



UNIVERSIDAD DE CHILE – FACULTAD DE CIENCIAS – ESCUELA DE CIENCIAS
AMBIENTALES Y BIOTECNOLOGÍA.

“Alto flujo génico y nula evidencia de estructuración poblacional dentro de la distribución geográfica de la jaiba comercial *Romaleon setosum* en Chile”

Seminario de Título entregado a la Universidad de Chile en cumplimiento parcial de los requisitos para optar al Título de Biología con mención en Medio Ambiente.

Branco Davor Tubin Arenas

Director del Seminario de Título: David Véliz Baeza

Co-Director del Seminario de Título: Caren Vega Retter

Julio 2023

Santiago – Chile



INFORME DE APROBACIÓN SEMINARIO DE TÍTULO

Se informa a la Escuela de Pregrado de la Facultad de Ciencias, de la
Universidad de Chile que el Seminario de Título, presentado por
Branco Davor Tubin Arenas.

“Alto flujo génico y nula evidencia de estructuración poblacional dentro de la distribución geográfica de la jaiba comercial *Romaleon setosum* en Chile”

Ha sido aprobado por la Comisión de Evaluación, en cumplimiento parcial de los
requisitos para optar al Título de Biólogo con mención en Medio Ambiente.

Dr. David Veliz Baeza

Director Seminario de Título:

Dra. Caren Vega Retter

Co-Director Seminario de Título:

Comisión Revisora y Evaluadora

Presidente Comisión:

Evaluador:

Santiago de Chile, Julio 2023

Biografía



Mi nombre es Branco Davor Tubin Arenas, nacido el 30 de octubre de 1998 y criado en la comuna de La Florida. Hijo intermedio de 3 hermanos, apasionado por la ciencia y la naturaleza. Desde temprana edad, sentí una profunda necesidad de conocer el mundo y un deseo innato de comprender el funcionamiento de los seres vivos.

En 2017 se me dio la oportunidad de ingresar a la carrera de Bioquímica mediante una beca, pero a finales de ese año la situación académica era insostenible y opté por retirarme. Usando el mismo puntaje, el 2018 ingresé casi de suerte a Biología Ambiental en la Universidad de Chile. Hoy en día creo que es una de las mejores decisiones que he tomado, aquí me reencontré con mi pasión con la biología y descubrí que puedo incluso llegar a vivir de esto.

Mi formación me ha permitido explorar diversos campos de la biología, actualmente planeo continuar mis estudios en postgrado y luego aplicar mis conocimientos en el mundo profesional. Me interesa especialmente la investigación en genética y ecología, con el objetivo de contribuir al avance científico y la conservación del medio ambiente.

Dedicatoria

Dedicado de todo corazón a mis padres, hermanos, abuelos y todo quien haya contribuido en el desarrollo de este seminario.

Agradecimientos

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a todas las personas que contribuyeron a la realización de este trabajo. Agradezco especialmente a David y Caren por su apoyo, la oportunidad que me brindaron y por ser fuentes de inspiración para mí. También quiero agradecer a todos los integrantes del Laboratorio de Ecología y Genética, quienes me hicieron sentir como en casa durante mi estadía aquí. Mi gratitud también se extiende a mis amigos y compañeros de insomnio, quienes estuvieron ahí para compartir momentos y apoyarse mutuamente. Por último, quiero expresar mi profundo agradecimiento a mi familia y a mi pareja por su paciencia y comprensión a lo largo de esta larga etapa. Su apoyo incondicional fue fundamental para superar los desafíos y lograr este objetivo.

Índice de Contenidos

Resumen	1
Abstract	2
Introducción	3
Materiales y Métodos.....	5
<i>Obtención de muestras</i>	5
<i>Análisis genético</i>	6
<i>Control de calidad y llamado de SNP</i>	7
<i>Diversidad Genética</i>	8
<i>Estructuración Genética-poblacional</i>	8
<i>Flujo génico entre sitios muestrales de R. setosum</i>	10
<i>Comparación del tamaño geográfico de las poblaciones de decápodos</i>	11
Resultados.....	11
<i>Obtención de datos filtrados</i>	11
<i>Diversidad genética y análisis genético-poblacionales</i>	12
<i>Análisis del flujo génico</i>	16
<i>Amplitud geográfica de las poblaciones de especies de crustáceos decápodos en diferentes regiones del mundo</i>	18
Discusión	20
<i>Extensión geográfica de las poblaciones de crustáceos decápodos</i>	21
<i>Estructura genético-poblacional y gradiente en caracteres biológicos de la especie.</i> ...	22
Conclusiones	23
Bibliografía.....	24
Anexos.....	30

Índice de Tablas

Tabla 1. Análisis de la Varianza Molecular (AMOVA) realizado para detectar el efecto de las regiones (norte, centro, sur) y las localidades dentro de las regiones en la partición de la varianza total. El análisis no detectó un efecto significativo en ambos componentes. 165	
Anexo T1. Fst pareados (arriba de la diagonal) y p-valores (bajo la diagonal) estimados para pares de sitios de colecta de <i>R. setosum</i> 29	29
Anexo T2. Heterocigosis observada (H_o), Heterocigosis esperada (H_e) y Coeficiente de Endogamia (FIS) para cada sitio de muestreo. 29	29
Anexo T3. Resumen de la búsqueda de información de extensión geográfica de las poblaciones de especies de Decápodos descritos con microsatélites o SNPs. Se indica especie, Familia, coordenada y la extensión geográfica estimada. 31	31

Índice de Figuras

Figura 1. Sitios de muestreo de <i>Romaleon setosum</i> . En paréntesis se muestra el tamaño muestral.....	6
Figura 2. Valores de FIS, He y Ho obtenidos para los sitios de muestreo de <i>R. setosum</i>	12
Figura 3. Análisis de coordenadas principales (PCoA) realizado para los datos SNPs de <i>R. setosum</i> . El primer componente capturó el 1.0% de la varianza total y el segundo el 0.9%.	13
Figura 4. Heatmap de valores de FST para pares de sitios muestrales. Solo la comparación entre Dichato y Arica presentó diferencias estadísticas significativas ($p = 0.029$).	14
Figura 5. Relación entre distancia y Fst para pares de sitios muestrales de <i>R. setosum</i> . La prueba de Mantel fue realizada para pares de sitios muestrales y no mostró una asociación significativa entre las dos variables ($Z = -32.42$, $p = 0.41$).	14
Figura 6. Estructura genético-poblacional de la jaiba <i>R. setosum</i> inferida con el programa STRUCTURE para K=1 a K=5 con los 256 individuos muestreados desde 10 localidades: para este análisis se utilizó los 2.383 SNPs retenidos después de los filtros. Cada barra vertical representa un individuo en el análisis y cada color representa la probabilidad de provenir desde uno de los k clusters genéticos. A la derecha se muestran los valores promedios de LNP[k] obtenidos para cada k analizado.....	15
Figura 7. Red de migrantes entre sitios muestrales de <i>R. setosum</i> a lo largo de la costa de Chile utilizando la función divMigrate implementada en el paquete diveRsity (Keenan et al., 2013) del programa R. Cada círculo representa un sitio de muestreo y cada flecha representa la magnitud y dirección relativa de migrantes entre pares de sitios.	17
Figura 8. Tasa de migración efectiva estimada con el programa EMMS (Petkova et al. 2016) para los sitios estudiados de <i>R. setosum</i> . Log(m) muestra la tasa de migración efectiva en una escala relativa de log10 scale considerando la tasa de migración general de toda el área cubierta. El color azul representa el área donde la migración efectiva es mayor al promedio mientras que el color marrón representa áreas con migración efectiva menor al promedio. Los mapas fueron creados usando la librería rEEMSpots implementada en el programa R.	18
Figura 9. Distribución geográfica de Decápodos a partir de los artículos analizados. Cada polígono indica una población genéticamente diferenciada y cada color corresponde a una especie distinta. Los números indican su posición en el ANEXO T3 y cada uno va acompañado de una figura representativa del tipo de Decápodo al que pertenece. En color rojo y con número 1 se muestra la especie (<i>Romaleon setosum</i>) y rango geográfico estudiado en este trabajo.....	19

Lista de abreviaturas

FIS: Coeficiente de endogamia.

Ho: Heterocigosidad observada.

He: Heterocigosidad esperada.

PCoA: Análisis de Coordenadas Principales.

SNPs: Polimorfismo de Nucleótido Único.

Resumen

Conocer acerca de la estructura genético-poblacional de especies marinas comerciales es de gran importancia en pesquería. Esta estructura genético-poblacional permite definir stocks pesqueros, conocer la conectividad entre poblaciones locales e inferir acerca de posibles patrones de adaptación local, información clave para el manejo pesquero. Entre las especies bentónicas pesqueras se encuentran los crustáceos braquiuros, destacando la jaiba *Romaleon setosum* que se extrae en toda la costa de Chile. Con el objetivo de analizar la estructura genético poblacional de *R. setosum*, se utilizó la variabilidad de miles de SNPs en individuos de 10 localidades cubriendo 2700 km de distancia. Después de realizar los filtros de limpieza correspondientes a la calidad de los datos SNPs y de individuos, se retuvieron 256 individuos y 2.383 SNPs. Los resultados no mostraron evidencias de una estructura genético-poblacional de *R. setosum* en el área estudiada, sugiriendo además la presencia de migrantes entre todos los sitios estudiados. Esta evidencia muestra que en Chile existe solo una población genética de *R. setosum*, siendo una de las especies de crustáceo Cancridae que posee el más amplio rango de distribución de una población genéticamente uniforme en el mundo.

Abstract

Knowledge about the genetic population structure of commercially exploited marine species holds significant importance within the field of fisheries. This genetic population structure aids in delineating fishing stocks, understanding the connectivity between local populations, and inferring potential patterns of local adaptation, all of which are relevant pieces of information for effective fisheries management. Among the benthic species under fishery, brachyuran crustaceans stand out, with the crab *Romaleon setosum* being harvested from Arica to Ancud. To analyze the population genetic structure of *R. setosum*, thousands of SNPs were examined in individuals collected from 10 locations covering a distance of 2700 km. After applying data filters, 256 individuals and 2,383 SNPs were retained. The results did not show evidence of a genetic population structure in *R. setosum* within the studied area, further suggesting the presence of migrants among all the surveyed sites. This evidence indicates that there is only one genetic population of *R. setosum* in Chile, making it one of the Cancridae crab species with the widest range of distribution and genetic uniformity in the world.

