Código del Proyecto
FIP 2006-52

Título del Proyecto
Caracterización Genética de los Principales
Recursos Pesqueros de Chile

Tipo de Informe
Informe final Corregido

Unidad Ejecutora
Universidad de Los Lagos
Laboratorio de Genética & Acuicultura
Osorno

Jefe de Proyecto
Gonzalo Gajardo G.

Subcontrato: U. de Concepción (Dr. Ricardo Galleguillos)
Consultores: Dr. Jorge Toro (U. Austral) y Dr. José Gallardo
(U. Católica de Valparaíso)
Colaboradores: Srta. Patricia Beristain (U. de Los Lagos)
Srta. Magaly Encina (U. de Concepción)

RESUMEN EJECUTIVO

Las características genéticas de una población o especie en conjunto con sus circunstancias ambientales determinan su destino evolutivo, en otras palabras su continuidad en el tiempo. En este sentido son atributos importantes de las poblaciones y especies la cantidad y la distribución espacio-temporal de la variabilidad genética. La variabilidad es el sustrato para responder a condiciones ambientales impredecibles, mientras que su distribución heterogenea intra-específica refleja la diferenciación de poblaciones adaptadas a condiciones locales. Este tipo de estructuración genética tiende a ser mayor en especies dulceacuícolas producto de su aislamiento geográfico.

La variación alélica en un gen, que es la fuente última de alternativas para el cambio adaptativo, como la diferenciación de poblaciones locales, son expresiones de la biodiversidad de un ecosistema y constituyen la base del principio Precautorio de la FAO que sugiere a los Estados "conservar la diversidad genética y la integridad de las comunidades y ecosistemas acuáticos mediante un adecuado manejo".

El proyecto es un esfuerzo por catastrar y procesar inicialmente la información disponible para recursos genéticos acuáticos con la finalidad de disponer de una base de datos sobre: 1) especies que se cultivan y/o aquellas potencialmente cultivables (objetivo 1); 2) recursos pesqueros actual o potencialmente explotables de las costas Chilenas (objetivo 2); 3) capacidades nacionales de investigación a nivel gubernamental y académica, para llevar a cabo estudios genéticos en especies acuáticas (objetivo 4). Un último objetivo (# 3) fue la realización de un taller de difusión.

Las especies objetivos del proyecto se identificaron considerando las estadísticas reportadas por la Subsecretaria de Pesca (SUBPESCA) y el Servicio Nacional de Pesca (SERNAPESCA). La nómina de cultivos experimentales autorizados, o en etapa piloto, se obtuvo de SUBPESCA y de la lista de especies hidrobiológicas vivas de importación autorizada que elabora anualmente SERNAPESCA. La revisión bibliográfica consideró revistas

nacionales e internacionales, tesis de pre y post-grado, bibliotecas y base de datos de proyectos disponibles en SERNAPESCA; Fondo de Investigación Pesquera (FIP); Instituto de Fomento pesquero (IFOP); Fondo de Fomento al Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDEF), Fondo de Desarrollo Científico Tecnológico (FONDECYT), INNOVA (CORFO). Se utilizó el motor de búsqueda CINCEL considerando las siguientes palabras claves (español o inglés, según correspondiera): nombre científico del recurso, genética, gen, acuicultura, pesquerías, marcador genético, variabilidad genética, estructura genética, aloenzima, ADN nuclear, ADN mitocondrial, cromosomas, genética cuantitativa, RAPD, RFLP, AFLP, EST, SNP, microsatélite. Se revisaron igualmente las bases de datos y publicaciones de las siguientes entidades: National Center for Biotechnology Information (NCBI), European Molecular Biology Laboratory (EMBL); DNA Data Bank of Japan (DDBJ); Mitochondrial Genome Database of Fish (MitoFish); Consortium for Barcode of Life (CBOL); Integrated Taxonomic Information System (ITIS).

Los resultados del proyecto incluyen un listado de 232 referencias bibliográficas con algún tipo de información genética, de las cuales 99 (42%) corresponden a peces marinos y 27 a dulceacuícolas (12%), 76 a moluscos (33%), 21 a algas (9%), 6 a crustáceos (3%) y el resto a tunicados y equinodermos (1%). Del total de referencias, 177 (60,87%) corresponden a especies nativas y 55 (39,13%) a especies exóticas. Un segundo aporte del proyecto, quizás el más relevante, es la confección de 37 fichas para cada especie, en las que se ha procesado la información genética publicada por autores nacionales. Estas resumen el problema abordado, la metodología (incluyendo áreas de muestreo), las herramientas de análisis y los principales resultados. Un tercer aporte lo constituye la lista de capacidades nacionales, o laboratorios, que están en condiciones de realizar investigación en genética tanto a nivel gubernamental como académico. El cuarto resultado corresponde a la habilitación de una página Web[1] la cual contiene toda la información producida por el proyecto, que es de público acceso. Un resultado adicional, no contemplado en el proyecto, es la confección de un Indice de Prioridad de Investigación en Genética (IPIG) que considera el valor de mercado, el número de publicaciones disponibles para el recurso y las toneladas producidas o cosechadas. Dependiendo de la importancia asignada a cada

1(http://www.laboratoriogenetica.cl/propuestafip.htm).

factor, este índice puede ser usado para priorizar líneas de investigación deficitarias o para asignar financiamiento para especies cuyo nivel de conocimiento genético es críticamente limitado.

El proyecto arroja las siguientes conclusiones: 1) las fichas constituyen un esfuerzo por digerir la literatura disponible y presentarla de manera amigable a los usuarios. Este esfuerzo inicial deberá ser mejorado y suplementado en la medida que se reciban sugerencias y los investigadores nos faciliten sus nuevas publicaciones y/o aquellas que no se hubieren considerado en el presente proyecto; 2) La caracterización genética disponible a la fecha en el país para recursos pesqueros, acuícolas y nativos es muy fragmentaria y ha sido generada de manera no sistemática. Por ejemplo, estudios cuya finalidad es conocer la estructura genética intra-específica consideran un número restringido de localidades o poblaciones, es decir una fracción del rango actual de distribución de la especie. Tampoco consideran la variable temporal que significa monitorear las características genéticas investigadas con posterioridad al estudio realizado; 3) La mayor parte de los trabajos publicados responden preguntas de interés científico que no reflejan sintonía con las necesidades de los usuarios finales. Se requiere un diálogo fluido entre éstos y los científicos para identificar problemas de interés común, para que de esta forma los resultados y sus interpretaciones sean de utilidad mutua. Un signo de esta desconexión de intereses se refleja en que las especies más explotadas, o cosechadas, son generalmente aquellas con menos información genética de respaldo; 4) especial atención requieren el salmón del Atlántico, el principal producto de cultivo y a la vez el menos estudiado (IPIG=3.96). Una situación similar ocurre con la trucha arcoiris (2.21), el pelillo (3.3) y los choritos (2.64).

Para invertebrados y algas, que son recursos pesqueros, el IPIG es mayor que para sus congéneres cultivados. El caso del Erizo, la Almeja y el Loco son igualmente sorprendentes por el alto valor relativo que alcanza el Indice.

En recursos pesqueros, la Anchoveta (IPIG= 3.3), el Jurel (2.97) y la Merluza común (2.97) son ejemplos de la desinformación que los afecta. Hay un número importante de especies dulceacuícolas que están en categoría de vulnerables, cuya extracción ha sido prohibida recientemente, de las que

prácticamente no hay información genética; 5) Se requiere conformar una fuerza de trabajo inter-institucional que se preocupe de generar, de manera urgente, una línea base para aquellos recursos más críticos. Este grupo debería coordinar los problemas a abordar, el tipo de diseño experimental o de muestreo requerido y usar herramientas inter-calibradas para el análisis integrado de los resultados; 6) Se requiere prioridad de financiamiento para las especies señaladas en el punto 4, considerando un horizonte mayor de tiempo para monitorear la evolución de las características genéticas evaluadas; 7) hay capacidades humanas y técnicas para responder a este desafío, especialmente en el área geográfica donde se encuentran las especies, o donde se realiza la actividad industrial. Igualmente, para responder a las exigencias internacionales en el ámbito sanitario que exigen trazabilidad para los productos pesqueros y acuícolas de exportación; 8) un futuro proyecto debería considerar especies ornamentales, organismos genéticamente modificados y especies cultivadas en otras latitudes que eventualmente pudieran introducirse al país. Finalmente, 9) es destacable el rol del FIP al financiar este tipo de catastro que junto con hacer posible un diagnóstico permite un análisis prospectivo en torno a dos industrias relevantes para el país: acuicultura y pesquerías, así como para especies que son potenciales recursos. Difícilmente se encuentran oportunidades de financiamiento con este propósito en el país. La pobre caracterización genética que evidencia este proyecto para recursos de importancia económica actual y potencial es una prueba de aquello. La Base de Datos con Información Genética Básica que se ha conformado deberá crecer para eventualmente corregir las deficiencias evidenciadas por este informe. Este tipo de información se requiere para innovar en un tema clave para el desarrollo del país: la explotación sustentable de sus recursos. Ello requiere una mirada con un horizonte algo más largo que lo inmediato, que es en definitiva el horizonte para la sustentabilidad. La poca base de sustentación científica tiende a hacerse patente cuando se enfrentan problemas como el ISA en la salmonicultura, o la sobreexplotación en las pesquerías que produce un cambio en la historia de vida que puede hacer irreversible la recuperación de la especie, población, o stock objetivo.

INDICE GENERAL

Página

RESUMEN EJECUTIVO **02-05**

INDICE GENERAL **06**

INDICE TABLAS **07**

INDICE FIGURAS **08**

INDICE ANEXOS **09-10**

1. OBJETIVO GENERAL **11**
2. OBJETIVOS ESPECIFICOS **11**
3. ANTECEDENTES **12-15**
4. METODOLOGIA **16-18**
4.1. Objetivo Específico 16
4.1.1. Recopilación de información genética disponible de las especies actual y potencialmente cultivables 16
4.2. Objetivo Específico 17
4.2.1. Identificación de los principales recursos desembarque Industrial, desembarque artesanal por región y especie 17
4.3. Objetivos. Conocer la experiencia nacional e internacioanal en esta materia (Taller) 17-18
4.4. Objetivo 18
5. RESULTADOS **19-22**
5.1. Fichas 19
5.2. Base de datos 19-20
5.3. Taller Internacional 20-21
5.4. Catastro de Capacidades Nacionales 21
5.5. Resultado adicional: indice para priorizar recursos para investigación 22
6. ANALISIS DE LOS RESULTADOS **23-24**
7. CONCLUSIONES **25-26**
8. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS **26**

ANEXOS
Anexo I. Términos Técnicos de Referencia **27-29**
Anexo II. Tablas 31-46
Anexo III. Figuras 48-54
Anexo IV. Fichas por grupos 56-243
Anexo V. Informe Final en pdf (en CD)

INDICE TABLAS

Tabla 1. Nómina de especies, nativas y exóticas, actualmente cultivadas en de Chile..... **31**

Tabla 2. Nómina de especies, nativas y exóticas, de interés acuícola, en etapa de cultivo experimental/piloto **32-33**

Tabla 3. Resumen de referencias de genética para recursos acuícolas y pesqueros..... **34-35**

Tabla 4. Resumen de referencias de genética, número de especies por grupo taxonómico..... **36-37**

Tabla 5. Resumen del estado del conocimiento en genética de los principales recursos cultivados y pesqueros..... **38-39**

Tabla 6. Recopilación de proyectos y tesis para especies que son actual o potencialmente recursos acuícola y pesqueros **40**

Tabla 7. Ponderación de importancia de investigación de acuerdo a desembarques, Nº publicaciones y valor del recurso **41**

Tabla 8. Promedio desembarques año 1998-2005, Numero de Publicaciones/Informes/Proyectos y valor del recurso (US$/Kg) para especies de cultivo. **42**

Tabla 9. Promedio desembarques año 1998-2005, Numero de Publicaciones/Informes/Proyectos y valor del recurso (US$/Kg) para especies de pesquerías **43**

Tabla 10. Promedio desembarques año 1998-2005 y número de Publicaciones/Informes/Proyectos para peces marinos..... **44**

Tabla 11. Capacidades nacionales de investigación a nivel gubernamental y académicas, para llevar a cabo estudios genéticos en especies acuáticas **45**

INDICE FIGURAS

Figura 1. Porcentaje de las especies de interés acuícola, nativas y exóticas, en etapa de cultivo experimental o piloto..... **48**

Figura 2. Porcentaje de las especies de interés acuícola, nativas y exóticas que se cultivan actualmente **49**

Figura 3. Número de publicaciones en revistas nacionales e internacionales de los principales recursos pesqueros y acuícolas..... **50**

Figura 4. Porcentaje de publicaciones en revistas nacionales e internacionales de los principales recursos pesqueros y acuícolas exóticos y nativos **51**

Figura 5. Número de publicaciones en revistas nacionales e internacionales de los principales grupos taxonómicos **52**

Figura 6. Porcentaje de publicaciones en revistas nacionales e internacionales de los principales grupos taxonómicos **53**

Figura 7. Taller Internacional realizado en la Universidad Católica de Valaparaíso **54**

INDICE ANEXOS

Anexo I. Términos Técnicos de Referencia

1. **PROYECTO……..27**
2. **ANTECEDENTES……27**
3. **OBJETIVO GENERAL……..28**
4. **OBJETIVOS ESPECIFICOS……..28**
5. **METODOLOGIA……28-29**
6. **RESULTADOS ESPERADOS……..29**

Anexo II. Tablas.....31-46
Anexo III. Figuras.....48-54

Anexo IV. Fichas

Fichas Equinodermos
Erizo de Mar 56-58
Fichas Tunicados
Piure..... 60-61
Fichas Peces Agua Dulce
Trucha.....63-72
Bagre chico 73-75
Pejerrey chileno 76-79
Toyo.....80-82
Bagre grande.....83-86
Puye.....87-90
Fichas Crustáceos
Krill.....92-96
Peces Marinos
Congrio colorado.....98-99
Orange roughy 100-108
Anchoveta..... 109-113
Merluza negra..... 114-119
Jurel..... 120-126
Congrio dorado 127-132
Salmón del Atlántico..... 133-136
Pez espada..... 137-145
Merluza del Sur..... 146-150
Merluza común 151-154
Reineta..... 155-161
Sardina..... 162-166
Alfonsino..... 167-173
Congrio negro..... 174-178
Merluza de tres aletas..... 179-182
Sardina española 183-185

Fichas Moluscos
Jibia 187-191
Calamar 192-195
Cholga 196-198
Choro 199-201
Ostión del Norte 202-207
Loco 208-210
Abalón rojo 211-217
Almeja 218-220
Chorito 221-227
Ostra chilena 228-235
Fichas Algas
Huiro 237-239
Pelillo 240-243

1. OBJETIVO GENERAL

Catastrar y procesar la información genética disponible para recursos pesqueros y potencialmente explotables junto a especies cultivadas o potencialmente cultivadas de las costas chilenas para disponer de una base de datos de estudios genéticos existentes para tales especies.

2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

2.1. Reunir y procesar la información genética disponible para las especies que se cultivan y/o aquellas potencialmente cultivables.

2.2 Reunir y procesar la información genética disponible para recursos pesqueros actual o potencialmente explotables de las costas Chilenas.

2.3 Conocer la experiencia nacional e internacional en esta materia.

2.4 Identificar las capacidades nacionales de investigación a nivel gubernamental y académica, para llevar a cabo estudios genéticos en especies acuáticas cultivadas (y potencialmente cultivables), y en aquellas que constituyen recursos pesqueros actuales y potenciales.

3. ANTECEDENTES

¿Por qué es importante tener una línea base de información genética para especies que se cultivan (o que son potencialmente cultivables), y para aquellas que son recursos pesqueros actuales o potenciales?

Porque ciertos atributos de las poblaciones o especies, que son esenciales para su persistencia en el tiempo (evolución), dependen de la cantidad y de cómo se distribuye intra-específicamente la variabilidad genética. Ambos atributos varían espacio-temporalmente y se sabe que hay una correlación directa entre mayores niveles de variabilidad genética y una mejor respuesta en parámetros de la Adecuación Darwiniana (fitness). El monitoreo de la variabilidad genética es igualmente importante para una explotación sustentable y para lograr una mayor eficiencia productiva, puesto que el cautiverio y la selección artificial asociada al mejoramiento productivo tienden a su disminución.

