

Resumen de la tesis que presenta **Brenda Guadalupe Bonett Calzada** como requisito parcial para la obtención del grado de Doctor en Ciencias en Acuicultura

Genómica poblacional de la lapa gigante (*Megathura crenulata*) en las costas de la península de Baja California

Resumen aprobado por:

Dra. Fabiola Lafarga De la Cruz
Codirectora de tesis

Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez
Codirector de tesis

La lapa gigante, *Megathura crenulata*, es un molusco gasterópodo marino endémico del Pacífico, cuya distribución se extiende desde California, EE.UU., hasta Baja California Sur, México. Esta lapa produce la proteína *KLH* (*Keyhole Limpet Hemocyanin*), que es utilizada en diversas aplicaciones biomédicas. Este recurso tiene gran importancia biotecnológica y gran potencial acuícola. En México, la pesquería de esta especie carece de regulación y de estudios genómicos poblacionales. En este contexto, el objetivo de este estudio es caracterizar la morfología de *M. crenulata* a lo largo de su distribución, describir su mitogenoma y analizar su genómica poblacional. El análisis biométrico se realizó con 166 ejemplares recolectados de California (EE.UU), Ensenada, San Quintín, Isla San Jerónimo, Puerto Canoas, Punta Eugenia, Bahía Asunción e Isla Guadalupe (México). La descripción del mitogenoma, se utilizaron muestras de California, Puerto Canoas y Punta Eugenia. La diversidad genética, la estructura poblacional y los patrones de conectividad se evaluaron mediante marcadores mitocondriales y polimorfismo de un solo nucleótido (SNPs). Los resultados indicaron la presencia de tres fenotipos de manto (negro, tigre y café) y cuatro colores de concha (verde, blanco, rojo y rayado). El crecimiento de *M. crenulata* es alométrico positivo, sin influencia de los fenotipos de coloración del manto ni de concha. Se observaron variaciones geográficas en los fenotipos del manto: el café fue el más frecuente, el negro aumentó en abundancia hacia el norte y el fenotipo tigre mostró la tendencia opuesta. Isla Guadalupe registró solo fenotipo negro y conchas blancas. Por otra parte, el mitogenoma de esta especie presentó un tamaño de 16,788 pb con los 13 *PCGs*, 22 tRNAs, dos RNAs ribosomales y una región control de 454 pb. A nivel poblacional, empleando un fragmento concatenado de los genes 16S *ARNr* y citocromo oxidasa I (*COI*), se identificaron 46 haplotipos y una alta diversidad nucleotídica, se detectó homogeneidad genética y los análisis de demografía histórica sugieren una expansión y estabilización poblacional hace aproximadamente 10,000 años. Por otro lado, se identificaron 1,112 SNPs, sin embargo, no se detectaron loci *outliers*. La diversidad genómica global fue de $H_o = 0.28 \pm 0.27$ y $H_e = 0.24 \pm 0.18$ y el coeficiente de endogamia global fue negativo ($F_{IS} = -0.08 \pm 0.36$) al igual que para todas las localidades. La estructura poblacional de *M. crenulata* reveló tres agrupamientos: a) las localidades del norte y Bahía Asunción; b) Puerto Canoas y Punta Eugenia en un grupo intermedio y c) Isla Guadalupe. Los patrones de diversidad y diferenciación genética de lapa gigante son consistentes con los observados en otros gasterópodos marinos de la región (i.e. haliótidos). No obstante, la falta de regulación sobre la extracción de *M. crenulata* subraya la necesidad de establecer estrategias de manejo sostenible. Por lo cual es recomendable implementar monitoreos genéticos y ecológicos continuos para detectar cambios en la estructura poblacional, así como establecer vedas y cuotas de captura. Este estudio proporciona información clave para la conservación y manejo de *M. crenulata* como recurso pesquero y acuícola en la península de Baja California, contribuyendo a su explotación sostenible y a la seguridad alimentaria.

Palabras clave: Filogeografía, marcadores SNPs, diversidad mitocondrial, conservación, acuicultura