Introducción

Gran parte de los organismos marinos bentónicos presentan un adulto con baja movilidad y una larva planctónica que permite la conectividad entre grupos de organismos presentes en diferentes lugares geográficos. Estas larvas pueden durar desde minutos hasta meses e incluso un año en la columna de agua (Schetelma 1986), siendo generalmente las especies que presentan larvas con mayor duración en el plancton las que recorren mayor distancia y mantienen cohesionadas sus poblaciones en diferentes regiones geográficas (Shanks 2009).

Si bien el tiempo del desarrollo larval planctónico se ha descrito como uno de los factores importantes en el desplazamiento de las larvas, existen otros factores que influyen directamente en la distancia geográfica que pueden alcanzar, estas son las corrientes oceanográficas y el comportamiento de las larvas (Queiroga et al. 2007). En el caso de las corrientes oceanográficas, procesos físicos a escala pequeña (turbulencia, eddies de pequeña escala), media (meandros) y gran escala (corrientes oceánicas mayores) estarían implicadas en el desplazamiento de las larvas (Pineda et al. 2007; Rudorff et al. 2009). En el caso del comportamiento, los movimientos verticales (ontogénicos o día-noche) modifican el patrón de dispersión (Neilson & Perry 2001), asociándose a mayor retención de larvas cercanas a la costa (Morgan & Fisher, 2010).

Para especies que poseen una amplia distribución geográfica, es importante considerar que existen quiebres biogeográficos que pueden producir discontinuidades genéticas de sus poblaciones. Si bien se ha descrito que estos quiebres no producen diferencias genéticas en las poblaciones de especies que poseen mayor tiempo de duración larvaria (e.g. Kelly & Palumbi 2010; Haye et al. 2014), existen excepciones donde especies con bajo potencial de dispersión tampoco son afectadas (e.g. Teske et al. 2011). Esta evidencia indica que diferentes factores pueden estar implicados en la discontinuidad de

las poblaciones.

En Chile, diferentes estudios han demostrado que las especies bentónicas no se distribuyen homogéneamente a lo largo de los 4000 km de costa, existiendo zonas biogeográficas claramente demarcadas (p. ej., invertebrados: Lancellotti & Vásquez 2000; macroalgas: Meneses & Santelices 2000). Camus et al. (2001) y Costello et al. (2017) describieron tres zonas en Chile, separadas en latitudes de 30–32°S y 40–42°S. Brattstrom y Johanssen (1983) definieron estas tres áreas como: región templada cálida (6–30°S), región templada fría (42–56°S) y un área de transición hacia el sur (de 30–33°S). Estas zonas están definidas principalmente por la presencia de surgencias permanentes (quiebre 31°S) y el efecto de la corriente circumpolar antártica (quiebre 41°S) (Thiel et al. 2007). Estas áreas de quiebre poseen además cambios drásticos en las temperaturas medias anuales (Gaitán-Espitia et al. 2014). En este contexto geográfico, existe un gran número de especies marinas bentónicas que se distribuyen en más de una de estas provincias geográficas presentando diferente grado de discontinuidad de sus poblaciones (Haye et al. 2014).

Romaleon setosum (Molina, 1782), es una especie de la familia Cancridae (Retamal et al., 2014) de valor comercial que habita desde los 12 metros de profundidad hasta la zona intermareal y se distribuye en las costas desde Guayaquil (Ecuador) hasta la península de Taitao, Chile (Garth, 1957). Según Sernapesca (2022) en Chile se extrae un promedio 443 toneladas de *R. setosum* al año para su comercialización y consumo. *R. setosum* posee un desarrollo larval planctónico de 55 a 60 días hasta zoea V a una temperatura de 13.5-14.6°C (Quintana & Saelzer, 1986). Esta especie presenta variación latitudinal en sus patrones reproductivos (Brante et al. 2004), presentando huevos de mayor tamaño y disminución de 3 a una reproducción (camada) anual hacia el sur (Fischer & Thatje 2008), lo cual sugiere la existencia de cierto grado de adaptación a la temperatura (Fischer et al. 2009). *R. setosum* se alimenta principalmente de otros crustáceos, bivalvos y gastrópodos

(Leon y Stotz 2004) y por su parte, *R. setosum* es parte de la dieta de los peces costeros como la cabrilla común *Paralabrax humeralis*, el rollizo *Pinguipes chilensis* (Medina et al. 2004) y el cefalópodo *Robsonella fontaniana* (Ibañez et al. 2009).

Los primeros estudios realizados para describir la estructura poblacional de *R. setosum* se realizaron con aloenzimas y AFLP, mostrando patrones contrastantes. El estudio de Gómez-Uchida et al. (2003) mostró cierto grado de estructuración con aloenzimas y nula diferencia en las frecuencias de alelos de AFLPs en gran parte de la distribución de la especie en Chile. Esta evidencia genética y el gradiente reproductivo indican que es posible la existencia de estructuración poblacional de *R. setosum* a lo largo de su distribución geográfica. De aquí la importancia de utilizar otros marcadores genéticos, como SNPs, los cuales han mostrado tener mejor resolución para detectar estructura genético-poblacional. Por lo tanto, en el presente estudio, utilizando SNPs, se determinó: i) la estructura genético-poblacional y ii) el flujo génico de *R. setosum* a lo largo de su distribución geográfica en Chile (18°S a 42°S), cubriendo más de 2700 km de costa y las tres zonas biogeográficas de Chile. La información aquí obtenida permitirá entonces aproximarnos a la determinación del número de poblaciones o stock pesqueros, información clave para el manejo de especies y planes de conservación.

Materiales y Métodos

Obtención de muestras

Se colectó un total de 279 individuos de *Romaleon setosum* desde diez localidades a lo largo de la costa de Chile (Fig. 1). Las muestras se obtuvieron desde Arica (n=30), Iquique (n=26), Antofagasta (n=24), Bahía Inglesa (n=22), Coquimbo (n=34), Valparaíso (n=19), Loanco (n=35), Dichato (n=30), Los Molinos (n=30) y Ancud (n=29), cubriendo cerca de 2700 km de costa. Los individuos de *R. setosum* fueron colectados por pescadores

locales usando trampas para jaibas y se obtuvo una pequeña muestra de músculo desde un pereiópodo de cada individuo el cual fue almacenado y preservado en alcohol 95% para el posterior análisis genético.

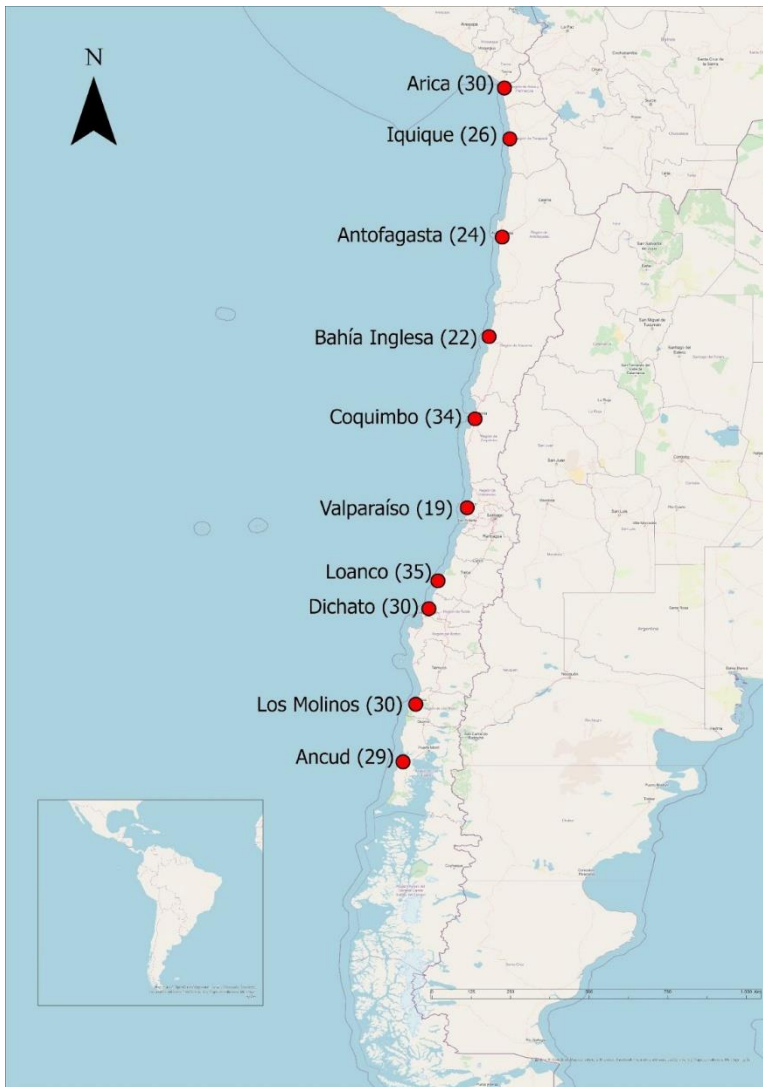


Figura 1. Sitios de muestreo de *Romaleon setosum*. En paréntesis se muestra el tamaño muestral.

Análisis genético

Un pequeño trozo de músculo de cada individuo fue puesto en una placa PCR de 96 pocillos con 100 µL de etanol 99%. La extracción de ADN y secuenciación masiva de ADN se realizó en la empresa Dart Diversity Arrays Technology Pty Ltd. (DArT, Canberra,

Australia) siguiendo el método descrito por Kilian et al. (2012). En breve, cada muestra de ADN fue digerida usando las enzimas de restricción *PstI* y *HpaII*, y fragmentos > 200 pares de bases (pb) fueron ligados con un código de 8 pb previa amplificación por PCR. Los productos PCR fueron estandarizados y secuenciados usando la plataforma Illumina HiSeq 2500 (San Diego, USA).

Control de calidad y llamado de SNP

El servicio bioinformático de Dart Diversity realizó la demultiplexación y eliminación de los códigos de barra del ADN. Detalles de este procedimiento fueron descritos por Kilian et al. (2012) y en Véliz et al. (2022). La base de datos SNPs proporcionada por Dart fue filtrada usando la librería dartR (Gruber et al. 2018), implementada en el programa R (R Core Team 2023). Los filtros utilizados fueron:

- i) Se conservó solo un SNP cuando el read presentó más de uno,
- ii) se eliminaron los SNPs que presentaron una profundidad de lectura menor a 5 y mayor a 150,
- iii) se eliminaron los loci con menos del 99% de reproducibilidad,
- iv) se eliminaron los loci monomórficos,
- v) se eliminaron los loci con más del 15% de datos faltantes,
- vi) se eliminaron los individuos que presentaron más del 20% de datos faltantes,
- vii) se eliminaron los SNPs que presentaron una frecuencia alélica mínima (MAF) <1%.