La necesidad de crecer económicamente ha llevado a la sobreexplotación de muchos recursos naturales acuáticos, especialmente en países en vias de desarrollo. El caso del bacalao es un ejemplo de cómo la sobre-explotación produce cambios evolutivos irreversibles al afectar parámetros de la historia de vida (tamaño y edad a la madurez sexual), situación que impide que el recurso se recupere luego del levantamiento de la veda (Olsen et a. 2004). Las consecuencias de esta observación son relevantes para el manejo y explotación sustentable de los recursos pesqueros. Por otra parte, la acuicultura ha surgido, en la mayor parte de los casos, para evitar la extinción e incrementar la oferta de un recurso sobre-explotado. No obstante, la acuicultura es causante de otros problemas que amenazan su sustentabilidad (contaminación, introducción de especies exóticas, pérdida de biodiversidad nativa y enfermedades). En otras palabras, las actividades antrópicas están alterando el acervo de genes de las especies y de esta manera su potencial evolutivo.

Los países firmantes del acuerdo de Rio de Janeiro, entre los que se cuenta Chile, han acordado que para el año 2010 detendrán el actual ritmo de

pérdida de biodiversidad. Esto exige buscar mecanismos para que ello sea posible. La hipótesis de trabajo que subyace a este proyecto es que tanto la acuicultura como las pesquerías deberían ser una fuente de recursos relativamente inagotable, siempre que sean manejados sustentablemente. Un requerimiento para ello es, como se sostiene en el proyecto, conocer y mantener la variabilidad y estructura genética de las especies en el ecosistema. Esto significa mantener su continuidad espacio-temporal y consecuentemente la estabilidad del ecosistema, aunque la relación entre estabilidad y biodiversidad no está del todo comprendida.

Los adelantos actuales en el uso de marcadores genéticos hipervariables y de las herramientas de la genómica auguran beneficios en lo que se refiere a pesquisar en el medio natural genes de importancia para la adaptación de las poblaciones, o stocks, o para mejorar las condiciones de producción en cautiverio. Un aspecto relevante para el uso aplicado de la información genética es que se requiere sintonía entre el científico que genera los resultados y el usuario de los mismos, requerimiento que surge del método con que el científico genera e interpreta sus resultados. Inicialmente se requiere identificar un problema y formular una hipótesis explicativa, la que a su vez condiciona el diseño experimental o de muestreo y las herramientas específicas para la verificación o rechazo de la hipótesis formulada. Si el problema identificado por el científico no tiene relación con el del usuario, o grupo de interés (*stakeholder*), la información disponible puede no ser de utilidad. Por ejemplo, el concepto de stock pesquero tiene distinto significado para el que explota el recurso que para aquel que desea conservarlo, especialmente si está en peligro por sobreexplotación. Para este último la unidad a conservar podría ser diferente (Unidades Evolutivamente Significativas, ESU en inglés, o Unidades Significativas para el Manejo, MSU). Por otra parte, mantener individuos en cautiverio para su posterior liberación al medio con fines de repoblamiento, que es lo que han realizado varios proyectos tendientes a favorecer la pesca recreativa, requiere maximizar la variabilidad genética que es precisamente lo que se tiende a disminuir en cautiverio. Para repoblar se requiere igualmente conocer previamente si la especie está estructurada genéticamente en la naturaleza, es decir saber si la

diversidad genética se distribuyera heterogéneamente entre ríos dentro de una cuenca, entre cuencas, etc. Si así fuera, la translocación de poblaciones entre diferentes ríos podría afectar las características genéticas de la población local y los rasgos fenotípicos relacionados, incluyendo algunos de interés para el pescador deportivo. Finalmente, el escape de especies exóticas al ecosistema (salmones, por ejemplo), tiene teóricamente efectos negativos para la biodiversidad nativa y ello genera una serie de nuevos problemas para cuya aproximación la información genética, incluyendo el protocolo metodológico y el tipo de análisis de los datos son relevantes (Gajardo & Laikre, 2003). Lo anterior demuestra que los intereses, problemas y visiones sobre un particular recurso difieren entre un cultivador, un conservacionista y un empresario de la pesca recreativa.

El escenario más negativo para la explotación sustentable y monitoreo de los recursos genéticos es la desinformación respecto de los procesos evolutivos que aseguran la persistencia de las poblaciones y especies en el ecosistema (o en cautiverio).

Antecedentes generales del proyecto

El proyecto es ejecutado por el Laboratorio de Genética & Acuicultura de la Universidad de Los Lagos, en colaboración con la Universidad de Concepción (Subcontrato) y dos consultores, entre quienes se repartió el trabajo de revisar las siguientes especies:

Unidad ejecutora (G. Gajardo; P. Beristain)

Esturión de Siberia, Lenguado Fino, Salmón del Atlántico, Salmón Coho, Salmón Rey, Trucha Arcoiris, Turbot, Calamar, Calamar rojo o Jibia, Caracol Locate, Caracol Trumulco, Culengue, Lapa, Lapa Negra, Lapa Reina, Lapa Rosada, Navajuela, Ostión del Sur, Camarón de Roca, Camarón de Río, Camarón de Río del Norte, Centolla, Centolla del Norte, Krill, Langosta de Juan Fernández, Langosta Enana, Langostino Amarillo, Langostino Colorado, Langostino Enano, Puye, Trucha café, Pejerrey, Tollo, Lamprea de Bolsa o Blanca.

Numero total de especies: 34

Universidad de Concepción (Subcontrato, Dr. R. Galleguillos)

Jurel, Alfonsino, Anchoveta, Bacalao, Congrio Colorado, Congrio Dorado, Congrio Negro, Merluza Austral, Merluza Común, Merluza tres Aletas, Orange, Pez Espada, Reineta, Sardina Común, Sardina española.

Numero total de especies: 15

Dr. José Gallardo (Consultor)

Luche, Pelillo, Ahnfeltia, Carola, Cochayuyo, Chasca, Chascón, Chicorea de mar, Huiro, Huiro Palo, Liquen Gomoso, Luga-luga, Luga cuchara o corta, Luga negra o crespa, Luga roja, Juliana o tawera, Macha, Ostión Patagónico, Pulpo, Taquilla, Centollón, Jaiba, Jaiba mora, Jaiba Marmola, Jaiba Limón, Jaiba Panchote o Cangrejo, Jaiba Peluda o Pachona, Jaiba Patuda, Jaiba Reina, Jaiba Remadora, Erizo.

Numero total de especies: 31

Dr. Jorge Toro (Consultor)

Abalón Japonés, Abalón rojo, Cholga, Chorito, Choro zapato, Ostión del Norte, Ostra Chilena, Ostra del Pacífico, Almeja, Caracol Palo Palo, Caracol Picuyo, Caracol

Piquilhue, Caracol rubio, Caracol Tegula, Caracol Trophon, Chitón o apretador, Chitón Espinoso, Chocha, Huepo, Jibia, Loco, Tumbao, Camarón de Talud, Camarón Nailon, Cangrejo dorado de J. Fernández, Gamba, Picoroco, Erizo, Piure, Pepino de mar, Peladilla, Farionela listada, Bagre grande, Bagrecito, Bagre chico, Puye, Tollo de agua dulce, Bagre.

Numero total de especies: 40

4. METODOLOGÍA

4.1 Objetivo Específico

Para el cumplimiento de este objetivo se identificó las especies actual y potencialmente cultivables, considerando las estadísticas reportadas por la Subsecretaria de Pesca (SUBPESCA) y el Servicio Nacional de Pesca (SERNAPESCA). Se estableció un listado con la nómina de los cultivos experimentales o en etapa piloto autorizados por SUBPESCA y se revisó la nómina especies hidrobiológicas vivas de importación autorizada, que elabora anualmente SERNAPESCA.

4.1.1. Recopilación de información genética disponible de las especies actual y potencialmente cultivables

Para este objetivo y también para el 4.2, la búsqueda de material bibliográfico consideró: i) revistas de bibliotecas nacionales e internacionales; ii) tesis de pre y post-grado; iii) bibliotecas y base de datos de proyectos disponibles en SERNAPESCA (Valparaíso), Fondo de Investigación Pesquera (FIP) e IFOP iv) FONDEF v) FONDECYT vi) INNOVA y vii) material disponible en bases de datos nacionales e internacionales.

Palabras claves. Se utilizó el motor de búsqueda CINCEL (www.cincel.cl) considerando las palabras claves (español o inglés, según corresponda): nombre científico del recurso (según información de 4.1.1), genética, gen, acuicultura, pesquerías, marcador genético, variabilidad genética, estructura genética, aloenzima, ADN nuclear, ADN mitocondrial, cromosomas, genética cuantitativa, RAPD, RFLP, AFLP, EST, microsatélites.

Otros buscadores.

- National Center for Biotechnology Information (NCBI)
- European Molecular Biology Laboratory (EMBL)
- DNA Data Bank of Japan (DDBJ)
- Mitochondrial Genome Database of Fish (MitoFish)

- Consortium for Barcode of Life (CBOL)
- Integrated Taxonomic Information System (ITIS)

4.2 Objetivo Específico

Reunir y procesar la información genética para recursos pesqueros actual o potencialmente explotables de las costas Chilenas.

4.2.1 Identificación de los principales recursos desembarque industrial y desembarque artesanal por región y especie

Chile posee 29 puertos de desembarque industrial y 316 puertos de desembarque artesanal, los que incluyen principalmente pequeñas caletas. A través de las estadísticas reportadas por la Subsecretaria de Pesca (SUBPESCA) y el Servicio Nacional de Pesca (SERNAPESCA) se obtuvo información de los principales recursos por especie en periodos de tiempo determinados, tanto para los sub-sectores pesquero industrial y artesanal y de centros de cultivo. Con esto se obtuvo información sobre los principales recursos explotados y aquellos de creciente explotación por zonas geográfica.

4.3 Objetivos. **Conocer la experiencia nacional e internacional en esta materia (Taller).**

Los objetivos principales del taller fueron i) presentar los resultados del proyecto; ii) concordar una lista de recursos explotados y no explotados que requieren análisis genético y para que propósitos; iii) evaluar -mediante el análisis de las fichas- estrategias y áreas de muestreo, tamaño y época del muestreo, registro para toma de muestras biológicas con fines genéticos en embarcaciones; iv) evaluar el análisis de datos genéticos (tipos de marcadores moleculares y tipos de análisis estadísticos, tamaño de la muestra, software); v) discutir oportunidades de entrenamiento en genética como parte de la formación de profesionales del área; generar recomendaciones sobre oportunidades de intercambio entre investigadores nacionales e internacionales del área genética; vi) generar una lista de investigadores más

relevantes en el área de genética aplicada a acuicultura, pesquerías y conservación; vii) discutir un programa de desarrollo para la genética aplicada a la acuicultura, pesquerías y conservación.

4.4 Objetivo

Identificar las capacidades nacionales de investigación a nivel gubernamental y académica para llevar a cabo estudios genéticos en especies acuáticas cultivadas (y potenciales), y en aquellas que constituyen recursos pesqueros, actuales o potenciales.

Se realizó un catastro de investigadores, profesionales y laboratorios de investigación (gobierno, academia, privados) vinculados al estudio de la genética de recursos acuáticos, o al manejo de proyectos que involucren organismos genéticamente modificados, por intermedio de Sociedades científicas, de genética, biología, ecología, microbiología, y/o consultas directas. La Sociedad de Genética (www.sochigen.cl) dispone de una lista de socios y de laboratorios, pero no todos los que realizan estudios genéticos pertenecen a esta entidad. El Directorio de Investigadores en Ciencia, Tecnología e Innovación de Chile (SICTI) (JE Allende, J. Babul, S. Martínez, T. Ureta, eds) fue una referencia importante.

5. RESULTADOS

5.1 Fichas

El número total de fichas disponibles es 35 (Anexo III). Cada ficha resume la información genética para cada especie ofreciendo la oportunidad de conocer el (los) problema (s) considerado (s) y la metodología utilizadas para abordarlo (s). Estas permitirán que los investigadores y aquellos que toman decisiones para la explotación, manejo y conservación de los recursos acuícolas y pesqueros, conozcan el estado del arte para cada especie, información que eventualmente puede orientar la realización de nuevos estudios, o estudios complementarios o de monitoreo espacio-temporal, así como evidenciar líneas de investigación deficitarias que por su importancia requerirían de la asignación de recursos económicos especiales.
Hasta el momento de redactar este imforme alrededor de 30 personas habían accedido a las fichas y registrado sus nombres en la página.

5.2 Base de datos

La Tabla 1 resume las especies actualmente cultivadas en Chile (n= 18), que corresponden en partes iguales a exóticas y nativas (Fig. 1), mientras que la Tabla 2 contiene a aquellas en etapa de cultivo experimental o piloto. Diecinueve (37%) son nativas y 32 exóticas (63%) (Fig. 2). La Tabla 3 desglosa las referencias de genética para recursos acuícolas y pesqueros, separados en exóticos y nativos, y clasificados de acuerdo a su distribución batimétrica (Fig. 3) El total de publicaciones disponibles es 232 las cuales se desglosan en 55 para exóticos (39%) y 177 para nativas (61%) (Fig. 4). De éstas 99 y 27 corresponden a peces marinos y dulceacuícolas, respectivamente; 76 a moluscos, una a equinodermos y dos a tunicados, 21 a algas y 6 a crustáceos (Krill) (Tabla 4; Fig. 5). La tabla 5 indica el tipo de problema abordado por cada publicación con un formato parecido al de FishBase (www.fishbase.org), en donde se indica el tipo de problema investigado o las técnicas utilizadas, por ejemplo si corresponde a un estudio citogenética, o a uno en el que se utiliza ADNmit como herramienta de análisis. La tabla permite concluír que pocas especies han sido trabajadas intensivamente y multidisciplinariamente, es decir reúnen un número

importante de tópicos genéticos analizados. La Tabla 6 informa sobre proyectos y tesis para especies que son actual o potencialmente recursos acuícolas y pesqueros. Para ocho especies consideradas en estado de vulnerabilidad hay 13 proyectos o tesis realizadas.

5.3 Taller Internacional

El 26 de Octubre se realizó en la Universidad Católica de Valparaíso (Fig. 2) el taller de difusión de los resultados alcanzados en el proyecto, el que además tenía la finalidad de conocer la experiencia internacional en el tema, para lo cual se contó con la participación de la Dra. Anne Kapuscinski, Department of Fisheries, Wildlife and Conservation Biology. Universidad de Minnesota, USA (ver programa adjunto). La Dra. Kapuscinsky reemplazó al Dr. Julio Pérez de Venezuela quién tuvo que ser intervenido quirúrgicamente a pocos días de viajar a Chile.

El taller comenzó con las palabras de bienvenida del Secretario Ejecutivo del FIP, Sr. Rubén Pinochet. Luego el Jefe del Proyecto, Gonzalo Gajardo, presentó a la Dra. Kapuscinki, quién hizo una detallada exposición sobre análisis de riesgo para la introducción de organismos genéticamente modificados. El tema, como lo resaltó la invitada, es muy atingente a los objetivos del taller pues una de las principales incertezas para el análisis de riesgo, ya sea para la introducción de exóticos en la actualidad o de organismos genéticamente modificados en el futuro, es la falta de información sobre el ecosistema, las especies que lo componen y sus interrelaciones. Y en caso de existir información, se requiere igualmente diseñar un plan de monitoreo.

El coordinador del proyecto destacó la utilidad del mismo, resaltó la importancia de contar con financiamiento para este tipo de estudios que difícilmente son aportados por otras organizaciones y presentó los principales resultados. El resto del equipo (Dr. Ricardo Galleguillos y Dr. Jorge Toro; P. Beristain) discutieron cada uno una ficha por especie, haciendo notar la poca información genética disponible para el tratamiento de diferentes problemas, pero a la vez enfatizando los problemas abordados por los diferentes autores

nacionales, la metodología y las herramientas utilizadas. La reunión terminó con una presentación en la que se explicó la bondad de los estudios de base y de la información genética para emprender proyectos innovadores (Dr. José Gallardo).

Al taller fueron invitados todos los miembros del Consejo de Investigación Pesquera y a la mayor parte de los académicos y profesionales que trabajan en Genética. Asistieron 23 personas (lista adjunta).

Entre las principales conclusiones del taller se pueden señalar:

i) La importancia de este proyecto FIP, que representa un diagnóstico que permitirá un análisis prospectivo sobre problemas, especies y líneas prioritarias de investigación en genética; ii) La pobre información genética disponible dificulta la toma de decisiones de manejo y/o conservación, incluso de explotación. Un ejemplo dramático es el caso de especies dulceacuícolas consideradas en estado vulnerable. En general la explotación/cosecha intensiva de recursos no ha sido apoyada por la cantidad y calidad de la investigación científica requerida; iii) si bien hay capacidades humanas/laboratorios pertinentes, se requiere una especie de fuerza de trabajo (*task force*) que actúe de manera integrada en la persecución de objetivos comunes, y con herramientas inter-calibradas; iv) se requiere de manera urgente co-operar para generar una línea base de información genética, que considere además el monitoreo espacio-temporal de los atributos genéticos relevantes para la explotación, manejo y conservación de los recursos.

5.4 Catastro de Capacidades Nacionales

La Tabla 10 es una lista de los 25 laboratorios identificados con competencias e infraestructura (principalmente en centros universitarios) para realizar estudios en genética de organismos acuáticos, o que están vinculados a la administración y manejo de recursos genéticos.

5.5 Resultado adicional: índice para priorizar recursos para investigación

Un resultado no considerado inicialmente entre los objetivos de este proyecto es la confección de un índice que sobre las base de tres variables (valor de mercado del recurso, el número de publicaciones disponibles para el mismo y las toneladas producidas o cosechadas) puede ser usado para establecer prioridades de investigación. La Tabla 7 indica la ponderación asignada a cada variable. Según el peso asignado a cada variable, la Tabla 8 señala para especies actualmente cultivadas resultados para tres índices: en el 1 las tres variables pesan igual, en el 2 la información genética tiene mayor peso y en el índice 3 se le otorga mayor importancia a los desembarques y valor económico del recurso. Las especies que requieren mayor atención (índice 1 superior a 2.9) son: salmón del atlántico, pelillo, abalón y Ostión del Norte. Si se considera el índice 2, la especies prioritarias corresponden a: salmón del atlántico, cholga choro y pelillo, en tanto que para el índice 3 los recursos prioritarios serían: salmón del atlántico, pelillo, ostión y abalón. Para el caso de invertebrados y algas sujetos a pesquerías (Tabla 9) las especies que requieren mayor atención (índice superior a 3) son: erizo, almeja, loco y jibia. Si se asigna mayor importancia al desembarque/cosecha y al valor del producto (índice 3: 2:1:2), las especies críticas incluirían: erizo, almeja y loco. De acuerdo al índice 2 (> mayor peso a la información genética) todas las especies analizadas resultan ser prioritarias debido a que dicho índice supera largamente el valor 3 (Tabla 9).

Para los recursos pesqueros en donde sólo se consideran las variables desembarco y publicaciones, el índice 1 arroja a la anchoveta como una especie prioritaria, mientras que de acuerdo al índice 2 las especies son: sardina común, jurel, anchoveta, merluza común. Si se considera el índice 3 (mayor importancia a las publicaciones), prácticamente todas las especies listadas en Tabla 9 requieren atención urgente, pero especialmente la anchoveta.

6. ANALISIS DE LOS RESULTADOS

En Chile la caracterización genética sistemática de especies acuáticas, explotadas y no explotadas, ya sea con propósitos científicos, prácticos (explotación/extracción) o de conservación, es prácticamente inexistente. Sorprende incluso el bajo nivel de publicaciones en especies de alto nivel de explotación/cosecha, o en especies dulceacuícolas que han sido declaradas en veda por su condición de vulnerables. Lo anterior se produce a pesar de la cantidad de dinero que el Estado ha invertido en el financiamiento de proyectos tendientes a potenciar, por ejemplo, la salmonicultura o la diversificación de la acuicultura con especies exóticas y nativas (Proyecto FIP-2005-24: "Diagnóstico de la proyección en Ciencia y Tecnología de la Acuicultura Chilena" Sandra Bravo, jefe del Proyecto). Si el objetivo es innovar, éste difícilmente se podrá alcanzar mientras la base de apoyo científico básico a las actividades productivas siga siendo tan limitada. No obstante, disponer de un catastro como el aportado por este proyecto es de gran ayuda como diagnóstico a partir del cual se pueden tomar decisiones estratégicas tendientes a subsanar las deficiencias y al mismo tiempo canalizar de mejor forma recursos económicos, humanos y el tiempo requerido para solucionar esta seria limitante. Lamentablemente no conocemos otro fondo que pudiera estar disponible para apoyar la caracterización genética de recursos pesqueros y acuícolas, actuales o potenciales.

Otro aspecto que sorprende es la falta de continuidad en el tiempo de los estudios realizados. Salvo en especies salmonídeas de cultivo, en donde ciertos proyectos de mejoramiento genético tienen que considerar necesariamente el horizonte temporal, la mayor parte de los estudios son de carácter ocasional. A manera de ejemplo, la realización de algunos proyectos de repoblamiento con trucha arcoiris y café (naturalizadas) se sustentaría a la fecha por sólo tres referencias que evalúan la variabilidad y estructura genética en un número variable, aunque no sustancial, de localidades, en una fecha determinada y con un número limitado de marcadores genéticos (aloenzimas y microsatélites). Ningún trabajo discute el significado del

concepto "naturalizado o asilvestrado", definición que sin duda afectaría el manejo de estas especies, puesto que es distinto considerarlos como exóticos, pero con niveles importantes de diferenciación genética respecto de su ancestro del hemisferio Norte, que como no exóticos y en cierto grado como parte de la fauna nativa.

Mejorar los niveles actuales de información requiere de acciones ilustradas y coordinadas por parte de los grupos de interés, entre los cuales se cuentan las entidades de gobierno encargadas de administrar los recursos ecosistémicos (acuícolas, pesqueros, nativos) que son compartidos por diferentes usuarios, cada uno con diferentes problemas. Entre éstos se cuentan también los científicos cuya actividad experimental depende del problema visualizado. Es decir, la ciencia no es multi-propósito (de interés para todos los usuarios), sino que basada en problemas (e hipótesis) los que, como se ha dicho, no son generalmente compartidos por diferentes usuarios. Esto limita de manera significativa la utilidad práctica de la pobre caracterización genética actualmente disponible.

7. CONCLUSIONES

La caracterización genética disponible para recursos acuáticos cultivados (o potencialmente cultivables), recursos pesqueros actuales (o potenciales) y en especies nativas es limitada en cantidad y calidad.

Desde el punto de vista de los usuarios finales, o grupos de interés, la información disponible no permite tomar decisiones confiables, considerando la especificidad de los problemas que aquejan a cada grupo en particular. Puesto que los resultados científicos dependen del problema (o hipótesis) abordado, lo que condiciona el diseño experimental y el uso de herramientas genéticas específicas, no se puede esperar que la información disponible actualmente satisfaga las necesidades particulares de diferentes usuarios.

Se requiere de manera urgente revertir esta situación y en este sentido se recalca el importante rol del FIP al financiar este tipo de proyectos de diagnóstico, que difícilmente hubiera sido apoyado por otras instancias en el país. Sin un diagnóstico adecuado difícilmente se tomarán decisiones urgentes que apunten a corregir las necesidades de investigación que este proyecto ha hecho evidente. Con relación a esto se sugiere un diálogo abierto entre los grupos de interés, al menos entre entes gubernamentales encargados de administrar, regular y/o manejar el uso de recursos genéticos en un ecosistema compartido, fuentes de financiamiento y la comunidad de genetistas acuáticos-pesqueros (Tabla 10) para establecer prioridades de financiamiento y de investigación. Entre las prioridades deberían estar aquellos recursos pesqueros altamente sobre-explotados y especies nativas en condición de vulnerable, que han sido indicados en el presente informe.

Se requiere una fuerza de trabajo inter-institucional que de manera similar a lo realizado para este proyecto, se reparta los recursos para los cuales es necesario establecer una línea base urgente. Este grupo debe coordinar los problemas a abordar, el tipo de diseño experimental o de muestreo requerido y usar herramientas inter-calibradas para su aproximación. Igualmente, debería considerar la variable espacio-temporal que demanda un financiamiento de más largo plazo.

Los marcadores genéticos disponibles (y otros eventualmente) para recursos claves, aportarán a problemas de gran trascendencia-país. Por ejemplo, ayudarán a responder a los constantes requerimientos sanitarios que exigen trazabilidad para los productos pesqueros y acuícolas que son exportados, los que deben cumplir con las normativas impuestas por los principales mercados (Unión Europea, Estados Unidos, Japón). Igualmente, se requiere certificar la identificación de especies para evitar fraudes alimenticios (comercialización de una especie similar a la esperada) y para poder fiscalizar la utilización de especies en peligro de extinción.

Un futuro proyecto de estas características debería considerar el estudio de las siguientes especies: ornamentales, organismos genéticamente modificados (GMO's) y especies cultivadas en otras latitudes que eventualmente pudieran introducirse al país. Igualmente, los recursos cultivados, pesqueros y nativos señalados en este informe.

8. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

Gajardo, G. & L. Laikre. 2003. Chilean aquaculture boom is based on exotic salmon resources: a case of conservation paradox. Conservation Biology, 17 (4): 1173.

Olsen, E. M. M. Heino, G. R. Lilly, M. J. Morgan, J. Brattey, B. Ernande & U. Dieckmann. 2004. Maturation trends indicative of rapid evolution preceded the collapse of northern cod. Nature, 428:

ANEXO I. TERMINOS TECNICOS DE REFERENCIA

1. PROYECTO **Caracterización genética de recursos acuáticos sobreexplotados, vulnerables y ornamentales**

2. ANTECEDENTES

La caracterización genética de los recursos acuáticos, en particular el conocimiento de su variabilidad y estructura genética espacio-temporal, es necesaria para su continuidad temporal (evolución), explotación y manejo sustentable. Un reciente proyecto FIP (2006-52) ha dejado en evidencia que los recursos genéticos explotados y no explotados, o potencialmente explotables y nativos, están pobremente caracterizados. La información es muy fragmentaria y ha sido generada de manera no sistemática. Por ejemplo, estudios cuya finalidad es conocer la estructura genética intraespecífica consideran un número restringido de poblaciones/localidades, es decir una fracción del rango actual de distribución de la especie. Tampoco consideran la variable temporal que requiere monitorear las características genéticas investigadas con posterioridad al estudio realizado. Otra falencia observada es que la mayor parte de los trabajos publicados responden preguntas de interés científico que no reflejan sintonía con las necesidades de los usuarios finales. Un signo de esta desconexión de intereses se refleja en que las especies más explotadas, o cosechadas, son generalmente aquellas con menos información genética de respaldo. Hay un número importante de especies dulceacuícolas que están en categoría de vulnerables y cuya extracción ha sido prohibida recientemente, de las que prácticamente no hay información.

Considerando este análisis, el Consejo de Investigación Pesquera estudiará licitar el presente proyecto, para realizar en dos fases idealmente separadas por un espacio de tiempo de 3 años. Sería recomendable que el Consorcio que se adjudique la primera fase hiciera la segunda, dependiendo del éxito en la fase inicial.

3. OBJETIVO GENERAL

Conformar una fuerza de trabajo inter-institucional que se reparta los recursos que requieren una línea de base urgente. Este grupo debe coordinar los problemas a abordar, el tipo de diseño experimental o de muestreo requerido y usar herramientas inter-calibradas para el análisis integrado de los resultados.

4. OBJETIVOS ESPECIFICOS

1. Realizar un reunión inicial con los grupos de interés para identificar problemas de común preocupación. Generar una fuerza de trabajo que se encargue de generar una línea Base de información genética atendiendo los problemas, objetivos y metodologías acordadas.
2. Proponer y estandarizar marcadores genéticos costo-efectivos e intercalibrados para identificar y monitorear espacio-temporalmente recursos acuáticos.
3. Caracterizar los recursos actual o potencialmente acuícolas con deficiente información genética con los marcadores genéticos intercalibrados.
4. Caracterizar los recursos pesqueros con deficiente información genética con los marcadores genéticos intercalibrados.
5. Caracterizar los recursos acuáticos dulceacuícolas nativos en estado vulnerable con marcadores genéticos intercalibrados.
6. Proponer sobre la base de los resultados observados medidas para la explotación sustentable y conservación, cuando corresponda, para el "recurso objetivo".

5. METODOLOGIA

Se espera que el Consorcio identifique y asigne entre sus miembros las especies prioritarias (con déficit de información genética) para los objetivos 3, 4 y 5 sobre la base del proyecto FIP-2006-52 (y otros), y especialmente luego de la discusión realizada en el taller inicial (objetivo 1). Igualmente que proponga marcadores genéticos que permitan un análisis comparativo entre los miembros del Consorcio

e, idealmente, que permitan la comparación con Bases de Datos establecidas (GenBank, FishBase, FishBol, etc.). El Consorcio deberá igualmente definir la estrategia de muestreo en concordancia con los problemas visualizados.

Resultados esperados

6. RESULTADOS ESPERADOS

1. Conformación de un Consorcio que contemple la participación de Universidades y organismos estatales pertinentes al estudio.
2. Estandarización de marcadores genéticos intercalibrados.
3. Establecimiento de una línea base para las especies identificadas y asignadas a cada miembro del Consorcio en un plazo a definir.
4. Completar/actualizar la página web disponible para el proyecto
5. Proponer acciones de manejo sobre la base de los resultados producidos y sobre la base de éstos proponer la Fase II del proyecto.

ANEXO II. TABLAS

Tabla 1. Nómina de especies, nativas y exóticas, actualmente cultivadas en de Chile.

	Nombre Común	Nombre Científico
Nativas	Luche	***Porphyra spp.***
	Pelillo	***Gracilaria chilensis***
	Cholga	***Aulacomya ater***
	Chorito	***Mytilus chilensis***
	Choro	***Choromytilus chorus***
	Ostion del Norte	***Argopecten purpuratus***
	Ostra Chilena	***Ostrea chilensis***
	Lenguado Fino	***Paralichthys adspersus***
	Erizo	***Loxechinus albus***
Exóticas	Esturión de Siberia	***Acipencer baerii***
	Salmón del Atlántico	***Salmo salar***
	Salmón Plateado	***Oncorhynchus kisutch***
	Salmón Rey	***Oncorhynchus tshawytscha***
	Trucha Arcoiris	***Oncorhynchus mykiss***
	Turbot	***Scophthalmus maximus***
	Abalón Japonés	***Haliotis discus hannai***
	Abalón Rojo	***Haliotis rufescens***
	Ostra del Pacífico	***Crassostrea gigas***

Tabla 2. Nómina de especies, nativas y exóticas, de interés acuícola en etapa de cultivo experimental/piloto.

Origen	Nombre Común	Nombre Científico	Institución/Empresa
Nativa	Bacalao de profundidad	*Dissostichus eleginoides*	Fundación Chile
	Congrio colorado	*Genypterus chilensis*	Universidad Andrés Bello
	Corvina	*Cilus gilberti*	Fundación Chile
	Pejerrey de Mar	*Odontesthes regia laticlavia*	Soc. Acuícola y de Inversiones Cerro Farellon Ltda
	Róbalo	*Eleginops maclovinus*	Fundación Chile
	Puye	*Galaxias maculatus*	Universidad Católica de Temuco
	Merluza austral	*Merluccius australis*	Fundación Chile
	Almeja	*Tawera gayi*	Universidad de Valparaíso
	Almeja	*Mulinia edulis*	Universidad de Valparaíso
	Almeja	*Venus antiqua*	Universidad Andrés Bello, Universidad de Los Lagos
	Navaja o Huepo	*Ensis macha*	Universidad de Concepción
	Lapa	*Fissurella spp.*	Universidad de Los Lagos
	Loco	*Concholepas concholepas*	IFOP
	Macha	*Mesodesma donacium*	Universidad de Concepción
	Pulpo	*Octopus mimus*	Universidad de Los Lagos
	Caracol trumulco	*Chorus giganteus*	Universidad de Los Lagos
	Camarón de río del sur	*Samastacus spinifronts*	Fundación Chile
	Camarón de río del norte	*Cryphiops caementarius*	Universidad Católica del Norte
	Centolla	*Lithodes santolla*	Universidad Austral

	Nombre Común	Nombre Científico	Institución/Empresa
Exótica	Bagre de canal (catfish)	*Ictalurus punctatus*	Fundación Chile
	Esturión blanco	*Acipenser transmontanus*	IFOP
	Pejerrey	*Odontesthes bonariensis*	Universidad de Chile
	Esturión siberiano	*Acipenser baeri*	IFOP
	Hirame	*Paralichthys olivaceus*	Fundación Chile
	Halibut	*Hippoglossus hippoglossus*	Universidad de Magallanes
	Abalón japonés	*Haliotis discus hannai*	Universidad Católica del Norte
	Langosta de agua dulce	*Cherax tenuimanus*	Universidad Católica del Norte
	Camarón tigre	*Penaeus japonicus*	Camarones Chile S.A
	Langosta australiana	*Cherax cuadricarinatus*	Universidad de Chile

Continuación Tabla 2:

	Nombre Común	Nombre Científico	Institución/Empresa
Exótica	Pelillo	*Gracilaria tenuistipitata*	Universidad Católica del Norte
	Kombu	*Laminaria japonica*	Universidad Católica del Norte
	Micro alga	*Cryptecodinium cohnii*	Universidad Andrés Bello
	Micro alga	*Schizochytium sp*	Universidad Andrés Bello
	Langosta Australiana	*Cherax tenuimanus*	Universidad Católica del Norte, Universidad de Talca, LUZPAR
	Langosta de agua dulce	*Cherax quadricarinatus*	Universidad de Chile
	Camarón Malásico	*Macrobachium rosemberguii*	SEREMI AGRI I Región, Margarita Vildoso, I Región
	Camarón rosa	*Penaeaus paulensis*	Universidad de Antofagasta
	Camarón tigre	*Penaeus japonicus*	Granja Marina Camarones
	Camarón azul	*Penaeus stylirostris*	Universidad de Antofagasta
	Camarón blanco	*Penaeus vannamei*	K. Emar Ltda. II Región y Universidad de Antofagasta, II Región
	Camarón	*Penaeus sp.*	Universidad de Antofagasta
	Ostión europeo	*Pecten maximus*	Universidad Católica de Norte, IFOP (Pto. Montt)
	Ostra perlífera	*Pteria martensii*	Universidad Católica del Norte, y Pesquerías, Bahía (Coquimbo)
	Esturión de Siberia	*Acipenser ruthenus (baer)i*	IFOP, XI Región
	Esturión blanco	*Acipenser transmontanus*	Fundación Chile, IFOP
	Carpa herbívora	*Ctenopharingodon idella*	José Moreno, Waldo Miranda, Jorge Toledo
	Halibut	*Hippoglossus hippoglossus*	Fundación Chile
	Hirame	*Paralichthys olivaceus*	Fundación Chile
	Lenguado solea	*Solea solea*	Sea Food Resources
	Catfish	*Ictalurus punctatus*	Fundación Chile, Maderas Fuentes y LUZPAR
	Salmón del Ártico	*Salvelinus alpinus*	Quetro S.A.

Tabla 3: Resumen de Referencias de Genética para recursos acuícolas y pesqueros

Especie	Grupo	Nombre Científico	Distribución Batimétrica	Total Publicaciones Genética	Exóticos	Nativos
Abalon Rojo	Moluscos	***Haliotis discus hannai***	Bentónica	17	17	
Almeja	Moluscos	***Venus antiqua***	Bentónica	1		1
Calamar	Moluscos	***Loligo patagonica***	Pelágico	1		1
Cholga	Moluscos	***Aulacomya ater***	Bentónica	2		2
Chorito	Moluscos	***Mytilus chilensis***	Bentónica	12		12
Choro Zapato	Moluscos	***Choromytilus chorus***	Bentónico	4		4
Jibia	Moluscos	***Dosidicus gigas***	Pelágico	1	1	
Loco	Moluscos	***Concholepas concholepas***	Bentónico	3		3
Ostion del norte	Moluscos	***Argopecten purpuratus***	Bentónico	16		16
Ostra chilena	Moluscos	***Ostrea chilensis***	Bentónico	19		19
Piure	Tunicados	***Pyura chilensis***	Bentónico	1		1
Erizo	Equinodermos	***Loxechinus albus***	Bentónico	2		2
Krill	Crustáceos	***Euphausia superba***	Demersal	6		6
Alfonsino	Peces marinos	***Beryx splendens***	Bento-pelágico	7		7
Anchoveta	Peces marinos	***Engraulis ringens***	Pelágico	5		5
Bacalao	Peces marinos	***Dissostichus eleginoides***	Demersal	4		4
Congrio colorado	Peces marinos	***Genypterus chilensis***	Demersal	1		1
Congrio dorado	Peces marinos	***Genypterus blacodes***	Demersal	7		7
Congrio negro	Peces marinos	***Genypterus maculatus***	Demersal	5		5
Jurel	Peces marinos	***Trachurus murphyi***	Pelágico	6		6
Merluza austral	Peces marinos	***Merluccius australis***	Demersal	6		6
Merluza común	Peces marinos	***Merluccius gayi gayi***	Demersal	5		5
Merluza de 3 aletas	Peces marinos	***Micromesistius australis***	Demersal	7		7
Orange roughy	Peces marinos	***Hoplostethus atlanticus***	Demersal	15		15
Pez espada	Peces marinos	***Xiphias gladius***	Pelágico	15	15	
Reineta	Peces marinos	***Brama australis***	Pelágico	6		6

Continuación Tabla 3

Especie	Grupo	Nombre	Distribución	Total Publicaciones	Exóticos	Nativos
		Científico	Batimétrica	Genética		
Salmón del Atlántico	Peces marinos	***Salmo salar***	Bentónico	1	1	
Sardina	Peces marinos	***Strangomera bentincki***	Pelágico	7		7
Sardina española	Peces marinos	***Sardinops sagax***	Pelágico	2	2	
Trucha	Peces de agua dulce	***Oncorhynchus mykiss***	Bento-pelágico	19	19	
Bagre	Peces de agua dulce	***Diplomystes camposensis***	Demersal	1		1
Bagre chico	Peces de agua dulce	***Trichomycterus areolatus***	Bento-pelágico	2		2
Bagre grande	Peces de agua dulce	***Nematogenys inermis***	Demersal	1		1
Pejerrey	Peces de agua dulce	***Basilichthys australis***	Pelágico	2		2
Puye	Peces de agua dulce	***Galaxias maculatus***	Bento-pelágico	2		2
Pelillo	Algas	***Gracilaria chilensis***	Bentónico	13		13
Huiro	Algas	***Macrocystis pyrifera***	Bentónica	8		8
Total				***232***	***55***	***177***

Tabla 4: Resumen de referencias de genética, número de especies por Grupo taxonómico.

Grupo	Nombre Común	Nombre Científico	Número Publicaciones Genética
Peces Marinos	Alfonsino	***Beryx splendens***	7
	Anchoveta	***Engraulis ringens***	5
	Bacalao	***Dissostichus eleginoides***	4
	Congrio colorado	***Genypterus chilensis***	1
	Congrio negro	***Genypterus blacodes***	5
	Congrio dorado	***Genypterus maculatus***	7
	Jurel	***Trachurus murphyi***	6
	Merluza austral	***Merluccius australis***	6
	Merluza común	***Merluccius gayi gayi***	5
	Merluza de 3 aletas	***Micromesistius australis***	7
	Orange roughy	***Hoplostethus atlanticus***	15
	Pez espada	***Xiphias gladius***	15
	Reineta	***Brama australis***	6
	Sardina española	***Sardinops sagax***	2
	Sardina	***Strangomera bentincki***	7
	Salmon del Atlántico	***Salmo salar***	1
Total	***Peces Marinos***		***99***
Peces Agua Dulce	Pejerrey	***Basilichthys australis***	2
	Puye	***Galaxias maculatus***	2
	Trucha	***Oncorhynchus mykiss***	19
	Bagre	***Diplomystes camposensis***	1
	Bagre chico	***Trichomycterus areolatus***	2
	Bagre grande	***Nematogenys inermis***	1
Total	***Peces Agua Dulce***		***27***
Moluscos	Abalon Rojo	***Haliotis discus hannai***	17
	Almeja	***Venus antiqua***	1
	Calamar	***Loligo patagonica***	1
	Cholga	***Aulacomya ater***	2
	Chorito	***Mytilus chilensis***	12
	Choro Zapato	***Choromytilus chorus***	4
	Loco	***Concholepas concholepas***	3
	Ostión del norte	***Argopecten purpuratus***	16
	Ostra chilena	***Ostrea chilensis***	19
	Jibia	***Dosidicus gigas***	1
Total	***Moluscos***		***76***

Continuación Tabla 4

Grupo	Nombre Común	Nombre Científico	Número Publicaciones Genética
Tunicado	Piure	***Pyura chilensis***	1
Total	***Tunicados***		***1***
Equinodermo	Erizo		2
Total	***Equinodermos***	***Loxechinus albus***	***2***
Algas	Pelillo	***Gracilaria chilensis***	13
	Huiro	***Macrocystis pyrifera***	8
Total	***Algas***		***21***
Crustaceos	Krill		6
Total	***Crustáceos***	***Euphausia superba***	***6***
TOTAL			***232***

Tabla 5: Resumen del estado del conocimiento en genética de los principales recursos cultivados y pesqueros.

Grupo	Especie	Aloenzimas	Cariotipo	mitDNA	Rapd´s	Mini/ Microsatélites	SCAR	ITS	Triploidía	QTL	Heredabilidad	Selección	Fecundidad	RFLP
Crustáceos	Krill	+		+										
Equinodermos	Erizo	+			+									
Molusco	Abalón	+	+			+			+		+			
Molusco	Almeja	+												
Molusco	Calamar					+								
Molusco	Cholga	+						+						
Molusco	Chorito			+	+			+	+		+	+		
Molusco	Choro Zapato	+	+					+						
Molusco	Jibia			+										
Molusco	Loco	+			+	+								
Molusco	Ostión del Norte	+	+		+	+			+		+			
Molusco	Ostra Chilena		+		+						+	+		
Peces Agua Dulce	Bagre Chico		+											
Peces Agua Dulce	Bagre Grande		+											
Peces Agua Dulce	Pejerrey Chileno	+	+											
Peces Agua Dulce	Puye			+										
Peces Agua Dulce	Toyo		+											
Peces Agua Dulce	Trucha		+			+	+		+	+		+		
Peces Marinos	Alfonsino			+										
Peces Marinos	Anchoveta			+				+						+
Peces Marinos	Bacalao	+		+		+								
Peces Marinos	Congrio Colorado			+										
Peces Marinos	Congrio Dorado	+		+		+								
Peces Marinos	Congrio Negro			+										
Peces Marinos	Jurel			+		+								
Peces Marinos	Merluza Austral	+		+										
Peces Marinos	Merluza Común	+		+				+						
Peces Marinos	Merluza de 3 Aletas			+		+								

Continuación Tabla 5

Grupo	Especie	Aloenzimas	Cariotipo	mitDNA	Rapd´s	Mini/ Microsatélites	SCAR	ITS	Triploidía	QTL	Heredabilidad	Selección	Fecundidad	RFLP
Peces Marinos	**Orange roughy**	**+**		**+**		**+**								**+**
Peces Marinos	**Pez Espada**	**+**		**+**		**+**								**+**
Peces Marinos	**Reineta**	**+**		**+**				**+**						
Peces Marinos	**Salmón del Atlántico**												**+**	
Peces Marinos	**Sardina**	**+**												
Peces Marinos	**Sardina Española**	**+**												
Algas	**Pelillo**	**+**	**+**	**+**	**+**			**+**				**+**		**+**
Algas	**Huiro**	**+**			**+**									**+**
Tunicado	**Piure**	**+**												

Tabla 6. Recopilación de proyectos y tesis para especies que son actual o potencialmente recursos acuícolas y pesqueros.

	Estado de Conservación	***Nombre Científico***	***Referencias***	
			Genéticas	***Otras***
BAGRE CHICO	Vulnerable	*Trichomycterus areolatus*	**1**	**5**
TOLLO DE AGUA DULCE	Vulnerable	*Diplomystes chilensis*	**1**	**3**
PUYE	Vulnerable	*Galaxias maculatus*	**2**	**6**
PEJERREY	Vulnerable	*Basilichthys australis*	**2**	**6**
TRUCHA CAFÉ	Vulnerable	*Salmo trutta*	**3**	**0**
TOLLO	Vulnerable	*Galaxias platei*	**1**	**3**
LAMPREA DE BOLSA O BLANCA	Vulnerable	*Geotria australis*	**2**	**2**
NEMATOGENYS INERMIS	Vulnerable	*Nematogenys inermis*	**1**	**8**
TOTAL			**13**	**33**

Tabla 7. Ponderación de importancia de investigación de acuerdo a desembarques, Nº publicaciones y valor del recurso.

Tipo de recurso	Desembarques (ton.)	Ponderación
Cultivo y pesquerías con excepción de peces marinos	0-99	1
	100-999	2
	1.000-9.999	3
	10.000-99.999	4
	>100.000	5
Solo peces marinos	0-999	1
	1.000-9.999	2
	10.000-99.999	3
	100.000-999.999	4
	>1.000.000	5
Cultivo y pesquerías	**Nº publicaciones**	
	1 a 5	5
	6 a 10	4
	11 a 15	3
	16 a 20	2
	> 20	1
Cultivo y pesquerías	**Valor recurso (US$/Kg)**	
	1 a 5	1
	6 a 10	2
	11 a 15	3
	16 a 20	4
	> 20	5

Tabla 8. Promedio desembarques año 1998-2005, Número de Publicaciones/Informes/Proyectos y valor del recurso (US$/Kg) para especies de cultivo. Clasificación de especies de cultivo con prioridades de investigación en genética: Índice 1: Igual ponderación información genética, desembarques y valor económico del recurso (1:1:1), Índice 2: Mayor importancia información genética (1:3:1). Índice 3: Mayor importancia desembarques y valor económico del recurso (2:1:2).

Nombre Común	Promedio desembarques 1998-2005	Numero de Publicaciones/ Informes/ Proyectos	Valor recurso (US$/Kg)	Clasificación desembarques	Clasificación publicaciones	Clasificación valor	Indice 1 (1:1:1)	Indice 2 (1:3:1)	Indice 3 (2:1:2)
OSTRA CHILENA	217	19	2,08	2	2	1	1,65	1,8	1,6
CHORITO	43880	12	2,38	4	3	1	2,64	2,8	2,6
CHOLGA	886	2	3,03	2	5	1	2,64	3,6	2,2
TRUCHA ARCOIRIS	98854	19	5,18	4	2	1	2,31	2,2	2,4
SALMON DEL ATLANTICO	238993	1	6,62	5	5	2	3,96	4,4	3,8
PELILLO	43239	14	11,96	4	3	3	3,3	3,2	3,4
OSTION DEL NORTE	18353	16	15,26	4	2	3	2,97	2,6	3,2
ABALON ROJO	126	17	21,05	2	2	5	2,97	2,6	3,2
CHORO	344	4	2,38	2	5	1	2,64	3,6	2,2

Tabla 9. Promedio desembarques año 1998-2005, Número de Publicaciones/Informes/Proyectos y valor del recurso (US$/Kg) para especies de pesquerías. Clasificación de especies de cultivo con prioridades de investigación en genética: Índice 1: Igual ponderación información genética, desembarques y valor económico del recurso (1:1:1), Índice 2: Mayor importancia información genética (1:3:1). Índice 3: Mayor importancia desembarques y valor económico del recurso (2:1:2).

Nombre Común	***Promedio desembarques 1986-2005***	**Numero de Publicaciones/Informes/Pro**	**Clasificación desembarques**	**Clasificación publicaciones**	**Índice 1 (1:1)**	**Índice 2 (3:1)**	**Índice 3 (1:3)**
CONGRIO NEGRO	1.980	5	2	5	2,31	2,75	4,25
REINETA	6.875	6	2	4	1,98	2,5	3,5
SARDINA COMUN	405.311	7	4	4	2,64	4	4
JUREL	1.958.795	6	5	4	2,97	4,75	4,25
ANCHOVETA	1.460.197	5	5	5	3,3	5	5
BACALAO	10.214	4	3	5	2,64	3,5	4,5
MERLUZA TRES ALETAS	30.271	7	3	4	2,31	3,25	3,75
MERLUZA COMUN	182.986	5	4	5	2,97	4,25	4,75
PEZ ESPADA	3.459	15	2	3	1,65	2,25	2,75
SARDINA ESPAÑOLA	62.567	2	3	5	2,64	3,5	4,5
CONGRIO COLORADO	581	1	1	5	1,98	2	4
ORANGE	813	15	1	3	1,32	1,5	2,5
CONGRIO DORADO	5.630	7	2	4	1,98	2,5	3,5
MERLUZA AUSTRAL	26.191	6	3	4	2,31	3,25	3,75
ALFONSINO	3.121	7	2	4	1,98	2,5	3,5

Tabla 10: Promedio desembarques año 1998-2005 y número de Publicaciones/Informes/Proyectos para peces marinos. Clasificación de peces marinos con prioridades de investigación en genética: Índice 1: Igual ponderación información genética y desembarques (1:1), Índice 2: Mayor importancia desembarques (3:1). Índice 3: Mayor importancia información genética (1:3).

Nombre Común	***Promedio desembarques 1986-2005***	**Numero de Publicaciones/Informes/Pro**	**Clasificación desembarques**	**Clasificación publicaciones**	**Índice 1 (1:1)**	**Índice 2 (3:1)**	**Índice 3 (1:3)**
CONGRIO NEGRO	1.980	5	2	5	2,31	2,75	4,25
REINETA	6.875	6	2	4	1,98	2,5	3,5
SARDINA COMUN	405.311	7	4	4	2,64	4	4
JUREL	1.958.795	6	5	4	2,97	4,75	4,25
ANCHOVETA	1.460.197	5	5	5	3,3	5	5
BACALAO	10.214	4	3	5	2,64	3,5	4,5
MERLUZA TRES ALETAS	30.271	7	3	4	2,31	3,25	3,75
MERLUZA COMUN	182.986	5	4	5	2,97	4,25	4,75
PEZ ESPADA	3.459	15	2	3	1,65	2,25	2,75
SARDINA ESPAÑOLA	62.567	2	3	5	2,64	3,5	4,5
CONGRIO COLORADO	581	1	1	5	1,98	2	4
ORANGE	813	15	1	3	1,32	1,5	2,5
CONGRIO DORADO	5.630	7	2	4	1,98	2,5	3,5
MERLUZA AUSTRAL	26.191	6	3	4	2,31	3,25	3,75
ALFONSINO	3.121	7	2	4	1,98	2,5	3,5

Tabla 11. Capacidades nacionales de investigación a nivel gubernamental y académicas, para llevar a cabo estudios genéticos en especies acuáticas.

ITURRA C, PATRICIA Facultad de Medicina. Universidad de Chile Casilla 70061 Santiago 7 piturra@med.uchile.cl Tel. 978 60 20 /Fax.: 737 31 58	**MARTINEZ M, VICTOR** Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Departamento de Fomento de Producción Animal Universidad de Chile, Casilla 2 Correo 15 Santa Rosa 11735 La Pintana, Santiago vmartine@uchile.cl Tel 2-9785641
NEIRA R, ROBERTO Departamento Producción Animal. Facultad de Agronomía Universidad de de Chile Santa Rosa 11315 La Pintana, Santiago rneira@uchile.cl Tel 2-5413380	**GALLEGUILLOS, RICARDO** Departamento de Oceanografía Universidad de Concepción Concepción rgalleg@udec.cl Tel. 41-2203882
POULIN, ELIE Facultad de Ciencias, Departamento de Ciencias Ecológicas Laboratorio de Ecología Molecular (LEM) Universidad de Chile Las Palmeras 3425 Ñuñoa. epoulin@uchile.cl Tel. 2-2727363	**RAMIREZ, BEATRIZ** Departamento de Recursos Naturales Dirección Ejecutiva de CONAMA
Laboratorio de Genetica & Acuicultura, Departamento de Ciencias Universidad de Los Lagos Casilla 933, Osorno ggajardo@ulagos.cl www.laboratoriogenetica.cl Tel. 64-333331 /Fax:64-333394	Laboratorio de Genética Aplicada. Facultad de Recursos Naturales. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Avda. Altamirano 1480. Valparaíso josegallardo@ucv.cl Tel. 32-2274277
GARLAND R., DAVID Departamento de Administración Pesquera Servicio Nacional de Pesca	**GALLARDO, CRISTIAN** Centro de Biotecnología Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas Universidad de Concepción
GUINEZ D, RICARDO Facultad de Recursos del Mar, Instituto de Investigaciones Oceanológicas Universidad de Antofagasta Casilla 170, Antofagasta rguinez@uantof.cl Tel. 55-637454	**LEMBEYE, GEORGINA** Subsecretaría de Pesca Gobierno de Chile Valparaíso

TALA, SHARIF
Departamento de Recursos Naturales
Dirección Ejecutiva de CONAMA

TORO Y, JORGE
Facultad de Ciencias, Instituto de Biología Marina
Universidad Austral de Chile
Casilla: 567, Campus Isla Teja,
Valdivia
jtoro@uach.cl
Tel. 63-221558

VON BRAND, ELIZABETH
Facultad de Ciencias del Mar
Universidad Católica del Norte.
Larrondo 1281, Campus Guayacan,
Coquimbo
evonbran@ucn.cl
Tel. 51-209795

WINKLER M, FEDERICO
Departamento de Biología Marina
U. Católica del Norte
Casilla 117, Coquimbo
fwinkler@ucn.cl
Tel. 51-209 794

HERNANDEZ, CRISTIAN
Departamento de Zoología
Universidad de Concepción
Concepción
cristianhernand@udec.cl

FAUGERON, SYLVAIN
Facultad de Ciencias Biológicas
Departamento de Ecología
Pontificia Universidad Católica de Chile
Santiago
sfaugeron@bio.puc.cl

COLIHUEQUE, NELSON
Departamento Ciencias Básicas
Universidad de Los Lagos
Osorno
ncolih@ulagos.cl
Tel. 64-333131

ANEXO III. FIGURAS

Figura 1. Porcentaje de especies de interés acuícola, nativas y exóticas, en etapa de cultivo experimental o piloto.

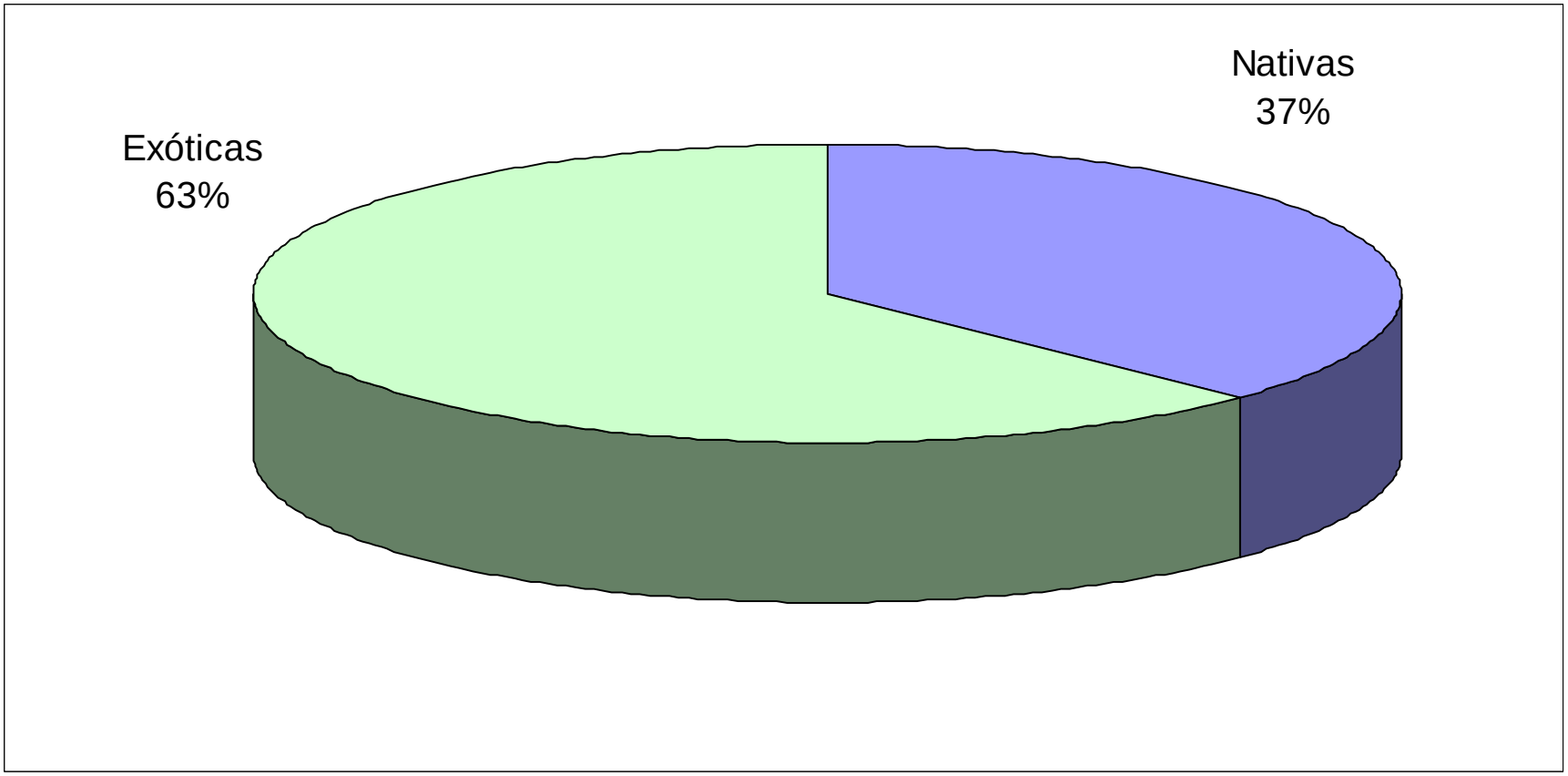


Figura 2. Porcentaje de especies de interés acuícola, nativas y exóticas que se cultivan actualmente.

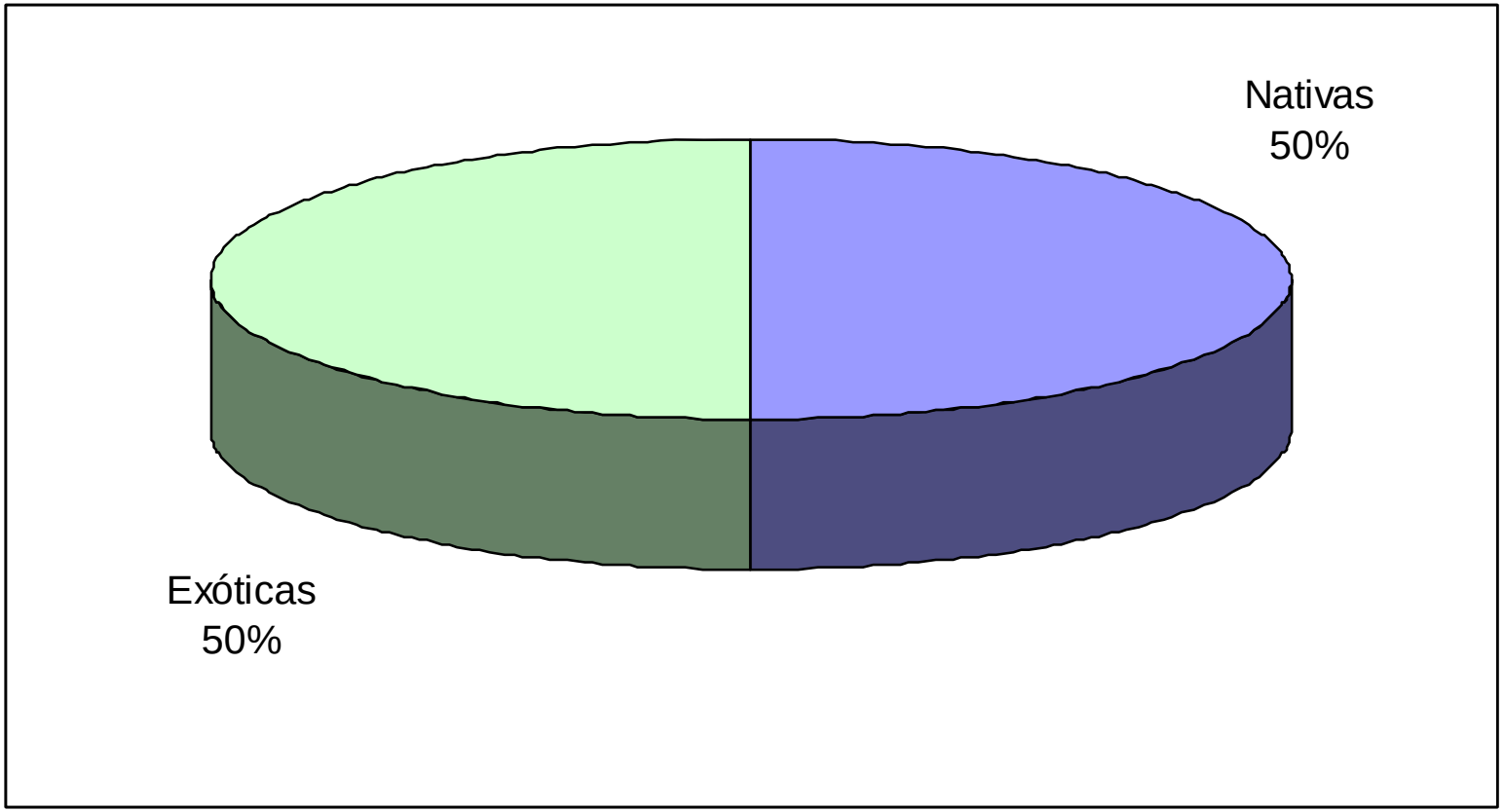


Figura 3. Número de publicaciones en revistas nacionales e internacionales de los principales recursos pesqueros y acuícolas.

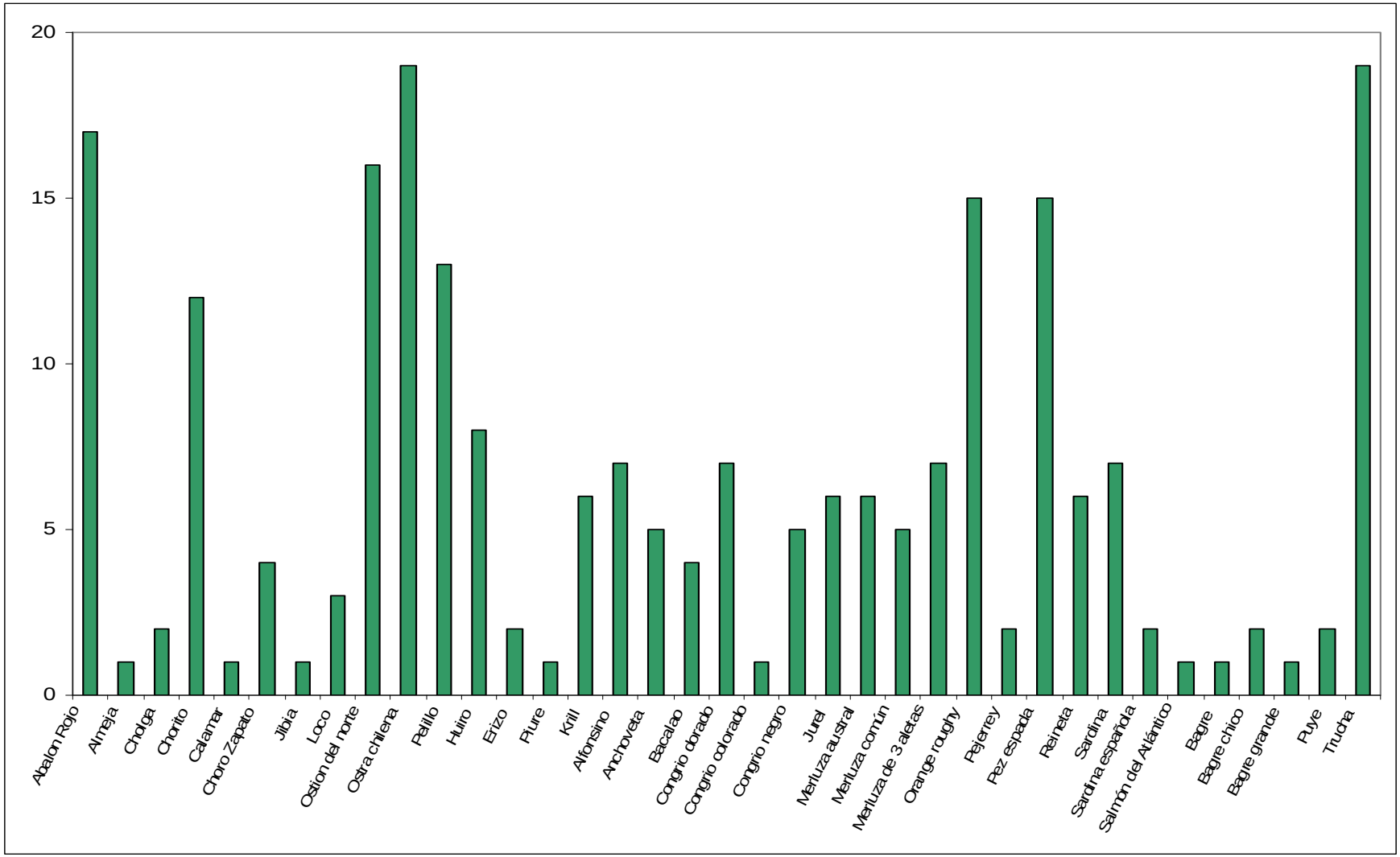


Figura 4. Porcentaje de publicaciones en revistas nacionales e internacionales para los principales recursos pesqueros y acuícolas, exóticos y nativos.

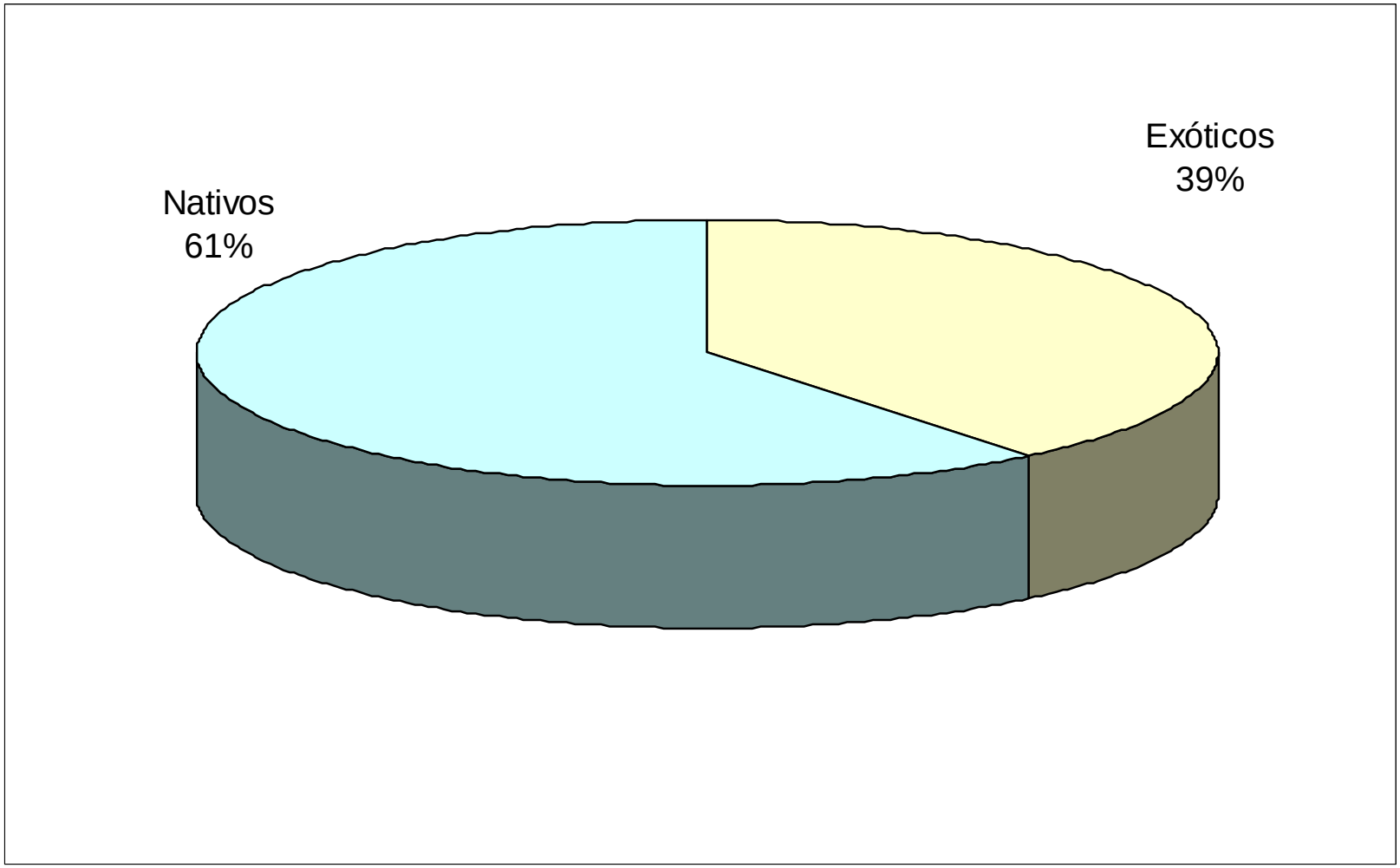


Figura 5. Número de publicaciones en revistas nacionales e internacionales por grupos taxonómicos

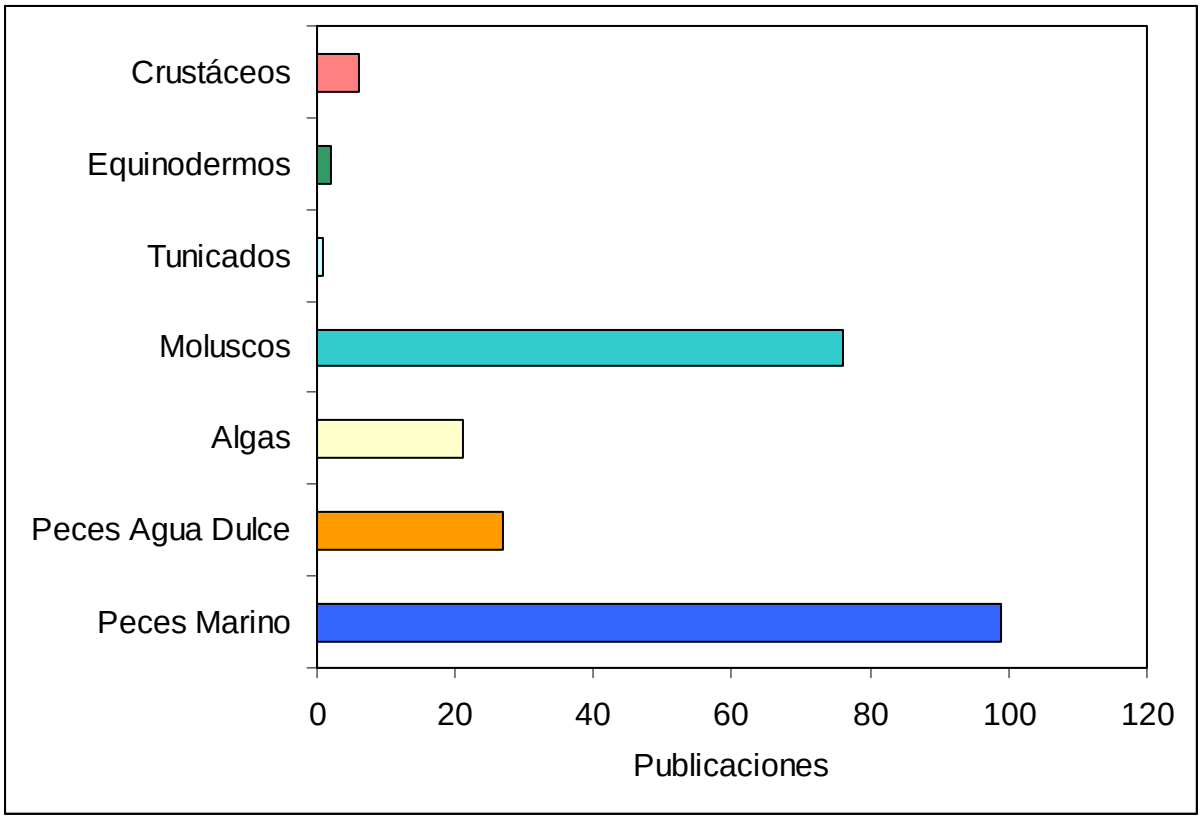


Figura 6. Porcentaje de publicaciones en revistas nacionales e internacionales por grupos taxonómicos.

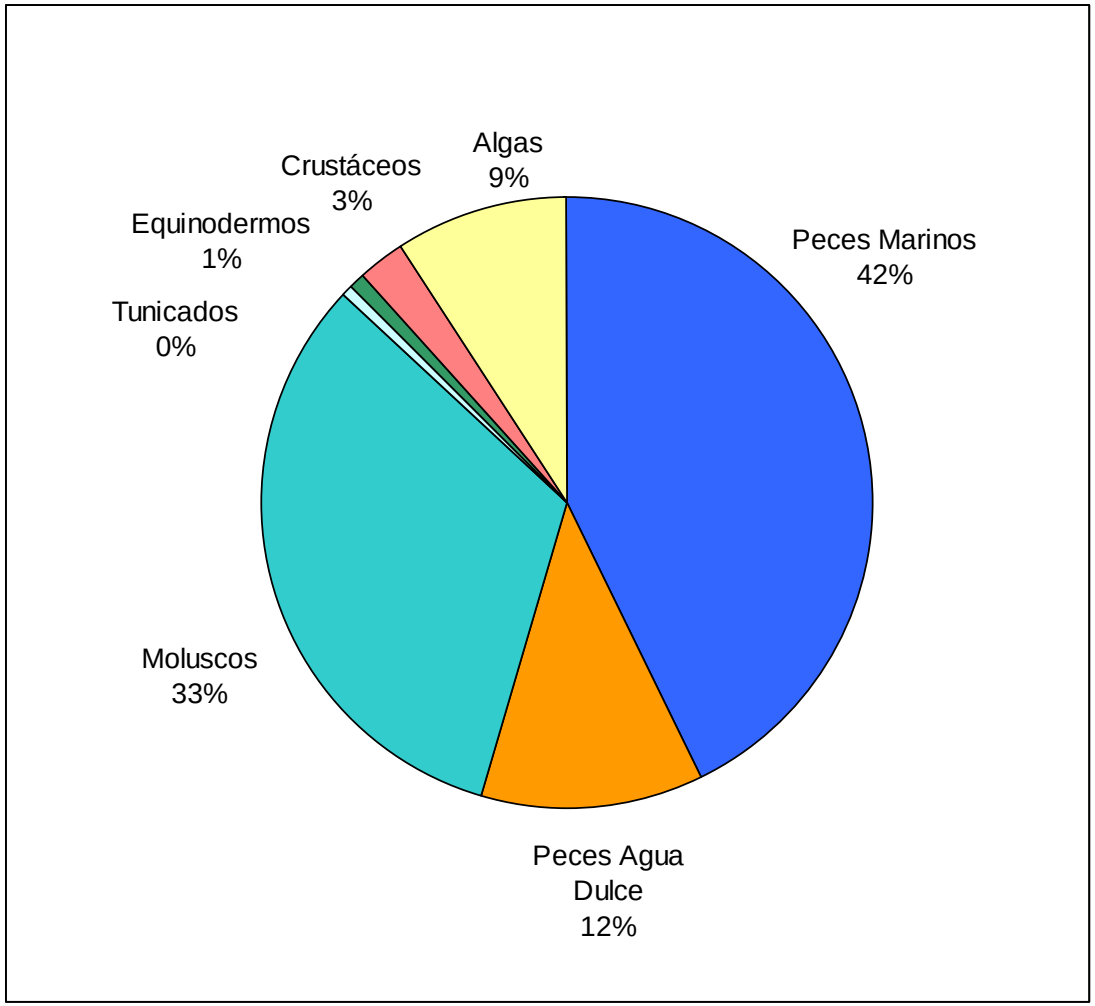
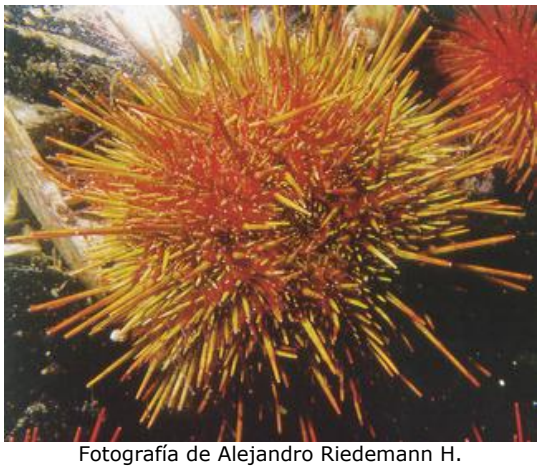


Figura 7. Taller Internacional realizado em la Universidad Católica de Valaparaíso. **A**. Director Proyecto, Director FIP, Expositora Internacional; **B**. Asistentes al taller; **C**. Director del Proyecto; **D**. Invitada Internacional Dra. Anne Kapuscinski; **E**. Expositor Dr. Jore Toro; **F**. Expositor Dr. José Gallardo.

ANEXO IV. FICHAS POR GRUPOS

Fichas

- **EQUINODERMOS**



Fotografía de Alejandro Riedemann H.

1. **Nombre científico** (común) *Loxechinus albus* (Molina, 1782) (Erizo de mar, erizo rojo).

2. **Distribución** desde Isla Lobos (Perú) al Estrecho de Magallanes (Chile) (Zagal y Hermosilla, 2001).

3. **Biología / historia de vida**

La simetría es radial. Caparazón duro y globoso cubierto por espinas. De color verde o azul–violeta. Alcanza hasta 11 cm de diámetro. Presenta una longevidad media de aproximadamente 8 años. Habita fondos rocosos en la zona intermareal y submareal, alcanzando 340 m de profundidad. Vive asociada a comunidades del huiro (*Macrocystis pyrifera*) y el chascón (*Lessonia nigrescens*). Los adultos se alimentan principalmente de frondas desprendidas del huiro. Lo depredan peces bentónicos, el guarén y el hombre. Esta especie alcanza madurez sexual entre los 2 a 3 años de vida, reproduciéndose por eventos estacionales múltiples. Presenta fecundación externa y un desarrollo larval de tipo pelágico planctotrófico. El recurso extraído se consume en fresco y se aprovechan solo las gónadas (Lorenzen et al. 1979, Zagal y Hermosilla, 2001). En el 2005 se extrajeron 37566 t (Sernapesca, 2005).

4. **Objetivos genéticos**

Vergara (2001), en el marco de un proyecto FIA, intenta establecer la estructura genético poblacional del recurso *Loxechinus alb*us, determinando posibles diferenciaciones genéticas entre poblaciones a macro y microescala.

Lee, et al. (2004) estudian las relaciones filogenéticas de algunos equinodermos antárticos y sudamericanos entre los que se encuentra *L. albus*.

5. **Marcadores genéticos**

6. **Principales resultados**

Vergara (2001) para establecer la estructura genético poblacional del recurso *Loxechinus alb*us, recolectó muestras de 12 localidades a lo largo de su distribución natural en el litoral chileno, incluyendo muestras provenientes de hatchery, las cuales se analizaron las técnicas de electroforesis enzimática y PCR-Rapds. De un total de 16 sistemas enzimáticos probados, 8 resultaron polimórficos y seis de ellos con una buena resolución para su posterior análisis (PGM, GPI, ICD, GSR, PEP y EST). De un total de 48 partidores Rapds probados, se seleccionaron 3 con un total de 36 loci. Se observó que las diferencias en la estructura genética de las poblaciones de erizo, no son significativas, a pesar de las distancias geográficas que las separan y de las diferencias ambientales. Ello se ve corroborado a través de los valores de Fst que predice que solo el 4.07 % de la varianza en las frecuencias alélicas se debe a diferencias inter-poblacionales. A pesar de su amplia distribución geográfica *L. albus* se comporta como una sola gran unidad poblacional panmíxica, debido a que no evidencian diferenciación interpoblacional ni subdivición intrapoblacional. Según los valores de F_{IS} registrados, se observa un exceso significativo de homocigotos en todos los loci de las 13 poblaciones, tal como se ve en los valores del índice de deficiencia de heterocigotos.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

En el Genbank existen 7 secuencias para esta especie: una secuencia parcial de los genes 12S rRNA, tRNA-Glu, tRNA-Thr, tRNA-Gln, 16S rRNA, y COI. Una secuencia completa para el gen tRNA-Pro.

9. **Estudios filogenéticos**

Lee et al. (2004) muestran a través de un árbol filogenético revela que *L. albus* es un grupo hermano de *Pseudechinus magellanicus* y *Stercchinus neumayeri* que se separaron entre 24-35 millones de años atrás. La divergencia entre *S. neumayeri* y *L. albus* coincide con la separación de la Antártica con Sudamérica, sugiriendo que el evento tectónico provocó la cladogénesis de estas especies a través de vicarianza.

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Lee YH, Song M, Lee S, Leon R, Godoy SO y I Canete (2004) Molecular phylogeny and divergence time of the Antarctic sea urchin (*Sterechinus neumayeri*) in relation to the South American sea urchins. Antarctic Science 16 (1): 29-36.

Vergara AM (2001) Caracterización genética poblacional para el manejo y la conservación de recursos marinos de importancia para la acuicultura y la pesquería". Instituto de Fomento Pesquero, División de Fomento de la Acuicultura. Proyecto FIA BID-PI-C-2001-1-M-068

OTRAS REFERENCIAS

Lorenzen S, Gallardo C, Jara C, Clasing E, Pequeño G y C Moreno (1979) Mariscos y peces de importancia comercial en el sur de Chile. Universidad Austral de Chile, Valdivia. 131 págs.

Servicio Nacional de Pesca (2005) Anuario Estadístico de Pesca. República de Chile.

Zagal C y C Hermosilla (2002) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor World Chile S. A., Santiago de Chile. 217 págs.

Fichas

- **TUNICADOS**

Fotografía de Alejandro Riedemann H.

1. **Nombre científico** (común) *Pyura chlensis* (Molina, 1782) (Piure, pibre).

2. **Distribución :** sur de la costa peruana hasta el Archipiélago de Chiloé (Zagal y Hermosilla, 2001).

3. **Biología/ historia de vida**

Posee una túnica o champa de superficie irregular, que generalmente presenta incrustaciones de algas, fragmentos de concha, arena y piedras. La túnica envuelve el cuerpo blando y rojizo que presenta dos sifones (inhalante y exhalante) que sobresalen fuera de la túnica. El cuerpo mide aproximadamente 12 cm (Zagal y Hermosilla, 2001).

Es una especie sésil, forma densas asociaciones sobre substratos duros intermareales y submareales. Proporciona hábitat a poliquetos, moluscos, crustáceos y ofiuros. Se alimenta filtrando plancton y otras partículas suspendidas en el agua. Sus depredadores son el loco, estrellas de mar, la pintarroja, el chungungo y el hombre. Es hermafrodita, madura sexualmente entre septiembre y marzo. Presenta fecundación externa y una larva planctónica (Zagal y Hermosilla, 2001). En el 2005 se extrajeron 1184 t (Sernapesca, 2005).

4. **Objetivos genéticos**

Astorga y Ortiz (2006) determinaron el grado de variabilidad genética aloenzimática del piure *P. chilensis* y su estructura poblacional en base a tres localidades en la costa chilena.

5. **Marcadores genéticos**

6. **Principales resultados**

Astorga y Ortiz (2006) determinaron el grado de variabilidad genética aloenzimática del piure *P. chilensis* y su estructura poblacional en base a tres localidades (Antofagasta, Talcahuano y Puerto Montt) en la costa chilena. Los loci polimórficos obtenidos fueron Mdh-1 y Pgi-1. Los valores de F_{ST} mostraron una leve estructuración poblacional entre localidades (F_{ST} 0,019) al igual que la prueba exacta de diferenciación genética (P = 0,031). Se observó diferencia para la localidad de Puerto Montt en relación a las otras dos localidades. Los niveles de variabilidad observados en esta especie fueron similares a lo esperado para otras ascidias.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

9. **Estudios filogenéticos**

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Astorga MP y JC Ortiz (2006) Genetic variability and population structure in tunicate *Pyura chilensis* Molina, 1782, in the coast of Chile. Revista Chilena de Historia Natural 79 (4): 423-434.

OTRAS REFERENCIAS

Servicio Nacional de Pesca (2005) Anuario Estadístico de Pesca. República de Chile.

Zagal C y C Hermosilla (2001) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor Wild Chile S.A., Santiago de Chile. 217 págs.

Fichas

- **PECES AGUA DULCE**

1. **Nombre científico**: *Onchorynchus mykiss*, (Walbaum, 1792) (Trucha arcoiris).

2. **Distribución:** Es originaria de Norteamérica, pero ha sido introducida en arroyos y lagos de agua fría de todo el mundo. Es una de las más abundantes truchas existentes en Chile. Su distribución abarca principalmente desde la zona central hasta el extremo sur del país.

3. **Biología/ historia de vida**. Las truchas requieren aguas frías, limpias y saturadas en oxígeno, habita en ríos rápidos, arroyos, lagos y presas, con temperaturas de 0.6 °C a 23.9 °C como máximo en períodos cortos, y promedios de 10 a 18°C, el pH óptimo fluctúa entre 6.7 y 8.6, es decir, que requiere aguas ligeramente alcalinas con más de 65 ppm de sales de calcio. Suele permanecer en los arroyos durante toda su vida, pero algunos ejemplares migran a los lagos, y otros al mar, uno o tres años después de su nacimiento. Tanto unos como otros regresan a sus arroyos de origen para desovar.

4. **Objetivos genéticos**.

1. Comparar progenies ginogenéticas haploides (producidas por inactivación de espermios con luz UV). Comparar el número cromosómico de 5 cepas de cultivo: Americana, Donaldson, Cofradex, Steelhead, and Kamloops (Colihueque et al. 1996, 2001).

2. Identificación de progenies ginogenéticas experimentales mediante análisis de cariotipo (Colihueque et. al, 1992).

3. Caracterizar cromosomas sexuales de cepas de cultivo, utilizando marcadores moleculares (Iturra et al. 2001).

4. Caracterización biométrica y reproductiva en una población asilvestrada de la zona central de Chile, con especial énfasis en las características microscópicas de las gónadas a lo largo del año. Se analizaron los principales estados de la gametogénesis en ambos sexos y se cuantificó además el índice gonadosomátíco, la fecundidad de las hembras, y la proporción de sexos (Estay et al. 1990).

5. Mejoramiento genético en la cruza de peces mediante dos etapas de selección (Martínez et al. 2006).

6. Medición de la respuesta ovulatoria y niveles séricos de GtH en hembras inducidas con GnRHa DA1a6 (Estay et al. 1996).

7. Medir respuesta de citocromo P4501A1 en el hígado, la aparición de metabolitos fluorescentes en la bilis y el daño genotóxico en eritrocitos como respuesta a la exposición bajo condiciones de laboratorio de sedimentos tomados del río Bío-Bío, en Chile central (Inzunza et al. 2006).

8. Construcción y caracterización de una secuencia caracterizada amplificada de una región de DNA (SCAR DNA), llamada OmyP9. Estudio de factores hereditarios de OmyP9 (Iturra et al. 2001).

9. Identificación de marcadores moleculares asociados a cromosomas sexuales (Iturra et al. 1998).

10. Determinación de las condiciones experimentales que permiten la obtención de ejemplares triploides y los métodos citogenéticos para su diagnóstico (Iturra et al. 1990).

11. Análisis genético de información de peso y longitud a los 140 y 171 días de edad de truchas arcoiris provenientes de un total de 35 cohortes de individuos silvestres, de piscicultura y de sus cruzas (Neira et al. 1990, 1991).

12. Determinación cariotípica en adultos y embriones para establecer diferencias en el polimorfismo cromosómico de una población de piscicultura y otra asilvestrada (Veloso et al. 1990).

13. Investigar oligonucleótidos (GATA y GGAT) en loci de minisatélite que producen patrones de impresión que son únicos en cada individuo (Vergara et al. 1998).

14. Desarrollar un estudio de RAI para la medición de la maduración de gonadotropina (GtH II) en el plasma de peces, que se desarrollo usando antisuero de conejo, subunidad b de GtH II de un salmón similar (Ronco et al. 1995).

15. Examinar la influencia de tres factores fisiológicos relacionados con la producción de triploides (Diaz et al. 1993).

16. Estimación de parámetros de dimensión variable y modelo Bayesiano basados en la técnica de Monte Carlo vía cadena de Markov aplicado en el mapa de QTLs en un mapeo de haplotipo doble de la población (Martinez et al. 2005).

17. Investigar la variación aloenzimática en tres poblaciones naturales, basándose en 32 loci. (Gajardo et al. 1998)

5. **Marcadores genéticos.**

1. Marcadores moleculares OmyP9, 5S rDNA, y fragmentos de genes de la hormona del crecimiento (Iturra et al. 2001).

2. Identificación de cromosomas mediante tinción de fluorescencia con Hoeschst 33258/AMD (Colihueque et al. 1992).

3. Utilización de método RAPD (Iturra et al. 1998).

4. Utilización de oligonucleótidos como GATA y GGAT (Vergara et al. 1998).

5. QTLs para mapa genético (Martinez et al. 2005).

6. **Principales resultados**

1. Se observaron dos a tres números cromosómicos diferentes en cada progenie. Igualmente, anormalidades cromosómicas en progenies normales (parecería ser un fenómeno normal) (Colihueque et al. 1996).

2. Se obtuvo embriones haploides por fertilización de huevos con esperma inactivada (mediante radiación con luz UV durante 10 min). Embriones ginogeneticos diploides obtenidos con shock de temperatura mostró dos cromosomas X (Colihueque et al. 1992)

3. El 2n varió de 58 a 63 cromosomas, Americana (2n=59–60), Steelhead y Kamloops (2n=58–61) en el extremo bajo, Cofradex con 2n intermedio (2n=59–62) y Donaldson Alto (2n=61–63). Machos XX y hembras XY, XXX. Variación en números cromosómicos reflejaría diferencias en las poblaciones ancestrales, o mezcla con poblaciones de diferente origen geográfico (Colihueque et al. 2001).

4. En la trucha arcoiris, uno de los dos loci para el gen 5S rDNA es en el cromosoma X. El par subtelocéntrico puede ser el cromosoma sexual (Iturra et al. 2001)

5. Con respecto a una población de trucha arco iris asilvestrada en la zona norte de Chile, en la zona central existe un leve desplazamiento de la actividad reproductiva hacia los meses de primavera (Estay et al. 1990).

6. La selección de 2 estados produjo 7% y 14% de ganancia genética, en comparación con procedimiento más simple. El máximo ganancia fue alcanzada cuando la selección fue relativamente estricta en su primera etapa. Debido a la alta fertilidad y flexibilidad biológica del pez, dos etapas de estrategia de selección pueden ser aplicadas fácilmente; es así como este estudio confirma sus beneficios en la reducción de costos de desarrollo y en el aumento de ganancia genética en la cruza de peces (Martínez et al. 2006).

7. La respuesta ovulatoria y los niveles séricos de GtH II confirman la capacidad de GnRHa D-Al de simular ovulación mediante un aumento en la síntesis de GtH II y/o secrecion de la glandula pituitaria (Estay et al. 1996).

8. Análisis químicos indicaron la presencia de hidrocarburos aromáticos policiclicos (PAH) en rangos de 2000 a 7000 ng de peso seco en sedimentos de 2 de las 3 estaciones de muestreo del río Bio Bio . La actividad de CYO1A1 y los metabolitos de la bilis de las truchas expuestas a sedimentos contaminantes de PAH presentan estadísticamente diferencias significativas respecto a otras estaciones. También se revela notable daño genotoxico en eritrocitos de truchas de estas estaciones (Inzunza et al. 2006).

9. Se encontraron seis variantes fenotípicas de OmyP9 (A, B, C, AB, BC y ABC) en 186 individuos de siete diferentes cepas. Los machos tienen una mayor representación de la variante A (93.3%) sugiriendo una asociación con el cromosoma Y. Todos los machos producto de cruza heredaron la variante A de su progenitor macho (Iturra et al. 2001).

10. Se logró una localización cromosomal usando florescencia en el sitio de hibridación de 900 pb. que revela una señal definida en un cromosoma que puede ser clasificado morfológicamente como cromosoma Y (Iturra et al. 1998).

11. Se obtuvo como resultado un 79,09% de ejemplares triploides con una sobrevida de un 95% al "estado de ojos" mediante la aplicación de un choque térmico de 26.5ºC, 20 min. después de la fecundación. Así mismo, como método más adecuado para el diagnóstico citogenética, se sugiere la obtención de placas metafásicas en embriones en el estado de pre-ojos (Iturra et al. 1990).

12. Se encontró diferencias significativas para peso y longitud entre individuos silvestres (S) y de piscicultura (P), con promedios generales de 5,75 y 2,10 g de peso y de 7,36 y 5,3 cm de longitud a los 140 días para individuos P y S, respectivamente. Los valores promedios correspondientes a las mismas características los 171 días, en el mismo orden, fueron 10,07 y 2,85 g y 8,76 y 5,98 cm, respectivamente. Las cruzas tuvieron, en general, valores intermedios. Se observó una alta variabilidad dentro de cohortes, con coeficientes de variación de 43 a 75% para peso y de 14 a 20% para longitud. Correlaciones fenotípicas entre peso y longitud fueron superiores a 90% ($P<0,01$) para todas las edades (Neira et al. 1990, 1991).

13. La identificación de cromosomas mediante mediciones cromosómicas, bandeo C y AgAsNOR, permite establecer una correspondencia entre sexo cromosómico y sexo gonadal (sistema XX/XY). En un 15% de los ejemplares se determinó polimorfismo intraindividual. Se sugiere una participación de cromosomas metacéntricos grandes y cromosomas telocéntricos en reordenamientos de tipo Robertsoniano para dar cuenta del polimorfismo (Veloso et al. 1990).

14. Se probó que (GATA) se producen patrones altamente individuales que diferencian los individuos entre las proles ginogenéticas que pueden ser fácilmente cuantificados (Vergara et al. 1998).

15. La selección de 2 estados produjo 7% y 14% de ganancia genética, en comparación con procedimiento más simple. El máximo ganancia fue alcanzada cuando la selección fue relativamente estricta en su primera etapa. Debido a la alta fertilidad y flexibilidad biológica del pez, dos etapas de estrategia de selección pueden ser aplicadas fácilmente; es así como este estudio confirma sus beneficios en la reducción de costos de desarrollo y en el aumento de ganancia genética en la cruza de peces (Martínez et al. 2006).

16. La inyección de GnRH (no la administración oral) es un método apropiado para inducir GtH II y altas tasas de ovulación en truchas. El RIA heterólogo fue efectivo para detectar concentraciones en plasma de GtH II mayores a 2ng/ml. (Ronco et al. 1995).

17. Se encontró que hay una directa relación entre el peso del cuerpo y la fecundidad total, no así entre el peso del cuerpo y el diámetro del huevo, ni la fecundidad relativa. También hay una alta correlación entre la tasa de fertilización y la tasa de supervivencia del embrión en el estado de ojos. La supervivencia del embrión en este estado parece estar cercanamente relacionada con la temperatura de incubación. El diámetro del huevo no está correlacionado con su supervivencia en estado de ojos (Estay et al. 1994).

18. Se observó una tendencia a altos porcentajes de triploides con temperaturas de agua de 6-8ºC en la inseminación e incubación, comparado con las altas temperaturas normales. Un aumento significativo en el porcentaje de triploides se observó cuando el huevo permanece 2, 6 y 10 días en la cavidad abdominal (Diaz et al. 1993).

19. La expectación posterior al número de QTLs en diferentes linajes muestra que al menos cuatro QTLs son necesarios para explicar las diferencias observadas en el desarrollo temprano entre las líneas. El método Bayesiano efectivamente combina toda la información disponible con precisión en la posición del QTLs en el genoma (Martinez et al. 2005).

20. El porcentaje de loci polimórficos, número de alelos por locus y el porcentaje observado de heterocigosidad es alto en 32 loci estudiados, pero está dentro de los rangos normales. 8 de 10 loci polimórficos estudiados exhiben una significativa heterocigosidad alélica. Algunos loci muestran notable capacidad discriminatoria entre las muestras (Gajardo et al. 1998).

7. Información complementaria. no existe información

8. Secuencias: no existe información

9. Estudios filogenéticos: no existe información

10. Investigaciones Prioritarias:

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: identificación de stock en la costa chilena, desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos derivados.

REFERENCIAS GENETICAS

Colihueque N, Iturra P, Diaz NF & A Veloso (1996) Further Evidence of Chromosome Abnormalities in Normal and Haploid Gynogenetie Progenies of Rainbow Trout, *Oncorhynchus mykiss*. J. Exp. Zool, 276:70-75.

Colihueque N, Iturra P, Estay F & N Díaz (2001) Diploid chromosome number variations and sex chromosome polymorphism in five cultured strains of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Aquaculture, 198: 63-77.

Colihueque N, Iturra P, Díaz N, Veloso A & F Estay (1992) Karyological analysis and iidentification of heterochromosomes in experimental gynogenetic offspring of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum). Rey. Brasil. Genet., 15 (3): 535-546.

Diaz N, Iturra P, Veloso A, Estay F & N Colihueque (1993) Physiological factors affecting triploid production in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. Aquaculture, 114:33-40.

Estay F, Ronco AM & LG Caceres (1996) Respuesta ovulatoria y niveles séricos de GtH II alcanzados en hembras de trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*) inducidas a ovular con GnRHa D-Ala6. Arch. Med. Vet. XXVIII, Nº 2.

Estay F, Díaz N & J Mella (1990) Ciclo reproductivo gonadal de una población de trucha arco iris, *Oncorhynchus mykiss*, de la zona central de Chile. Medio ambiente 11(1): 15-23.

Estay F, Díaz NF, Neira R & X Fernández (1994) Analysis of the reproductive performance in a hatchery of rainbow trout in Chile. Prog. Fish-Cult., 56:244-249.

Gajardo G, Diaz O & JE Crespo (1998) Allozymic variation and differentiation in naturalized populations of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum), from southern Chile. Aquaculture Research, 29: 785-790.

Iturra P, Lam N, De la Fuente M, Vergara N & JE Medrano (2001) Characterizatíon of sex chromosomes in rainbow trout and coho salmon using fluorescence in situ hybridization (FISH). Genetica, 111(1-3):125-31.

Iturra P, Medrano JF, Bagley M, Vergara N & P Imbert (2001) Development and characterization of DNA sequence OmyP9 associated with the sex chromosomes in rainbow trout. Heredity, 86(Pt 4):412-9.

Inzunza, B; Orrego R.; Peñalosa, M.; Gavilán, JF. & R. Barra. 2006. Analysis of CYP4501A1, PAHs metabolites in bile, and genotoxic damage in Oncorhynchus mykiss exposed to Biobío River sediments, Central Chile. Ecotoxicol Environ Saf., 65(2):242-51.

Iturra P, Medrano JF, Bagley M, Lam N, Vergara N & JC Marin (1998) Identification of sex chromosome molecular markers using RAPDs and fluorescent in situ hybridization in rainbow trout. Genetica, 101: 209-213.

Iturra P, Veloso A, Díaz N, Colihueque N & F Estay (1990) Preliminary results on the tri.ploid genome induction in rainbow trout, *Oncorhychus mykiss* (Walbaum) (Osteichthyes, salmonidae). Biología Pesquera, 19: 69-74.

Martinez V, Antti K, Mäntysaari E & A Mäki-Tanila (2006) The use of alternative breeding schemes to enhance genetic improvement in rainbow trout: II. Two-stage selection. Aquaculture, 254(1-4): 195-202.

Martinez V, Thorgaard G, Robison B & MJ Sillanpää (2005) An application of Bayesian QTL mapping to early development in double haploid lines of rainbow trout including environmental effects. Genet Res.,86(3):209-21.

Neira R, Diaz N, García X & F Estay (1990) Results from crossing wild and hatchery rainbow trouts, *Oncorhynchus mykiss*. Avances en Producción Animal, 15(1-2): 115-121.

Neira R, Diaz N, García X & F Estay (1991) Genetic analysis for weight and length in rainbow trout fingerlings, *Oncorhynchus mykiss*. Avances en Producción Animal, 16 (1-2): 203-209.

Ronco AM, Estay F, Rosselot G & L Caceres (1995) Determination of circulating maturational gonadotropin (GTH II) in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) using a heterologous radioimmunoassay. Biol Res 28:301-306

Veloso A, Iturra P, Colihueque N, Díaz N & F Estay (1990) Two populations chromosome polymorphism of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum) from central Chile. Biología Pesquera, 19: 3-8.

Vergara N, Iturra P & R Aguirre (1998) Multilocus DNA-fingerprinting using oligonucleotide probes (GATA)4 and (GGAT)4 in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Genet. Mol. Biol., 21(2).

Fuente: Gesam Consultores

1. **Nombre científico** (común) *Trichomycterus areolatus* (Valenciennes, 1846) (Bagre chico).

2. Distribución está ampliamente distribuido en los sistemas límnicos de Sudamérica. Es la especie íctica de aguas continentales con distribución más amplia en Chile, encontrándose entre Limarí (30º 42' S) y Puerto Varas (41º 19' S) (Pardo, 2002).

3. Biología/ historia de vida

Morfológicamente esta especie presenta una cabeza levemente triangular. Posee tres pares de barbillas, un par son nasales, otras maxilares y submaxilares. Presentan una boca ligeramente amplia, el labio inferior ocupa todo el extremo anterior del hocico. Tiene ojos pequeños y dorsales, separados por un espacio interorbital. Se diferencia de otras especies semejantes por las siguientes características; pedúnculo caudal más alto, aleta dorsal más corta con borde irregular. El tamaño que pueden alcanzar es de 15 cm de longitud total. El color que presentan es variable desde un castaño claro ligeramente a un tono verdoso, con pigmentación oscura e irregular, en el vientre la coloración es blanquecina (Duarte et al. 1971).

El hábitat de esta especie se ha descrito en ambientes de ritrón, encontrándose a menudo bajo las piedras en las aguas "muertas" (debajo de bolones) en fuertes corrientes o al borde del flujo principal donde el agua es baja o forma pozones entre las piedras. Se encuentra en el litoral arenoso o pedregoso de los lagos en sectores donde desembocan pequeños afluentes. En estas partes se meten entre la arena y grava. (Campos et al, 1993). Los aspectos reproductivos indican que esta especie realiza el desove entre octubre y diciembre. Por otra parte Manríquez et al (1988) reconoce para este mismo periodo hembras con ovocitos maduros, de color amarillento y con rangos de 1,51-2,1 mm de diámetro. En cuanto a su alimentación se consideran como peces carnívoros, consumen toda variedad de organismos

que tengan contacto con el fondo, crustáceos, larvas de insectos invertebrados; efemerópteros, dípteros y tricopteros.

4. Objetivos genéticos

Arratia y Veloso (1980), describieron los cariotipos para 4 géneros de Sudamérica de Trichomycteridae, entre ellas *Trichomycterus areolatus*, a partir del epitelio branquial usando el método Legendre.

Con análisis citigenéticos Colihueque et al. (2006), describieron el cariotipo y el contenido de ADN nuclear en *T. areolatus.*

5. Marcadores genéticos

6. Principales resultados

Colihueque et al. (2006), describieron el cariotipo de *T. areolatus*, en individuos colectados en los ríos Huilma y Tijeral del sur de Chile. El número de cromosomas diploides fue de 54, con una fórmula del cariotipo de 44m + 8 sm + 2st. Polimorfismo en el número de cromosomas intra-individual fue encontrado en especímenes del río Huilma (2n= 54, 55 y 56). El contenido de DNA nuclear mostró un valor promedio de 5.04 ± 1.09 pg/nucleus. Este contenido de DNA es mayor que el valor promedio descrito para otras especies del género.

7. Información complementaria

8. Secuencias

En el Genbank existen 5 secuencias para esta especie: una secuencia parcial para el gen ND4, tRNA-Ser, 16S r RNA y 12S rRNA. Una secuencia completa para el gen tRNA-His.

9. Estudios filogenéticos

10. Investigaciones Prioritarias

REFERENCIAS GENÉTICAS

Arratia G & A Veloso (1980) Karyotypes of trichomycterid fishes (Siluriformes). Archivos de Biología y Medicina Experimentales. 13 (1): 137.

Colihueque N, Corrales O & M Parraguez (2006) Karyotype and nuclear DNA content of *Trichomycterus areolatus* (Siluriformes, Trichomycteridae). Genetics and Molecular Biology, 29 (2): 278-282.

OTRAS REFERENCIAS

Arratia G (1981) Géneros de peces de aguas continentales de Chile. Mus. Nac. Hist. Nat. Chile. Publ. Ocas. 4:3-108.

Campos H, Ruiz V, Gavilán JF y F Alay (1993). Pesci del fiume Bíobío. Pubblicazione di divulgazione, 5:7-100.

Duarte W, Rufino F, Jara C, Moreno C y AE Orellana (1971) Ictiofauna del sistema hidrográfico del río Maipo. Boletín del Museo Nacional de Historia Natural, Chile 32:227-268.

Manríquez A, Huaquín M, Arellano M y G Arratia (1988) Aspectos reproductivos de *Trichomycterus areolatus* Valenciennes, 1846 (Pisces: Teleostei: Siluriformes) en Río Angostura, Chile. Stud. Neotrop. Fauna Envir. 23 (2): 89-102.

Pardo R (2002) Diferenciación morfológica de poblaciones de *Trichomycterus areolatus* Valenciennes 1846 (Pisces: Siluriformes: Trichomycteridae) de Chile. Gayana 66(2): 203-205.

FUENTE: UNESCO/OLESS

1. <u>Nombre científico</u> (común) *Basilichthys australis (*Eigenmann, 1927) (Pejerrey chileno, Pejerrey de Río, Silverside)

2. <u>Distribución</u>. Este pejerrey es endémico, con una amplia distribución que comprende entre el Río Huasco (28° -29° S) hasta Isla Grande de Chiloé (42°-43°S) (Campos, 1985; Gajardo 1988; Dyer, 2000). Habita aguas altamente oxigenadas, desovan en ambientes de características lénticas (lagos o pozones de ríos), donde emergen los reclutas, luego los juveniles usan ambientes riparianos o litorales como hábitat de crianza (Campos et al. 1993)

3. <u>Biología/ historia de vida</u>.

El pejerrey chileno pertenece a la familia Atherinopsidae, Género *Basilichthys*.
Presenta cuerpo alargado y fusiforme, alcanzando tallas mayores a los 30 cm de longitud total. Se alimenta de insectos, pequeños invertebrados, algas filamentosas y detritus. Los ejemplares carecen dimorfismo sexual aparente y su período reproductivo se extiende aproximadamente entre Agosto y Diciembre (Vila y Fagetti, 1986). Su coloración se distingue por presentar una banda oscura longitudinal, plateada en su borde inferior, flancos verde amarillentos, más blancos, el dorso está recorrido por banda oscura angosta de coloración verde azulada (Ruiz y Marchant, 2004). Posee boca terminal, no protráctil con tres hileras de dientes mandibulares; branquispinas de la rama inferior 12-15; todas las escamas dorsales de la cabeza con imbricación invertida mientras que escamas corporales son pequeñas (14-17 escamasdorsales) de borde posterior liso (Dyer, 2000).

4. Objetivos genéticos.

Gajardo (1988) resolvió 37 loci en 17 sistemas enzimáticos en *B. australis* y *B. microleidotus* utilizando de 12 poblaciones del la zona central de Chile. Se compararon las taxas en cuanto a sus frecuencias alélicas en loci polimórficos, heterocigosidad, identidad y distancia genética.
Gajardo (1992) describió los cromosomas en estado mitótico de *B. australis* y *B. microlepidotus* discutiendo el significado evolutivo de esta información citológica

5. Marcadores genéticos.

Gajardo (1988) analizó un 40 individuos de *B. australis* y un minimo de 32 y un máximo de 69 de *B. microlepidotus* con 17 enzimas: Alcohol deshidrogenasa (Adh), Amino peptidasa (Ap), Creatina kinasa (Ck), Esterasa (Est), Fumarasa (Fum), Glucamato oxalacetato amino transferasa (Got), L-glicerolfosfatas deshidrogena (L-Gdph), Glioxalasa (Gly), Isocitrato deshidroganasa (Idh), Lactato deshidrogenasa (Ldh), Enzima Málica (Me), Malato deshidrogenasa (Mdh), Fosfoglucomutasa (Pgm), 6-Fosfo gluconato deshidrogenasa (6-Pgdh), Fosfogluco isomerasa (Pgi), Tretazolium deshidrogenasa (To) y Xantina deshidrogenasa (Xdh).

6. Principales resultados

Los resultados de Gajardo (1988) no mostraron una sustancial diferenciación genética entre *B. australis* y *B. microlepidotus*. Del total de loci resueltos, 32 resultaron monomórficos con identicas movilidades en ambas especies. Sólo los loci Est-2, Mdh-2, Pgi-3, Me-3 y Adh fueron polimórficos. Ambas especies presentaron casi idénticas fecuencias para los loci polimórficos, con valor de identidad genética de 0.999923 (Distancia= 0.000076). La heterocigosidad promedio de *B. australis* fluctuó entre 0.05 y 0.013, mientras que en *B. microlepidotus* estos valores fueron entre 0.04 y 0.18 , aunque sus promedios sólo alcanzaron 0.02 y 0.03, respectivamente. Gajardo señala que la escasa diferenciación podría deberse a a que ambas especies han evolucionada muy rápidamente, probablemente por cambios en unos pocos loci los que podrían tener un efecto epistático y cuantitativo sobre el fenotipo.

Gajardo (1992) realizó el cariotipo de *B. australis* (n= 10) y *B. microlepidotus* (n= 10) utilizando el 100 placas en metafase obtenidas mediante el método del aplastado y tinsión Giemsa. Los cromosomas fueron clasificados de acuerdo a la posición del centrómero. El número modal de cromosomas fue 2n= 48 para *B. microlepidotus* y 2n= 46 para *B. australis.* El cariotipo de *B. australis* consistió en cuatro pequeños cromosomas metacéntricos, cinco submetacéntricos y 39 subtelocénticos. El autor sugiere que *B. australis* podría considerarse más primitivo *B. microlepidotus* debido a la ocurrencia en la reducción del número diploide.

7. Información complementaria

De acuerdo a su estado de conservacion esta especie ha sido tipificada como vulnerable debido a que por la longitud total que puede alacanzar es apreciada por pescadores deportivos.

8. Secuencia no existen información

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos como el desarrollo de marcadores moleculares.

REFERENCIAS GENETICA

Gajardo G (1988) Genetic divergence and speciation in *Basilichthys microlepidotus* Jenyns, 1842 and *B. australis* Eigenmann, 1927 (Pisces, Atherinidae). Genetica 76 (2): 121-126.

Gajardo G (1992) Karyotypes of *Basilichthys microlepidotus* and *B. australis* (Pisces: Atherinidae). Copeia, 1: 256-258.

OTRAS REFERENCIAS

Campos H (1985) Distribution of fishes in the Andean rivers in the south of Chile. Arch. Hydrobiol., 104 (2): 169-191.

Campos H, Gavilán JF, Alay F & VH Ruiz (1993) Peces del Río Bio-Bío. Serie: Publicaciones de Divulgación EULA, 5: 1-100.

Dyer, B (2000) Revisión sistemática de los pejerreyes de Chile (Teleostei, Atheriniforme). Estud. Oceanol. 19: 99–127.

Ruiz V y M Marchant (2004) Ictiofauna de aguas continentales chilenas. Dirección de Docencia, Universidad de Concepción. 356 pp

Vila I y E Fagetti (1986) Trabajos presentados al Taller Internacional sobre ecología y manejo de peces en lagos y embalses. Santiago, Chile, 5–10 de noviembre de 1984. COPESCAL Doc.Téc., (4):237 p.

Fuente: Fishbase

1. **Nombre científico (común)** *Diplomystes camposensis* (Arratia, 1987) (Toyo, bagre).

2. **Distribución** La distribución de esta especie, está descrita en la cuenca Valdivia, Lago Riñihue, Región de Valdivia, Sur de Chile (Arratia, 1983). También está citada desde la IX a la X Región (Campos et al. 1998).

3. **Biología/ historia de vida**

Estos peces presentan cuerpo sin escamas. Posee barbillas nasales y suprapreoperculares. Longitud del premaxilar menos de 50% de la longitud del maxilar con 12 a 19 dientes. