	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38,5	541	H
E9	671	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	41,5	548,9	M
F9	681	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	491,3	H
G9	686	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	38,5	494,9	H
H9	712	Chile	Isla_Mocha_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	42	595,6	H
A10	714	Chile	Isla_Mocha_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	503,4	M
B10	715	Chile	Isla_Mocha_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40,5	525,6	M
C10	716	Chile	Isla_Mocha_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	38,5	510,2	M
D10	717	Chile	Isla_Mocha_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	39	503,2	H
E10	718	Chile	Isla_Mocha_3	16-01-2024	-38,55	-73,48	40	520	H
F10	751	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	45	777,8	H
G10	752	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	752,3	H
H10	754	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	693,5	H
A11	756	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	38,5	533,6	H

B11	757	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	41,5	620	M
C11	758	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	48	862,1	M
D11	759	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	41,5	570,7	M
E11	760	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	45	772,3	M
F11	761	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	39	509,5	H
G11	762	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	39,5	512,5	M
H11	763	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44,5	731,8	M
A12	764	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42	647,7	H
B12	765	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	661,8	H
C12	766	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42	719	H
D12	767	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	706,4	H
E12	768	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	48,5	972,1	H
F12	769	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	714,5	M
G12	772	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	716,2	M
H12	774	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	42	658	M

Detalle de la tercera placa del panel de loci SNPs/GT-seq para *Trachurus murphyi*.

N° Placa	Muestra	País	Localidad	Fecha Muestreo	Latitud	Longitud	Longitud Total (cm)	Peso Total (gramos)	Sexo
A1	776	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44	715,1	M
B1	783	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	40	537,1	M
C1	784	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	441,8	H
D1	785	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	508,5	H
E1	786	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	33,5	355,2	H
F1	787	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	203,1	M
G1	788	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39,5	505,4	M
H1	789	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	486,2	M
A2	790	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38,5	496,1	H
B2	791	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	34	360,8	H
C2	792	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39	474,8	H
D2	793	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	41,5	597,3	H
E2	794	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	412,6	H
F2	795	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	35	336,8	M
G2	796	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	425,8	H
H2	797	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39,5	545,5	H
A3	798	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	35,5	379,4	H
B3	799	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	39	451,3	M
C3	800	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	473,7	M
D3	801	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	41	538,7	H
E3	802	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	36,5	412,3	H
F3	803	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	33,5	314,6	H
G3	804	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	37	410,3	M
H3	805	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	460,5	M
A4	806	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	437	H

B4	807	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	35,5	381,8	H
C4	808	Chile	Golfo_de_Arauco_8	25-01-2024	-36,44	-73,43	38	463,9	H
D4	939	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	523,7	H
E4	940	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	478,8	M
F4	941	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	42	537,2	H
G4	942	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38	466,3	M
H4	943	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	506	M
A5	944	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39	528,7	M
B5	945	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	508,4	M
C5	946	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	501,3	M
D5	947	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38,5	477,8	H
E5	948	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	42	560,2	M
F5	949	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	480,9	M
G5	950	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	495,8	M
H5	951	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	501	H
A6	952	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	42	559,6	M
B6	953	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	533,6	M
C6	954	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	535,6	H
D6	955	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39	433,2	H
E6	956	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38,5	442,7	H
F6	957	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	465,1	H
G6	958	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	485,7	H
H6	959	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40,5	508,1	M
A7	960	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	37	452,9	M
B7	961	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	489,8	H
C7	962	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	41,5	544,5	M
D7	963	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	41	522,8	M
E7	964	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	38,5	491,6	H

F7	965	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	39,5	469,4	H
G7	966	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	500,6	M
H7	967	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	41,5	570,3	H
A8	968	Chile	Caldera_2	19-03-2024	-27,12	-71,01	40	519,9	H
B8	969	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40	567,7	M
C8	970	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	39,5	554,5	M
D8	971	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38	415,2	H
E8	972	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	41	560,2	M
F8	973	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	43,5	768,2	M
G8	974	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38	492,9	H
H8	975	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40	575,8	M
A9	976	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	33	292,5	H
B9	977	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	40,5	522,1	H
C9	978	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	42,5	664,4	H
D9	979	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	35,5	389,1	M
E9	980	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	37,5	472,9	H
F9	981	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34,5	363,3	H
G9	983	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	37,5	435,8	M
H9	984	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	36,5	418,7	M
A10	1011	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38	489,2	H
B10	1014	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	38,5	525,8	H
C10	1018	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	55	1400,4	H
D10	1027	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	40	568,5	H
E10	1028	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39	483,6	M
F10	1029	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	45	760,4	H
G10	1030	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	34,5	361,9	M
H10	1031	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39	471,4	M
A11	1032	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35	349,3	M

B11	1033	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	323,9	M
C11	1034	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	32,5	298,6	M
D11	1035	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	365,7	M
E11	1040	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	42	676,1	H
F11	1041	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36,5	460,7	H
G11	1042	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	49	949,1	H
H11	1054	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	874,5	H
A12	1055	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	950,8	M
B12	1056	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	873,8	M
C12	1057	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	1097,6	H
D12	1058	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	854	H
E12	1059	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	45	733,8	M
F12	1060	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	730,6	H
G12	1061	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	48	1000,1	H
H12	1062	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	850,4	H

Detalle de la cuarta placa analizada del panel de loci SNPs/GT-seq para *Trachurus murphyi*.

N° Placa	Muestra	País	Localidad	Fecha Muestreo	Latitud	Longitud	Longitud Total (cm)	Peso Total (gramos)	Sexo
A1	1063	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	963,5	M
B1	1064	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	42,5	643,6	H
C1	1065	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	47,5	905,4	M
D1	1066	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	687,8	H
E1	1067	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49	1012,6	H
F1	1068	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	750,6	M
G1	1069	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	750,1	H
H1	1070	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	50	975,5	H
A2	1071	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	747,8	M
B2	1072	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	48,5	928	M
C2	1073	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	52	1213,9	M
D2	1074	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	855,9	M
E2	1075	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49,5	1006	H
F2	1076	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	848,2	M
G2	1077	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	45	755,1	M
H2	1078	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	749,7	M
A3	1079	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49,5	1065,9	M
B3	1080	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	1142,7	H
C3	1081	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	48	953,1	H
D3	1082	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	736,3	H
E3	1085	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	48	925,8	M
F3	1094	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	37	402,1	M
G3	1095	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	41	581,8	H
H3	1096	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	692,9	M
A4	1097	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	41	546,4	M

B4	1098	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	653,6	H
C4	1099	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42	601,4	H
D4	1100	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33,5	286,9	M
E4	1101	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	682,3	M
F4	1102	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	37	370,1	H
G4	1103	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	50,5	1107,4	M
H4	1104	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	47	802,9	M
A5	1105	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	44,5	687,4	M
B5	1106	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	31,5	265,6	M
C5	1107	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	47,5	918,7	H
D5	1108	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	334,5	H
E5	1109	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	47	817,5	M
F5	1110	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	36,5	412,8	H
G5	1111	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	548,6	H
H5	1112	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	40	518,9	H
A6	1113	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33,5	285,4	M
B6	1114	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42,5	571,8	M
C6	1115	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	35,5	339,9	M
D6	1116	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	35	336,7	M
E6	1117	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	44,5	697,8	M
F6	1118	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	675,8	H
G6	1119	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33,5	292,1	M
H6	1120	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	35	339,9	H
A7	1121	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	34	307,8	M
B7	1122	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	36,5	370,1	M
C7	1123	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	40,5	504,5	M
D7	1124	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	42	629,2	M
E7	1125	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	51	1030,7	M

F7	1126	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33	322,2	H
G7	1127	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	33	273,9	H
H7	1128	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	36	391	H
A8	1129	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	40	528,6	H
B8	1130	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	43	621,6	M
C8	1131	Chile	Iquique_4	07-08-2024	-20,09	-70,14	45	707,8	M
D8	1132	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1220	
E8	1133	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1260	
F8	1134	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1285	
G8	1135	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1240	
H8	1136	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1210	
A9	1137	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1225	
B9	1138	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1345	
C9	1139	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1295	
D9	1140	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1235	
E9	1141	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1305	
F9	1142	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1215	
G9	1143	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1325	
H9	1144	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1235	
A10	1145	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1230	
B10	1146	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1295	
C10	1147	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1270	
D10	1148	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1310	
E10	1149	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_3	26-04-2024	-48,66	167,14		1235	
F10	1150	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		590	
G10	1151	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,55	167,12		595	
H10	1152	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,56	167,13		540	
A11	1153	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,57	167,14		570	

B11	1154	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,58	167,15		635	
C11	1155	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,59	167,16		600	
D11	1156	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,60	167,17		585	
E11	1157	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,61	167,18		470	
F11	1158	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,62	167,19		605	
G11	1159	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,63	167,20		670	
H11	1160	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,64	167,21		510	
A12	1161	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,65	167,22		575	
B12	1162	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,66	167,23		515	
C12	1163	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,67	167,24		515	
D12	1164	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,68	167,25		530	
E12	1165	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,69	167,26		575	
F12	1166	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,70	167,27		600	
G12	1167	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,71	167,28		785	
H12	1168	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,72	167,29		540	

Detalle de la quinta placa analizada del panel de loci SNPs/GT-seq para *Trachurus murphyi*.

N° Placa	Muestra	País	Localidad	Fecha Muestreo	Latitud	Longitud	Longitud Total (cm)	Peso Total (gramos)	Sexo
A1	1165	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		640	
B1	1166	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		480	
C1	1167	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		525	
D1	1168	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		540	
E1	1169	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		580	
F1	1170	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		665	
G1	1171	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		560	
H1	1172	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		605	
A2	1173	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		505	
B2	1174	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		590	
C2	1175	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		575	
D2	1176	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		540	
E2	1177	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		505	
F2	1178	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		510	
G2	1179	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		530	
H2	1180	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		610	
A3	1181	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		595	
B3	1182	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		635	
C3	1183	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		560	
D3	1184	Nueva Zelanda	Nueva_Zelanda_4	11-04-2024	-47,54	167,11		525	
E3	643	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42	599,8	M
F3	644	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	40,5	569,8	M
G3	645	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	40,5	562,1	M
H3	647	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	585,8	M
A4	648	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41,5	565,9	M

B4	649	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	44	670,4	M
C4	650	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	39,5	522	M
D4	651	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	41	534,6	H
E4	652	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	49	882,3	M
F4	657	Chile	Maule_1	12-12-2023	-35,10	-72,39	42	634,8	H
G4	672	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	498,9	M
H4	673	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	55	1189,7	M
A5	674	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	40	473,9	M
B5	675	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	479,5	M
C5	676	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	42,5	565,5	M
D5	677	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	39	495,3	M
E5	678	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	37,5	452,7	M
F5	679	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	34	340,5	M
G5	680	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	36	389,9	M
H5	682	Chile	Maule_2	04-01-2024	-35,54	-73,16	35,5	356,3	M
A6	770	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	53,5	1149	H
B6	771	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	43	651,7	H
C6	773	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	41	645,2	H
D6	775	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	45	789,9	H
E6	777	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	44,5	702,2	M
F6	778	Chile	Isla_Mocha_4	18-01-2024	-39,09	-73,49	39	530,8	H
G6	902	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	36,5	558	M
H6	904	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5	698	M
A7	905	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	29	211	H
B7	906	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	35,8	534	H
C7	914	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	44,4	1091	H
D7	915	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	33,6	411	H
E7	917	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	30,8	342	M

F7	918	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	37	564	M
G7	919	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	30	230	M
H7	920	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5	681	M
A8	921	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38,5	555	M
B8	922	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	38,5	638	H
C8	923	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5	737	H
D8	924	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	44,5	915	H
E8	925	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	37,8	600	M
F8	926	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5	680	M
G8	927	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	39,5	698	H
H8	928	Perú	Perú_oceanico_2	05-10-2022	-17,31	-78,23	33,2	402	H
A9	982	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	38,5	474,3	H
B9	985	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	37,5	478,4	H
C9	986	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	39,5	535,4	M
D9	987	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	55	1423,3	H
E9	988	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	59	1741,7	M
F9	989	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	56	1614,3	M
G9	990	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	46	826,4	H
H9	991	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	56,5	1389,1	M
A10	992	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	34	321,9	M
B10	995	Chile	Quintero_1	06-05-2024	-32,42	-71,40	39,5	546,4	H
C10	1009	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	34	352,8	M
D10	1010	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	300,6	M
E10	1012	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35,5	401,7	M
F10	1013	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	33,5	335,2	M
G10	1015	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	41,5	634,6	M
H10	1016	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	34,5	340,7	M
A11	1017	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	47,5	850,5	M

B11	1019	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	36	369,2	M
C11	1020	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	35	393,8	M
D11	1021	Chile	Quintero_2	06-05-2024	-32,42	-71,41	39,5	507,2	M
E11	1083	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46,5	806,5	H
F11	1084	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	47	831,1	H
G11	1086	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44,5	855,3	H
H11	1087	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	847,3	M
A12	1088	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	44	708,1	H
B12	1089	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	46	880,7	M
C12	1090	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	50,5	1118	M
D12	1091	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	42,5	607,9	H
E12	1092	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	49,5	1036,1	M
F12	1093	Chile	Valdivia	08-08-2024	-40,26	-74,14	51,5	1053,8	H
G12	GAR474,1	Chile	Golfo de Arauco	09-06-2022	-36,94	-73,75	45,5	1395	M
H12	GAR474,2	Chile	Golfo de Arauco	09-06-2022	-36,94	-73,75	45,5	1395	M

Anexo 7. Declaración de ingreso de muestras desde aguas de Nueva Zelanda