Para evitar errores en los análisis genético-poblacionales, se realizaron los siguientes procedimientos:

- i) Se determinó los niveles de parentesco entre pares de individuos. En el caso que se detectara la presencia de hermanos o medios hermanos, se eliminó uno de estos. Este

procedimiento se llevó a cabo utilizando la función `gl.grm` implementada en la librería `dartR`.

ii) Con el fin de obtener un set de datos putativamente neutros para los análisis poblacionales, se eliminaron todo los loci que presentaron una señal de estar bajo selección natural. Para esto se utilizó la función `outflank` incorporada en la librería `dartR`.

iii) Se eliminaron todo los loci que presentaron desviaciones significativas al Equilibrio Hardy Weinberg por población usando el paquete `dartR`.

iv) Se determino el desequilibrio de ligamiento entre pares de loci, utilizando el programa PLINK 2.0 (Chang et al. 2013), y se eliminó uno de ellos en el caso que el valor fuese mayor a 0.5.

Diversidad Genética

Con la base de datos de SNPs filtrados, se estimó la heterocigosidad esperada (H_e), heterocigosidad observada (H_o) y el coeficiente de endogamia (FIS) para los diez sitios, utilizando la librería `dartR`.

Estructuración Genética-poblacional

La estructura genético-poblacional se estableció usando la base de datos de SNPs neutros para los diez sitios de muestreo de *R. setosum*. Para esto se usaron cuatro análisis:

i) Un análisis de coordenadas principales (PCoA) para observar cualitativamente la distribución de individuos en un espacio multivariado. Para este análisis se utilizó la librería `ade4` (Jombart 2008) implementada en el programa R.

ii) Se estimó el índice F_{st} para pares de sitios y su respectivo valor de probabilidad utilizando la función `gl.fst.pop` implementada en la librería `dartR`. Asociado a esto, se

estimó además la posible existencia de aislamiento por distancia (IBD) utilizando F_{st} estimados y la distancia lineal entre sitios de muestreo medidas en GoogleEarth (www.google.earth.com). El test de Mantel se realizó en el programa GENETIX (Belkhir et al. 1996) y la significancia estadística fue estimada con 10000 permutaciones.

iii) Se estimó el número más probable de clusters genéticos (K) usando la aproximación Bayesiana implementada en el software STRUCTURE (Pritchard et al. 2000). Se utilizó el modelo de mezcla (“admixture”) y la correlación de frecuencias alélicas. El procedimiento se realizó tres veces para cada K, con un burn-in de 100.000 iteraciones y un after-burn in de 200.000 iteraciones. El número de clusters más probable se estimó utilizando la probabilidad de cada K usando el método descrito en el manual del programa STRUCTURE (Pritchard et al. 2010). En el análisis se estimó desde $K = 1$ hasta $K = 5$, $K = 5$ fue utilizado considerando los resultados de los otros métodos y la consecutiva disminución del valor de probabilidad de K que se observó durante el análisis.

iv) Para estimar si cada quiebre geográfico (30°S y 41°S) hace un efecto en la estructura genético poblacional de *R. setosum*, se realizó un Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) utilizando las localidades anidadas dentro de tres regiones: Norte, Centro y Sur. Las regiones norte y centro se separan en el quiebre de 30°S y la región centro y sur se separan en 41°S . De esta forma, la zona norte agrupa 5 localidades (Arica, Iquique, Antofagasta, Bahía Inglesa y Coquimbo), la zona centro cuatro localidades (Valparaíso, Loanco, Dichato, Los Molinos) y la zona sur la localidad de Ancud. A pesar de que Ancud se encuentra cerca del quiebre 41°S , se considerará externo a las localidades de la zona centro para comprobar si el quiebre afecta la estructura genético poblacional de los individuos que habitan allí.

Este análisis se realizó con la función *poppr.amova* del paquete poppr (Kamvar et al. 2015) implementado en el programa R y la significancia estadística fue calculada utilizando 1000 permutaciones.

Flujo génico entre sitios muestrales de R. setosum

Para estimar los patrones de migración entre los sitios de estudio se utilizaron dos métodos, uno implementado en la función *divMigrate* del paquete *diveRsity* (Keenan et al. 2013) en R y el otro implementado en el programa Estimating Effective Migration Surfaces (EEMS) (Petkova et al. 2016).

Con la función *divMigrate* se estimó la dirección y magnitud del flujo génico relativo entre todas las localidades. Se usó el estadístico de Alcalá ($Nm_{Alcalá}$) como medida de distancia, el cual incorpora información desde los índices G_{st} y D , por lo que es generalmente más adecuado para diferentes escenarios demográficos (Sundqvist et al. 2016). La asimetría en el flujo fue puesta a prueba usando un bootstrap de 1000 iteraciones.

En segundo lugar, se utilizó el programa Estimating Effective Migration Surfaces (EEMS) para visualizar el patrón de flujo génico entre los sitios de muestreo. EEMS estima las tasas de migración para que las diferencias genéticas observadas en los datos coincidan con las diferencias genéticas esperadas bajo un modelo de stepping-stone idealizado. Luego, estas estimaciones se interpolaron entre los sitios de muestreo para producir una representación visual de la variación genética que destaca las regiones con un flujo de genes histórico superior e inferior al promedio (Petkova et al. 2016). EEMS fue corrido usando 500 demos y tres cadenas independientes de 5 millones de iteraciones MCMC, con un burn-in de 1.000.000 y muestreo cada 9.999 iteraciones. Las varianzas propuestas fueron ajustadas considerando un rango de tasa de aceptación entre 10 y 40%. Los resultados se graficaron usando el paquete *rEEMSpIots* (Petkova et al. 2016) implementado en el programa R.

Comparación del rango geográfico de las poblaciones de decápodos

Considerando que existen varios estudios describiendo la estructura genético-poblacional de especies de crustáceos decápodos en el mundo, se realizó un análisis comparativo de la extensión geográfica de las poblaciones de este grupo de crustáceos a través de una búsqueda dirigida en Web of Science. Se realizó una primera búsqueda utilizando las siguientes palabras claves: “population structure” y “population genetics”. Dentro de estos resultados se realizó una segunda búsqueda utilizando la palabra clave: “Decapoda”.

A partir de las referencias obtenidas, se seleccionaron aquellas que presentaban análisis genético-poblacionales realizados con microsatélites y SNPs. Se descartaron los análisis realizados con ADN mitocondrial debido al menor poder estadístico obtenido con secuencias de este organelo. Se consideraron sólo decápodos marinos, descartando los estudios sobre decápodos de agua dulce. En el caso de artículos en cuya metodología se utilizaron marcadores nucleares y mitocondriales, se consideró solo los resultados provenientes de los marcadores nucleares. Se utilizó la distancia informada en cada artículo, sin embargo, cuando este valor no fue declarado, se midió la distancia entre sitios usando GoogleEarth (www.google.earth.com) asumiendo distancias lineales sobre la superficie oceánica y bordeando tierra firme según el caso. Se generó un mapa de las distribuciones poblacionales aproximadas descritas en los artículos según la Tabla Anexo T3 utilizando ArcGIS Pro (www.esri.cl) para comparar visualmente las distancias geográficas de los estudios entre distintos grupos de decápodos y este estudio.

Resultados

Obtención de datos filtrados

La secuenciación masiva entregó un total de 46.137 SNPs para los 279 individuos analizados. Después de eliminar los SNPs de baja calidad, aquellos que podrían estar

bajo selección e individuos que presentaran un alto porcentaje de datos faltantes, se retuvieron 256 individuos y 2.383 SNPs. Es importante indicar que dos individuos muestreados en la localidad de Coquimbo y dos muestreados en la localidad de Iquique presentaron un alto valor de parentesco, por lo tanto, uno de cada par emparentado fue eliminado de los análisis posteriores.

Diversidad genética y análisis genético-poblacionales

Las estimaciones de diversidad genética fueron similares entre todos los sitios estudiados (Fig. 2), no existiendo variaciones asociadas a la latitud. La heterocigosidad observada varió desde 0.0392 en Loanco hasta 0.0523 en Coquimbo, mientras que la heterocigosidad esperada fluctuó entre 0.0575 en Valparaíso y 0.0675 en Arica. El índice Fis presento valores entre 0.1859 en Coquimbo y 0.3516 en Loanco (Fig. 2).

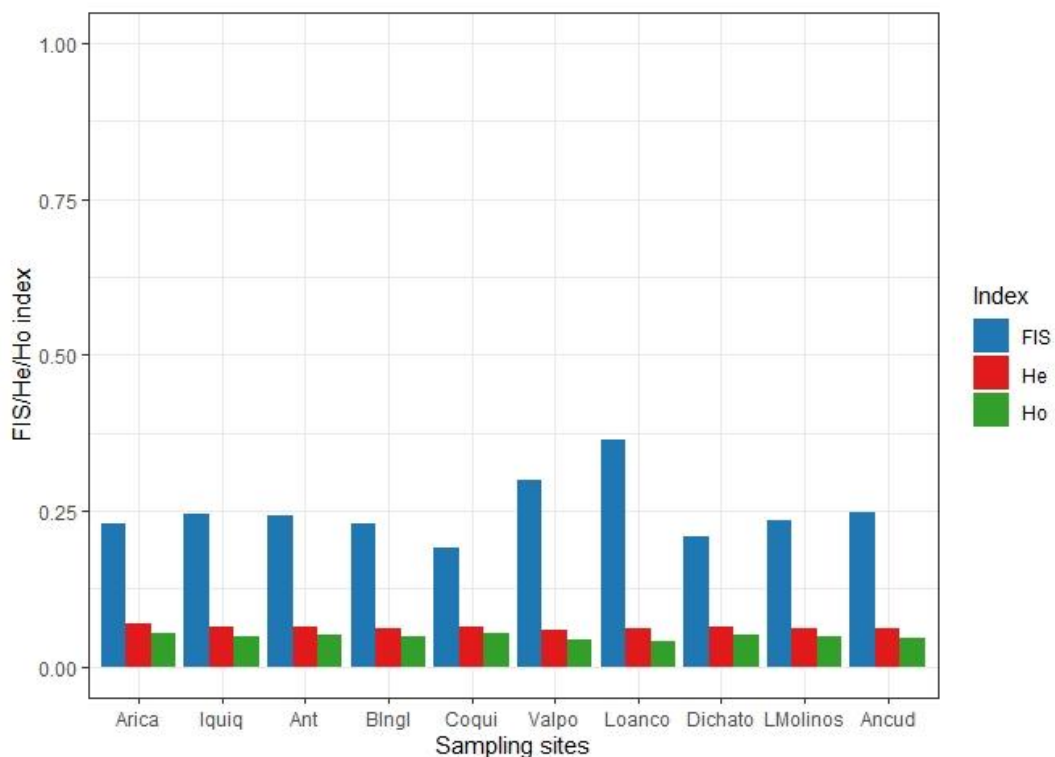


Figura 2. Valores de FIS, He y Ho obtenidos para los sitios de muestreo de *R. setosum*.

En el caso de la estructuración genético-poblacional de *R. setosum*, todos los análisis sugieren la presencia de solo una población/cluster genético a lo largo de la distribución

geográfica de la especie en Chile. El PCoA mostró que los individuos de todos los sitios se sobreponen en el espacio multivariado de los dos primeros componentes, los que explican menos del 2% de la varianza total (Fig. 3).

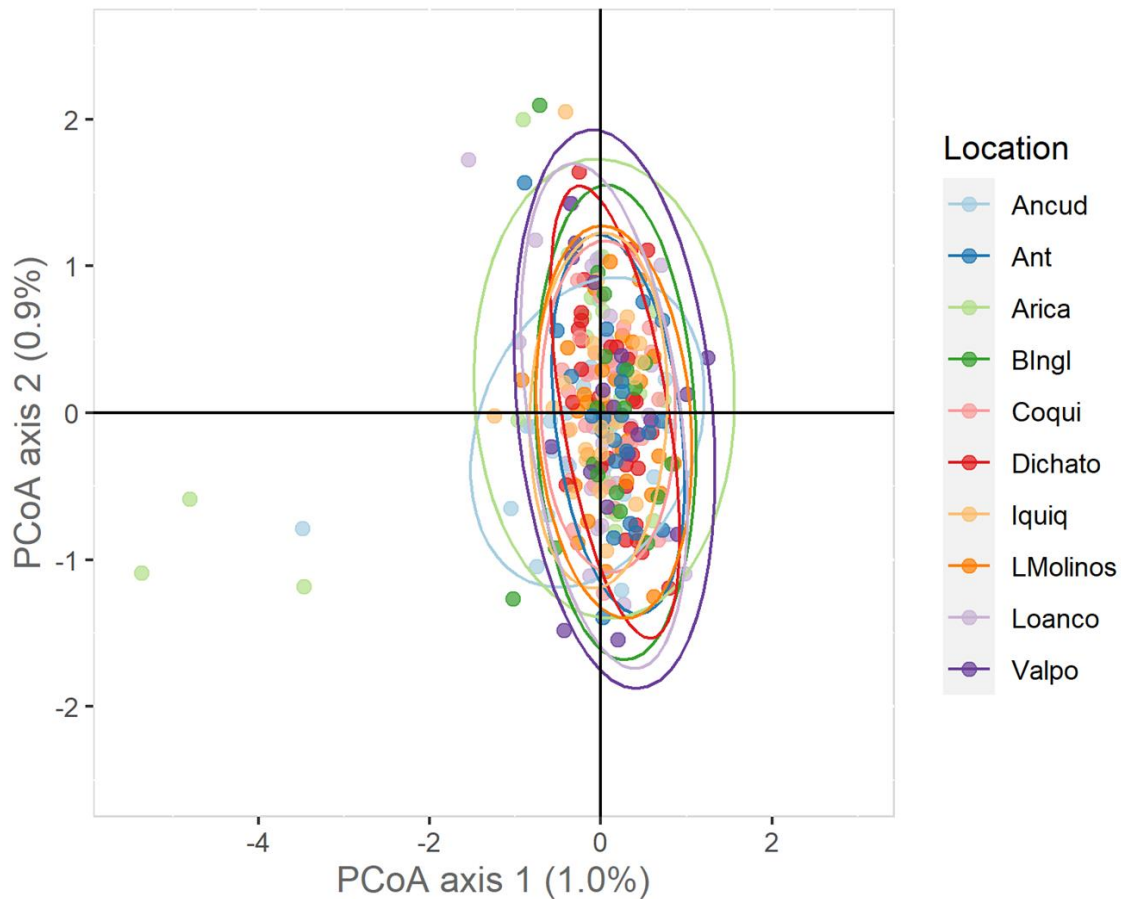


Figura 3. Análisis de coordenadas principales (PCoA) realizado para los datos SNPs de *R. setosum*. El primer componente capturó el 1.0% de la varianza total y el segundo el 0.9%.

En el caso del índice F_{st} , solo una comparación pareada mostró diferencias significativas entre sitios (Arica vs Dichato, $F_{st} = 0.0015$, $p = 0.029$, Fig. 4). Como Arica y Dichato no mostraron diferencias significativas con los otros sitios analizados, consideramos que este valor de p estimado podría ser sólo un falso positivo. Además, el análisis de aislamiento por distancia no mostró una asociación significativa entre el índice F_{st} y distancia entre pares de sitios ($Z = -32.42$, $p = 0.41$, Fig. 5).

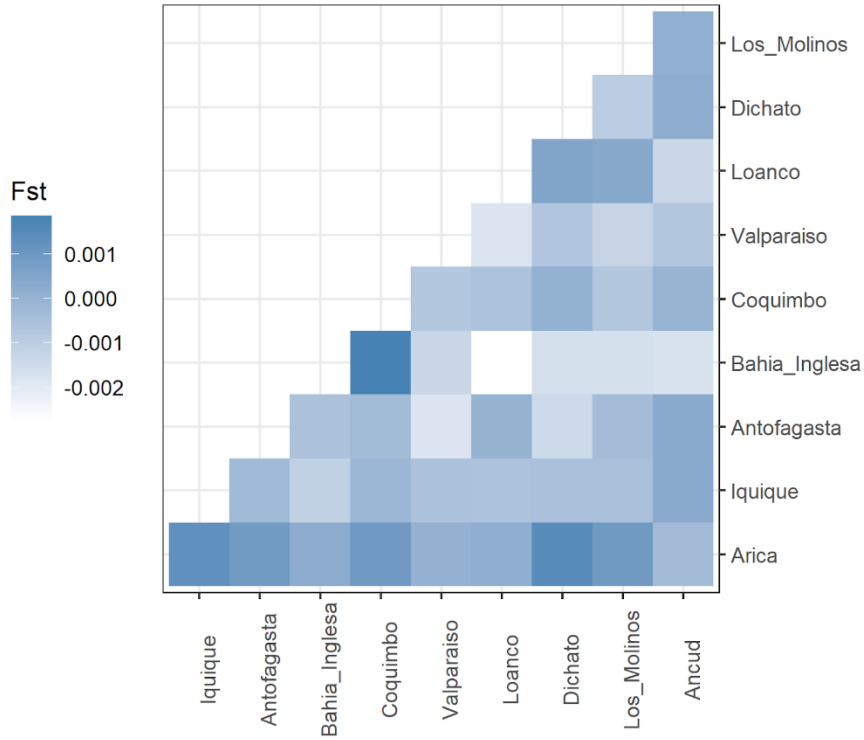


Figura 4. Heatmap de valores de FST para pares de sitios muestrales. Solo la comparación entre Dichato y Arica presentó diferencias estadísticas significativas ($p = 0.029$).

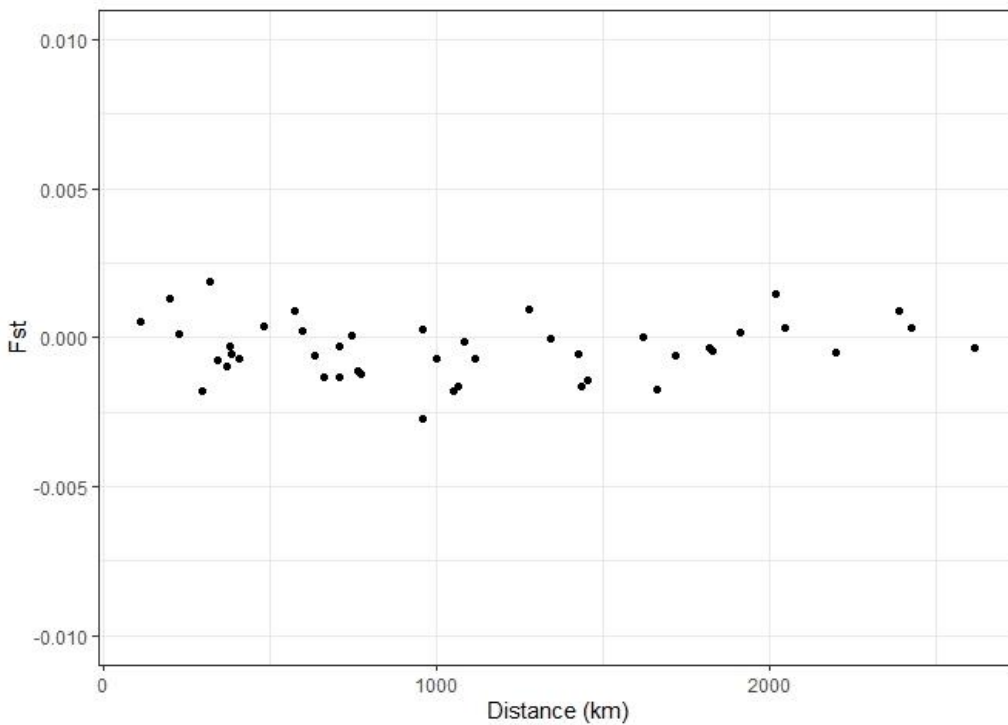


Figura 5. Relación entre distancia y Fst para pares de sitios muestrales de *R. setosum*. La prueba de Mantel fue realizada para pares de sitios muestrales y no mostró una

asociación significativa entre las dos variables ($Z = -32.42$, $p = 0.41$).

El análisis bayesiano de detección de número de cluster genéticos implementado en el programa STRUCTURE mostró que $K = 3$ presentaba el valor más alto de $\ln(K)$ (Fig. 6).

Sin embargo, no se observa diferencias en la proporción de ancestría entre cada localidad

El gráfico de los diferentes valores de k analizados muestra un claro patrón de nula estructuración entre los sitios, sugiriendo que los sitios muestreados pertenecen a un mismo clúster genético (Fig. 6).

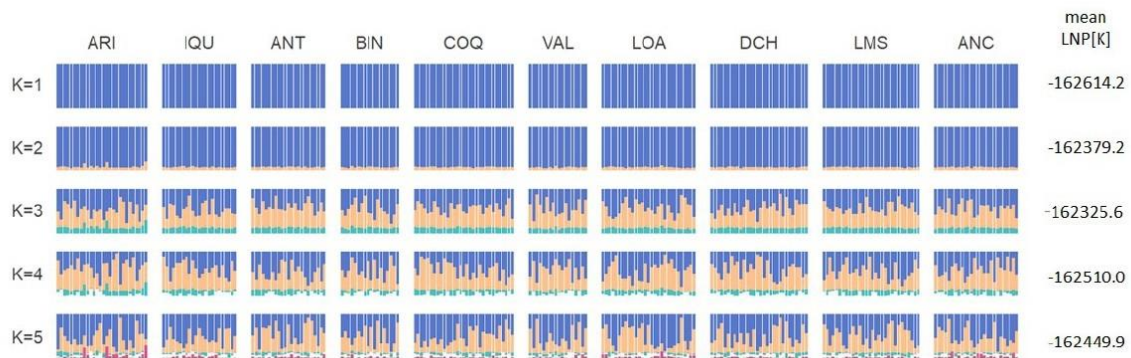


Figura 6. Estructura genético-poblacional de la jaiba *R. setosum* inferida con el programa STRUCTURE para $K=1$ a $K=5$ con los 256 individuos muestreados desde 10 localidades: para este análisis se utilizó los 2.383 SNPs retenidos después de los filtros. Cada barra vertical representa un individuo en el análisis y cada color representa la probabilidad de provenir desde uno de los k clusters genéticos. A la derecha se muestran los valores promedios de $LNP[k]$ obtenidos para cada k analizado.

El AMOVA realizado para detectar un posible efecto de los quiebres geográficos en la partición de la varianza genética no detectó diferencias significativas para regiones ($p = 0.9321$) y para localidades dentro de regiones ($p = 0.1049$) (Tabla 1). El análisis mostró además bajos valores del índice Phi tanto para regiones ($\Phi_{CT} = -9.2377e-4$) como para sitios dentro de regiones ($\Phi_{SC} = -9.0119e-4$).

Tabla 1. Análisis de la Varianza Molecular (AMOVA) realizado para detectar el efecto de las regiones (norte, centro, sur) y las localidades dentro de las regiones en la partición de la varianza total. El análisis no detectó un efecto significativo en ambos componentes.

Component of the variance	Sigma p	% Variance	P-value
Región	-0.060630	-0.000923	0.9321
Sitios dentro de regiones	0.059202	0.000902	0.1049
Error	65.633619	>0.999999	

Análisis del flujo génico

Los dos análisis de flujo génico realizados mostraron un alto movimiento de individuos entre las distintas localidades. El análisis de divMigrate indicó un fuerte flujo génico entre sitios, no detectando una asimetría significativa entre los sitios estudiados (bootstrap, $p > 0.05$, Fig. 7). La tasa de migración estimada con el programa EEMS mostró que los valores fueron ≥ 0 en toda la distribución geográfica de *R. setosum* en Chile (Fig. 8), detectando valores mayores en la zona intermedia de la distribución (Coquimbo a Concepción). Considerando además que esta especie no presentó un patrón de aislamiento por distancia (Fig. 4), los análisis sugieren que el flujo génico ocurre entre todos los sitios sin un patrón de asimetría o efecto de la distancia geográfica de las localidades.

Relative migration network
(Filter threshold=0.7 ; Nm)

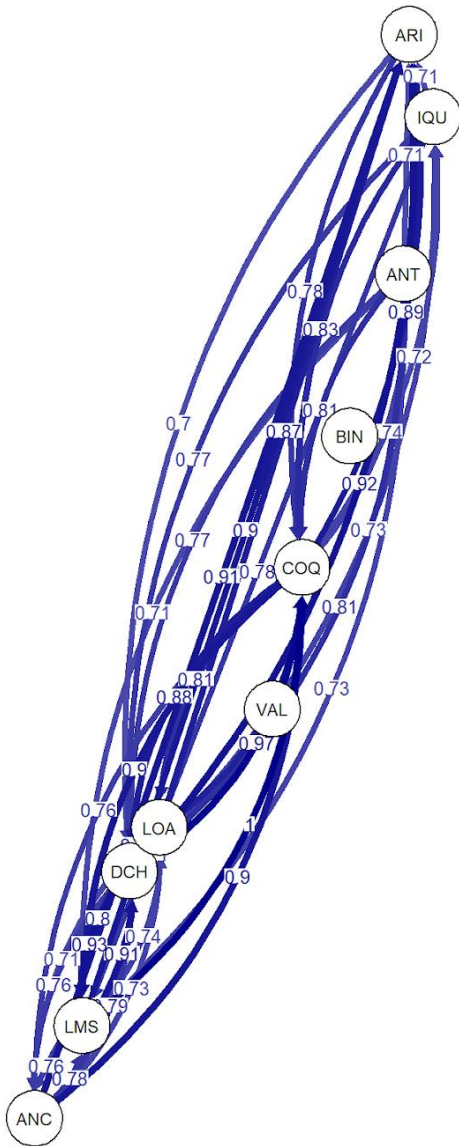


Figura 7. Red de migrantes entre sitios muestrales de *R. setosum* a lo largo de la costa de Chile utilizando la función `divMigrate` implementada en el paquete `diveRsity` (Keenan et al., 2013) del programa R. Cada círculo representa un sitio de muestreo y cada flecha representa la magnitud y dirección relativa de migrantes entre pares de sitios.

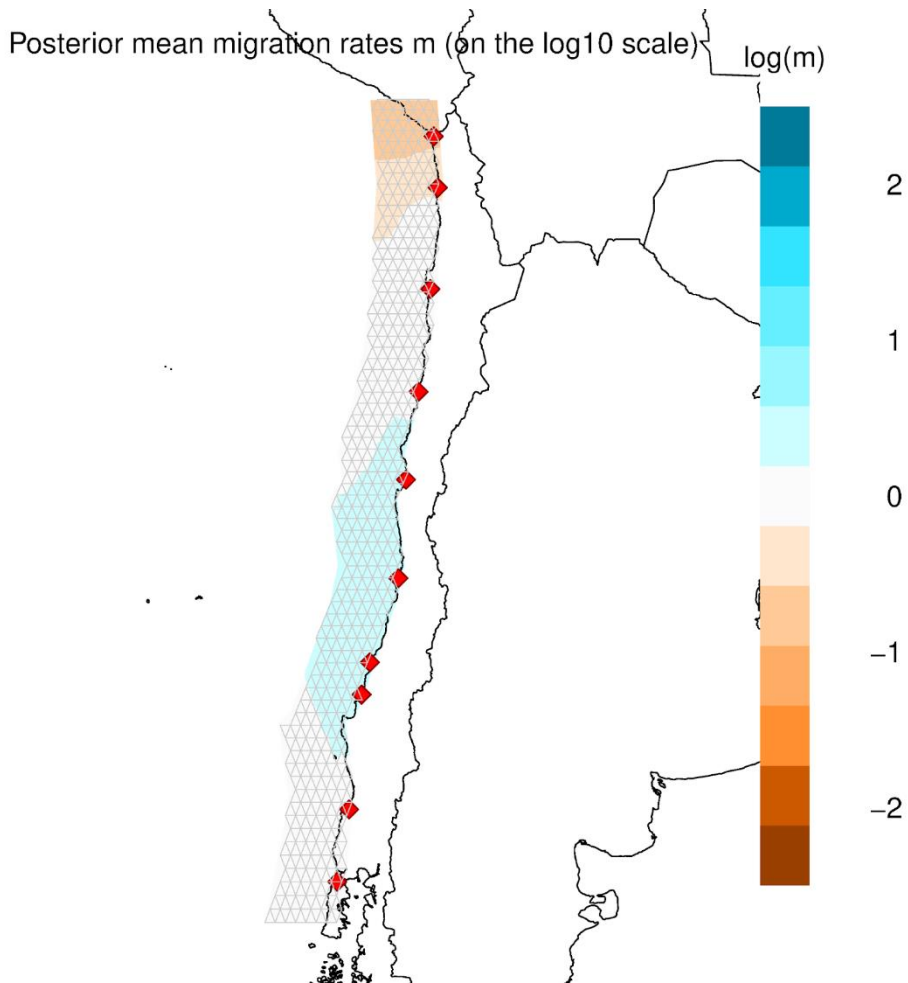


Figura 8. Tasa de migración efectiva estimada con el programa EMMS (Petkova et al. 2016) para los sitios estudiados de *R. setosum*. Log(m) muestra la tasa de migración efectiva en una escala relativa de log10 scale considerando la tasa de migración general de toda el área cubierta. El color azul representa el área donde la migración efectiva es mayor al promedio mientras que el color marrón representa áreas con migración efectiva menor al promedio. Los mapas fueron creados usando la librería rEEMSPlots implementada en el programa R.

Rango geográfico de las poblaciones de especies de crustáceos decápodos en diferentes regiones del mundo

La búsqueda de literatura en Web of Science arrojó 106 artículos con las claves utilizadas. Después de realizar la selección de artículos, se retuvieron 18 artículos, todos para crustaceos decápodos utilizando microsátélites o SNPs. Las especies estudiadas fueron principalmente de la Familia Cancridae y la Familia Palinuridae. La información se muestra en el Anexo T3 y Fig. 9. Esta búsqueda indicó que para decapodos, *Panulirus*

ornatus presenta la población con mayor rango geográfico analizado, alcanzando cerca de 6500 km de distribución. En el caso de la Familia Cancridae, *R. setosum* fue la especie que presentó hasta ahora la población con mayor extensión geográfica con 2700 km, seguida de *Metacarcinus edwardsii* (1700 km), *Cancer pagurus* (1300 km) y *Cancer magister* (960 km).

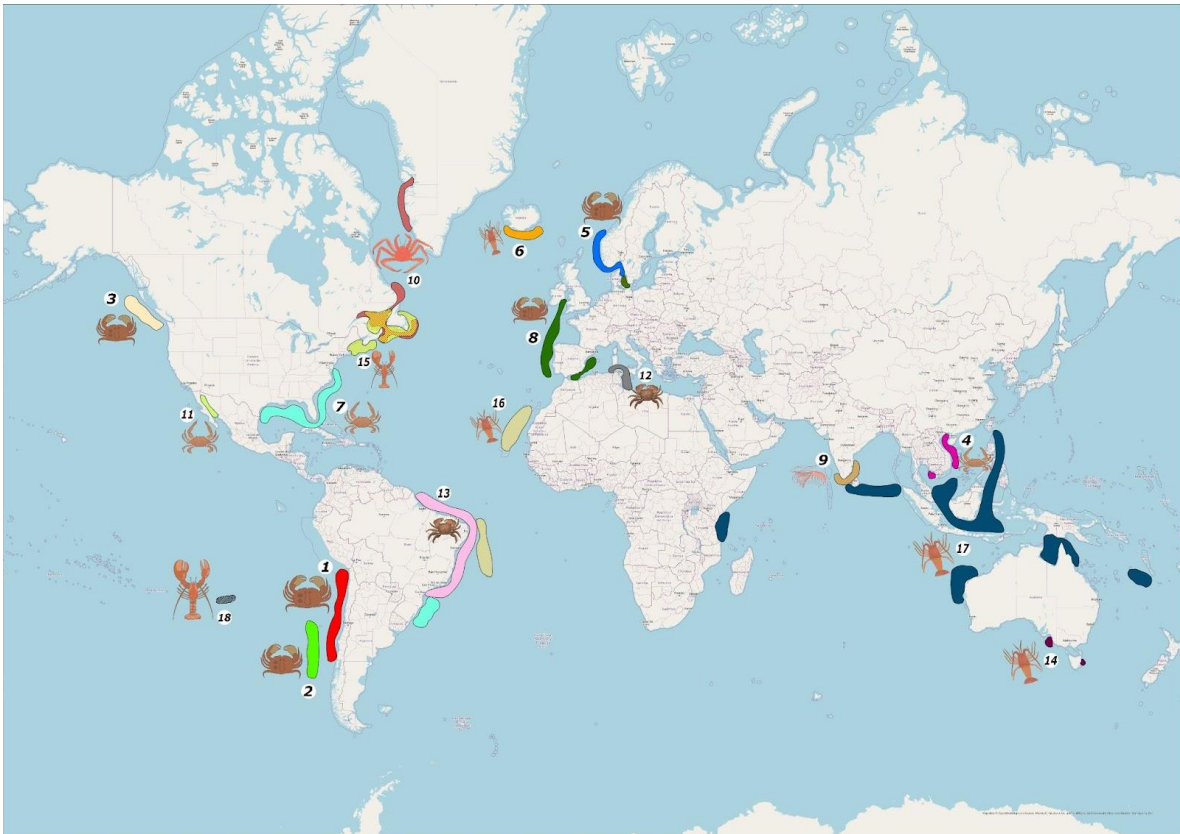


Figura 9. Distribución geográfica de Decápodos a partir de los artículos analizados. Cada polígono indica una población genéticamente diferenciada y cada color corresponde a una especie distinta. Los números indican su posición en el ANEXO T3 y cada uno va acompañado de una figura representativa del tipo de Decápodo al que pertenece. En color rojo y con número 1 se muestra la especie (*Romaleon setosum*) y rango geográfico estudiado en este trabajo.

Discusión

Los resultados del análisis genético poblacional realizado con la variabilidad de miles de SNPs en la jaiba *R. setosum* mostraron un claro patrón de nula estructuración genética a lo largo de la distribución geográfica en Chile. Estos resultados sugieren que existe sólo una población genética de la especie a lo largo de los 2.700 km de distancia de los sitios estudiados, inclusive no se ve afectada por los dos quiebres biogeográficos por las que la especie atraviesa.

Se ha escrito que los quiebres biogeográficos producen cambios tanto en la composición de especies (Costello et al. 2017) como en la estructura genética de las poblaciones de especies marinas bentónicas, principalmente asociadas al tipo y tiempo de desarrollo larvario (Kelly & Palumbi 2010). Por ejemplo, las especies con desarrollo directo son las que muestran mayor diferenciación de sus poblaciones (e.g. Collin 2001), algunas asociadas directamente con los quiebres biogeográficos (e.g. Sanchez et al. 2011). En el caso de las especies que poseen larvas planctónicas, estos quiebres geográficos afectarían principalmente a especies que poseen un tiempo reducido de desarrollo. Este patrón ha sido descrito en diferentes zonas biogeográficas, por ejemplo: South Africa (Teske et al. 2011), Chile (Haye et al. 2014), Italia (Villamor et al. 2014) y en la costa Costa Oeste de US (Kelly & Palumbi 2010).

En el caso específico de Chile, los dos quiebres geográficos descritos (30° y 41°S) han mostrado principalmente diferencias genéticas en poblaciones de bivalvos y gastrópodos. Por ejemplo, Sánchez et al. (2011) describe un efecto del quiebre de la latitud 30°S en el gasterópodo *Acanthina monodon*, especie que posee desarrollo directo (Gallardo 1979) y Araneda et al. (2016) describe un efecto del quiebre de la latitud 41°S en el chorito *Mytilus chilensis*, especie que posee un desarrollo larvario planctónico menor a 45 días (Toro et al. 2006). Entre las especies cuya estructura genético poblacional no se ve afectada por

los quiebres geográficos, se pueden nombrar peces y especies de invertebrados marinos bentónicos con desarrollo planctónico larvario de más de dos meses. En el caso de los peces, los quiebres de la latitud 30 y 41°S no afecta la estructura genética de la población del jurel *Trachurus murphyi* (Ferrada-Fuentes et al. 2023) y el quiebre de la latitud 30°S tampoco afecta la población del congrio colorado *Genypterus chilensis* (Cordova-Alarcón et al. 2019). En el caso de invertebrados marinos bentónicos, Cardenas et al. (2016) y Véliz et al. (2022) describieron un nulo efecto del quiebre de la latitud 41°S en la estructura genético-poblacional del gastrópodo “loco” *Concholepas concholepas* y la jaiba marmola *Metacarcinus edwardsii*, respectivamente.

En el caso de *Romaleon setosum*, un estudio previo realizado con el uso de aloenzimas y AFLP por Gomez-Uchida et al. (2003) mostró un patrón contrastante dependiendo del tipo de marcador genético. En el estudio de Gomez-Uchida et al. (2003), los loci aloenzimáticos estudiados mostraron diferenciación genética entre algunas de las poblaciones, sin embargo, no se detectaron diferencias significativas cuando se analizó los loci AFLP. Considerando esta información previa, nuestros resultados fueron coherentes con lo obtenido por Gomez-Uchida et al. (2003) sugiriendo la presencia de sólo una población de *R. setosum* presente en gran parte de la costa de Chile.

Extensión geográfica de las poblaciones de crustáceos decápodos

Considerando la información recopilada con relación a la estructura genético-poblacional de especies de crustáceos decápodos del mundo, es posible realizar algunas generalizaciones. Los 18 estudios realizados con microsatélites y SNPs muestran que existen estudios en casi todo el mundo para especies comerciales del grupo. Por lo general muestran solo una gran población y las que poseen más de una, estas se

encuentran separadas por discontinuidades geográficas mayores como es el caso de *C. maeneas* en US y Brasil (Domingues, 2010).

Globalmente, estas especies de crustáceos decápodos presentan poblaciones genéticas de grandes extensiones, desde la especie *Panulirus ornatus* con una población de aproximadamente 6500 km (Farhadi, 2022) hasta *Romaleon setosum* 2700 km (presente estudio). Esta comparación muestra a *R. setosum* como la especie de Cancridae que presenta la población genética de mayor extensión geográfica. Es importante indicar que en el presente estudio no se analizó la distribución geográfica completa de esta especie la cual se extiende hasta Ecuador por lo que es posible que el tamaño de la población de *R. setosum* tenga una extensión mayor a 2700 km. Finalmente, la evidencia de todas estas especies sugiere que las larvas de crustáceos decápodos permiten la conectividad de poblaciones locales separadas por varios cientos de kilómetros.

Estructura genético-poblacional y gradiente en caracteres biológicos de la especie.

Debido a la extensión geográfica de Chile y la gran cantidad de especies que presentan una amplia distribución geográfica, se han descrito ciertos patrones reproductivos ligados a la latitud. Por ejemplo, Clarke (1992) indica que los crustáceos producen huevos de mayor tamaño en altas latitudes. Un estudio realizado con diversas especies de crustáceos decápodos chilenos, incluyendo *R. setosum*, mostró que el peso de los huevos aumenta con la latitud (Brante et al. 2004). Específicamente en *R. setosum*, se ha descrito además que hacia altas latitudes se reduce el número de veces que las hembras portan huevos en un año, desde dos a tres veces por año en la zona norte de Chile a solo una por año en la zona sur (Fischer & Thatje 2008). Se ha propuesto el aumento de la inversión energética por huevo a temperaturas más bajas como una respuesta materna

adaptativa que proporciona a las larvas en incubación más energía para su prolongado desarrollo en condiciones de frío (Fischer & Thatje 2016).

Nuestros resultados genético-poblacionales permiten sugerir que el gradiente reproductivo descrito podría ser una expresión de la plasticidad reproductiva más que una adaptación a las condiciones en diferentes latitudes. En otras palabras, las características reproductivas de *R. setosum* podrían estar respondiendo según las condiciones ambientales en las cuales se desarrollan. Si bien hasta ahora es una hipótesis, es necesario entonces poner a prueba con experimentos ya sea de jardín común o trasplantes recíprocos.

Finalmente, *R. setosum* es un recurso pesquero que abastece principalmente los mercados locales. Si bien *R. setosum* representa el tercer volumen (178 ton/año) de desembarco de decápodos después de *Metacarcinus edwardsii* (3645 ton/año) y *Cancer porteri* (828 ton/año), la distribución de desembarco no es homogénea a lo largo de la costa. *R. setosum* presentó los mayores desembarcos en la latitud 36°S (104 ton/año) y la latitud 30°S (46 ton/año) durante el año 2021 (Sernapesca 2022). Esto sugiere que quizás larvas de los sitios que presentan menos capturas podrían estar subsidiando a los sitios con mayor captura, más estudios se requieren para determinar esto, ya que esta información es clave para dirigir de mejor forma el manejo pesquero de la especie.

Conclusiones

A partir de este estudio se puede concluir que *Romaleon setosum*:

- 1) Presenta un alto flujo génico en toda la costa de Chile.
- 2) No muestra indicios de estructuración poblacional en su distribución en Chile.
- 3) Dentro de los Cancridos es la población que presenta mayor extensión geográfica.

Bibliografía

Araneda C, Larraín MA, Hecht B, Narum S (2016) Adaptive genetic variation distinguishes Chilean blue mussels (*Mytilus chilensis*) from different marine environments. *Ecology and Evolution* 6: 3632–3644.

Beacham TD, Supernault J & Miller KM (2008) Population Structure of Dungeness crab (*Cancer magister*) in British Columbia. *Journal of Shellfish Research* 27: 901-906.

Brante A, Cifuentes S, Pörtner HO, Arntz W, Fernández M (2004) Latitudinal comparisons of reproductive traits in five Brachyuran species along the Chilean coast. *Revista Chilena de Historia Natural* 77: 15–27.

Brattstrom H, Johanssen A (1983) Ecological and regional zoogeography of the marine benthic fauna of Chile. *Sarsia* 68: 289.

Camus PA (2001) Marine biogeography of continental Chile. *Revista chilena de historia natural* 74(3): 587-617.

Cardenas L, Castilla JC, Viard F (2016) Hierarchical analysis of the population genetic structure in *Concholepas concholepas*, a marine mollusk with a long-lived dispersive larva. *Marine Ecology* 37: 359–369.

Chang CC, Chow CC, Tellier LC, Vattikuti S, Purcell SM, Lee JJ (2015) Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience* 4: 7.

Cisneros-Mata MA, Munguía-Vega A, Rodríguez-Félix D, Aragón-Noriega EA, Grijalva-Chon JM, Arreola-Lizárraga JA, Hurtado LA (2019) Genetic diversity and metapopulation structure of the brown swimming crab (*Callinectes bellicosus*) along the coast of Sonora, Mexico: Implications for fisheries management. *Fisheries Research* 212: 97–106.

Clarke A (1992) Reproduction in the cold: Thorson revisited, *Invertebrate Reproduction & Development* 22: 175–183.

Collin R (2001) The effects of mode of development on phylogeography and population structure of North Atlantic *Crepidula* (Gastropoda: Calyptraeidae). *Molecular Ecology* 10: 2249–2262.

Córdova-Alarcón VR, Araneda C, Jilberto F, Magnolfi P, Toledo MI, Lam N (2019) Genetic diversity and population structure of *Genypterus chilensis*, a commercial benthic marine species of the South Pacific. *Frontiers in Marine Sciences* 6:748.

Costello MJ, Tsai P, Wong PS, Cheung AKL, Basher Z, Chaudhary C (2017) Marine biogeographic realms and species endemism. *Nature Communications* 8: 1057.

Dang BT, Rahman MA, Tran SQ, Glenner H (2019) Genome-wide SNP analyses reveal population structure of *Portunus pelagicus* along Vietnam coastline. *PLoS ONE* 14(11): e0224473.

Deli T, Fratini S, Ragoneri L, Said K, Chatti N, Schubart CD (2016) Phylogeography of the marbled crab *Pachygrapsus marmoratus* (Decapoda, Grapsidae) along part of the African Mediterranean coast reveals genetic homogeneity across the Siculo-Tunisian Strait versus heterogeneity across the Gibraltar Strait. *Marine Biology Research* 12: 471-487

Domingues CP, Creer S, Taylor MI, Queiroga H, Carvalho GR (2010) Genetic structure of *Carcinus maenas* within its native range: larval dispersal and oceanographic variability. *Marine Ecology Progress Series* 410: 111-123.

Dorant Y, Laporte M, Rougemont Q, Cayuela H, Rochette R, Bernatchez L (2022) Landscape genomics of the American lobster (*Homarus americanus*). *Molecular Ecology* 31:5182-5200.

Farhadi A, Pichlmüller F, Yellapu B, Lavery S, Jeffs A (2022) Genome-wide SNPs reveal fine-scale genetic structure in ornate spiny lobster *Panulirus ornatus* throughout Indo-West Pacific Ocean. *ICES Journal of Marine Science* 79(6): 1931-1941.

Ferrada Fuentes S, Galleguillos R, Herrera-Yáñez V, Canales-Aguirre CB (2023) Population Genetics of Chilean Jack Mackerel, *Trachurus murphyi* Nichols, 1920, (Pisces, Carangidae), in Waters of the South Pacific Ocean. *Fishes* 8: 162.

Fischer S, Thatje S (2008) Temperature-induced oviposition in the brachyuran crab *Cancer setosus* along a latitudinal cline: Aquaria experiments and analysis of field-data. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 357: 157-164.

Fischer S, Thatje S (2016) Temperature effects on life-history traits cause challenges to the management of brachyuran crab fisheries in the Humboldt Current: A review. *Fisheries Research* 183: 461-468,

Fischer S, Thatje S, Graeve M, Paschke K, Kattner G (2009) Bioenergetics of early life-history stages of the brachyuran crab *Cancer setosus* in response to changes in temperature. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 374: 160–166.

Gaeta J, Acevedo I, López-Márquez V, Freitas R, Cruz R, Maggioni R, Herrera R, Machordom A (2019) Genetic differentiation among Atlantic Island population of the Brown spiny lobster *Panulirus echinatus* (Decapoda: Palinuridae). *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 30(5): 868-881.

Gaitán-Espitia JD Bacigalupe LD, Opitz T, Lagos NA, Timmermann T, Lardies MA (2014) Geographic variation in thermal physiological performance of the intertidal crab *Petrolisthes violaceus* along a latitudinal gradient. *Journal of Experimental Biology* 217: 4379–4386.

Gallardo CS (1979) Developmental pattern and adaptations for reproduction in *Nucella crassilabrum* and other muricacean gastropods. *Biological Bulletin* 157: 453–463.

Garth JS (1957) The Crustacea Decapoda Brachyura of Chile. *Lunds Universitets Årsskrift*, 50–51.

Gomez-Uchida D, Weetman D, Hauser L, Galleguillos R & M Retamal (2003) Allozyme and AFLP analyses of genetic populations structure in the hairy edible crab *Cancer setosus* from the Chilean coast. *Journal of Crustacean Biology* 23: 486–494.

Gruber B, Unmack PJ, Berry OF, Georges A (2018) dartr: An R package to facilitate analysis of SNP data generated from reduced representation genome sequencing. *Molecular Ecology Resources* 18: 691–699.

Haye PA, Segovia NI, Muñoz-Herrera NC, Gálvez FE, Martínez A, Meynard A, Pardo-Gandarillas MC, Poulin E, Faugeron S (2014) Phylogeographic Structure in Benthic Marine Invertebrates of the Southeast Pacific Coast of Chile with Differing Dispersal Potential. *PLoS ONE* 9(2): e88613.

Ibáñez CM, Sepúlveda RD, Sanhueza E, Ruiz JF, Chong J (2009) Estrategias de forrajeo de *Robsonella fontaniana* (d'Orbigny, 1834) (Cephalopoda: Octopodidae) *Revista de Biología Marina y Oceanografía* 44(2): 277–283.

Jombart T (2008). “*adegenet*: a R package for the multivariate analysis of genetic markers.” *Bioinformatics*, 24, 1403-1405.

Kamvar ZN, Brooks JC, Grünwald NJ (2015) Novel R tools for analysis of genome-wide population genetic data with emphasis on clonality. *Frontiers in Genetics* 6: 208.

Keenan K, McGinnity P, Cross TF, Crozier WW, Prodöhl PA (2013) *diveRsity*: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution* 4:782–788.

Kelly RP, Palumbi SR (2010) Genetic structure among 50 species of the northeastern Pacific rocky intertidal community. *PLoS ONE* 5: e8594.

Kilian A, Wenzl P, Huttner E, JCarling J, Xia L, Blois H, Caig V, Heller-Uszynska K, Jaccoud D, Hopper C, Aschenbrenner-Kilian M, Evers M, Peng K, Cayla C, Hok P, Uszynski G (2012) Diversity arrays technology: A generic genome profiling technology on open platforms. *Methods in Molecular Biology* 888: 67–89.

Lancellotti DA, Vasquez JA (2000) Zoogeografía de macroinvertebrados bentónicos de la costa de Chile: contribución para la conservación marina. *Revista Chilena de Historia Natural* 73: 99–129.

León RI, Stotz WB (2004) Diet and prey selection dynamics of *Cancer polyodon* in three different habitat types in Tongoy Bay, Chile. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 84: 751-756.

Macedo D, Caballero I, Mateos M, Leblois R, McCay S, Hurtado LA (2019) Population genetics and historical demographic inferences of the blue crab *Callinectes sapidus* in the US based on microsatellites. *PeerJ* 7: e7780.

Medina M, Araya M, Vega C (2004) Alimentación y relaciones tróficas de peces costeros de la zona norte de Chile. *Investigaciones Marinas* 32: 33-47.

Meerhoff E, Yannicelli B, Dewitte B, Díaz-Cabrera E, Vega-Retter C, Ramos M, Bravo L, Concha E, Hernández-Vaca F, Veliz D (2018) Asymmetric connectivity of the lobster *Panulirus pascuensis* in remote islands of the Southern Pacific: importance for its management and conservation. *Bulletin of Marine Science* 94(3):753–774.

Meneses I, Santelices B (2000) Patterns and breaking points in the distribution of benthic algae along the temperate Pacific coast of South America. *Revista Chilena de Historia Natural* 73: 615–623.

Molina GI (1782) *Saggio sulla storia naturale del Chile*. 1-367, map. Bologna.

Morgan SG, Fisher JL (2010) Larval behavior regulates nearshore retention and offshore migration in an upwelling shadow and along the open coast. *Marine Ecology Progress Series* 404: 109–126.

Neilson JD, Perry RI (2001) Fish migration, vertical. *Encyclopedia of Ocean Science* (2nd ed) pages 411-416.

Oliveira-Neto JF, Baggio RA, Ostrensky A, Chammas MA, Boeger WA (2014) Assessing the genetic diversity and gene flow of populations of the crab *Ucides cordatus* (Decapoda: Ocypodidae) on the Brazilian coast using Microsatellite markers. *Journal of Crustacean Biology* 34(1): 70-75.

Pampoulie C, Skirnisdottir S, Hauksdottir S, Olafsson K, Eiríksson H, Chosson V, Hreggvidsson GO, Gunnarsson GH, Hjørleifsdottir S (2011) A pilot genetic study reveals the absence of spatial genetic structure in Norway lobster (*Nephrops norvegicus*) on fishing grounds in Icelandic waters. *ICES Journal of Marine Science* 68: 20–25.

Petkova D, Novembre J, Stephens M (2016) Visualizing spatial population structure with estimated effective migration surfaces. *Nature Genetics* 48: 94–100.

Pineda J, Hare JA, Sponaugle S (2007) Consequences for population connectivity. *Oceanography* 20: 22–39.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945–959.

Pritchard JK, Wen X, Falush D (2010) Documentation for structure software: Version 2.3. University of Oxford <http://pritch.bsd.uchicago.edu/structure.html>.

Puebla O, Sévigny JM, Sainte-Marie B, Brêthes JC, Burmeister A, Dawe EG, Moriyasu M (2008) Population genetic structure of the snow crab (*Chionoecetes opilio*) at the Northwest Atlantic scale. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 65(3):425–436.

Purushothaman P, Chakraborty RD, Gidda M, Ganesan K (2020) Investigation of genetic diversity and stock structure of *Aristeus alcocki* Ramadan, 1938 (Decapoda: Aristeidae) populations in the Indian coast with microsatellite markers. *Fisheries Research* 227: 105550.

Queiroga H, Cruz T, dos Santos A, Dubert J, González-Gordillo JA, Paula J, Peliz A, Santos AMP (2007) Oceanographic and behavioural processes affecting invertebrate larval dispersal and supply in the western Iberia upwelling ecosystem. *Progress in Oceanography* 74: 174–191.

Quintana R, Saelzer H (1986) The complete larval development of the edible crab, *Cancer setosus* Molina and observation on the prezoéal and first ideal stages of *C. coronatus* Molina (Decapoda: Brachyura: Cancridae). *Journal of the faculty of Sciences Hokkaido University Series VI, Zoology* 24(4): 267-303.

R Core Team (2023) A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

Retamal MA, Angulo A, Olivares T. (2014) On the taxonomical status of the Chilean species of *Cancer* Linneo, 1758 (Crustacea, Decapoda) and description of the Neotype of *Cancer setosus* Molina 1782. *World Research Journal of Zoology* 1: 1-3.

Rudorff CAG, Lorenzzetti JA, Gherardia DFM, Lins-Oliveira JE (2009) Modeling spiny lobster larval dispersion in the Tropical Atlantic. *Fisheries Research* 96: 206-215.

Sánchez R, Sepúlveda RD, Brante A, Cárdenas L (2011) Spatial pattern of genetic and morphological diversity in the direct developer *Acanthina monodon* (Gastropoda: Mollusca). *Marine Ecology Progress Series* 434: 121-131.

Sernapesca (2022) Anuario Estadístico de Pesca y Acuicultura. <http://www.sernapesca.cl/informes/estadisticas>

Shanks AL (2009) Pelagic larval duration and dispersal distance revisited. *Biological Bulletin* 216: 373-385.

Teske PR, Papadopoulos I, Mmonwa KL, Matumba TG, McQuaid CD, Barker NP, Beheregaray LB (2011) Climate-driven genetic divergence of limpets with different life histories across a southeast African marine biogeographic disjunction: different processes, same outcome. *Molecular Ecology* 20: 5025-5041.

Thiel M, Macaya E, Acuña E, Arntz W, Bastias H, Brokordt K, Camus P, Castilla JC, Castro LR, Cortés M, Dumont CP, Escribano R, Fernández M, Lancellotti DA, Gajardo JA, Gaymer CF, Gómez I, González AE, González HE, Haye PA, Illanes JE, Iriarte JL, Lancellotti DA, Luna-Jorquera G, Luxoro C, Manríquez PH, Marín V, Muñoz P, Navarrete SA, Pérez E, Poulin E, Sellanes J, Sepúlveda HH, Stotz W, Tala F, Thomas A, Vargas CA, Vásquez JA, Vega A. (2007) The Humboldt Current System of Northern and Central Chile: oceanographic processes, ecological interactions and socioeconomic feedback. *Oceanography and Marine Biology Annual Review* 45: 195–344.

Toro JE, Castro GC, Ojeda JA, Vergara AM (2006) Allozymic variation and differentiation in the Chilean blue mussel, *Mytilus chilensis*, along its natural distribution. *Genetics and Molecular Biology* 29: 174–179.

Ungfors A, McKeown NJ, Shaw PW, Andre C (2009) Lack of spatial genetic variation in the edible crab (*Cancer pagurus*) in the Kattegat–Skagerrak area. *ICES Journal of Marine Science*, 66: 462–469.

Veliz D, Rojas-Hernández N, Vega-Retter C, Zaviezo C, Garrido I, Pardo LM (2022) Spatial and temporal stability in the genetic structure of a marine crab Despite a biogeographic break. *Scientific Reports* 12:14192.

Villacorta-Rath C, Souza CA, Murphy NP, Green BS, Gardner C, Strugnell JN (2017) Temporal genetic patterns of diversity and structure evidence chaotic genetic patchiness in a spiny lobster. *Molecular Ecology* 27(1): 54-65.

Villamor A, Costantini F, Abbiati M (2014) Genetic Structuring across Marine Biogeographic Boundaries in Rocky Shore Invertebrates. *PLoS ONE* 9(7): e101135.

Anexos

Anexo T1. Fst pareados (arriba de la diagonal) y p-valores (bajo la diagonal) estimados para pares de sitios de colecta de *R. setosum*.

	Arica	Ancud	Loanco	Los Molinos	Coquimbo	Dichato	Valparaíso	Bahía Inglesa	Iquique	Antofagasta
Arica		-0,00032	0,000157	0,000921	0,0009453	0,001482	0,00004105	0,0002672	0,00131	0,0009045
Ancud	0,641		-0,00133	0,0001313	-0,00004748	0,0002097	-0,0007228	-0,001749	0,000339	0,0003074
Loanco	0,425	0,912		0,0003725	-0,0005991	0,0005387	-0,001787	-0,002732	-0,00059	-0,00001629
Los Molinos	0,147	0,462	0,34		-0,000711	-0,00096	-0,00123	-0,00164	-0,00049	-0,000361
Coquimbo	0,144	0,562	0,773	0,84		0,00007606	-0,0007373	0,001858	-0,00016	-0,0003047
Dichato	0,029	0,4	0,264	0,889	0,44		-0,000692	-0,00164	-0,00047	-0,00142
Valparaíso	0,506	0,695	0,909	0,894	0,748	0,74		-0,0013	-0,00057	-0,00179
Bahía Inglesa	0,43	0,933	0,996	0,958	0,056	0,957	0,828		-0,0011	-0,000567
Iquique	0,061	0,367	0,713	0,728	0,58	0,684	0,66	0,842		-0,000284
Antofagasta	0,183	0,375	0,502	0,681	0,605	0,938	0,949	0,686	0,626	

Anexo T2. Heterocigosis observada (H_o), Heterocigosis esperada (H_e) y Coeficiente de Endogamia (FIS) para cada sitio de muestreo.

Sitios de muestreo	H_o	H_e	FIS
Arica	0.0539	0.0675	0.2167
Iquique	0.0480	0.0617	0.2389
Antofagasta	0.0496	0.0631	0.2313
Bahía Inglesa	0.0481	0.0599	0.2203
Coquimbo	0.0523	0.0632	0.1858
Valparaíso	0.0421	0.0575	0.2889
Loanco	0.0392	0.0593	0.3516
Dichato	0.0503	0.0617	0.1990
Los Molinos	0.0484	0.0611	0.2203
Ancud	0.0458	0.0599	0.2508

Anexo T3. Resumen de la búsqueda de información de extensión geográfica de las poblaciones de especies de Decápodos descritos con microsatélites o SNPs. Se indica especie, Familia, coordenada y la extensión geográfica estimada.

N°	Nombre científico	Familia	Coordenadas geográficas	Distancia aprox (km)	Referencia
1	<i>Romaleon setosum</i>	Cancriidae	18°46'S 70°33'W - 41°86'S 73°83'W	2700	Este estudio.
2	<i>Metacarcinus edwardsii</i>	Cancriidae	33°01'S 71°39'W - 45°26'S 72°55'W	1700	Veliz et al. (2022)
3	<i>Cancer magister</i>	Cancriidae	54°15'N 131°55'W - 48°38'N 123°33'W	960	Beacham et al. (2008)
4	<i>Portunus pelagicus</i>	Portunidae	a. 20°99'N 107°35'E - 12°15'N 109°23'E. b. 10°24'N 103°94'E - 10°00'N 105°07'E	a. 1150 b. 150	Dang et al. (2019)
5	<i>Cancer pagurus</i>	Cancriidae	57°06'N 11°30'E - 62°40'N 06°39'E	1300	Ungfors et al. (2009)
6	<i>Nephrops norvegicus</i>	Nephropidae	64°24'N 23°16'E - 63°40'N 15°48'E	500	Pampoulie et al. (2011)
7	<i>Callinectes sapidus</i>	Portunidae	a. 37°45'N 76°12'W - 26°06'N 97°07'W b. 26°90'S 48°64'W - 31°40'S 51°04'W	a. 4000 b. 600	Macedo et al. (2019)
8	<i>Carcinus maenas</i>	Carcinidae	a. 53°14'N 4°10'W - 36°28'N 6°11'W b. 35°34'N 6°00'W - 40°38'N 0°43'W c. 58°15'N 11°25'E	a. 2200 b. 1000 c. 1 sample site	Domingues et al. (2010)
9	<i>Aristeus alcocki</i>	Aristeidae	09°94'N 76°24'E - 13°06'N 80°29'W	1000	Purushothaman et al. (2020)
10	<i>Chionoecetes opilio</i>	Oregoniidae	a. 69°01'N 52°03'W - 65°36'N 52°49'W b. 54°72'N	a. 500 b. 3500	Puebla et al. (2008)

			56°94'W - 45°60'N 60°31'W		
11	<i>Callinectes bellicosus</i>	Portunidae	31°30'N 113°56'W - 26°32'N 109°32'W	700	Cisneros-Mata et al. (2019)
12	<i>Pachygrapsus marmoratus</i>	Grapsidae	36°54'N 07°45'E - 32°52'N 13°20'E	1000	Deli et al. (2016)
13	<i>Ucides cordatus</i>	Ocypodidae	02°16'N 50°21'W - 25°73'S 48°44'W	5000	Oliveira-Neto et al. (2014)
14	<i>Jasus edwardsii</i>	Palinuridae	a. 36°33'S 139°24'E b. 41°52'S 148°18'E	2 sample sites separated by 1000 km	Villacorta-Rath et al. (2017)
15	<i>Homarus americanus</i>	Nephropidae	a. 50°00'N 55°45'W - 44°84'N 62°22'W b. 44°66'N 63°15'W - 41°25'N 69°98'W	a. 3200 b. 1200	Dorant et al. (2022)
16	<i>Panulirus echinatus</i>	Palinuridae	a. 28°02'N 17°36'W - 16°45'N 24°55'W b. 03°51'S 32°25'W - 20°28'S 29°21'W	a. 1400 b. 1900	Gaeta et al. (2019)
17	<i>Panulirus ornatus</i>	Palinuridae	a. 01°75'S 41°56'E - 10°43'S 40°54'E b. 05°87'N 80°59'E - 05°58'N 95°29'E c. 11°31'N 109°01'E - 21°87'N 120°82'E - 11°92'N 121°88'E - 04°46'N 118°63'E - 08°58'S 116°06'E d. 19°26'S 146°84'E - 10°07'S 142°35'E e. 21°95'S 113°91'E f. 20°97'S 165°66'E	a. 950 b. 1500 c. 6500 d. 1000 e. 1 sample site f. 1 sample site	Farhadi et al. (2022)

18	<i>Panulirus pascuensis</i>	Palinuridae	27°16'S 109°33'W - 26°47'S 105°36'W	400	Meerhoff et al. (2018)
----	-----------------------------	-------------	--	-----	---------------------------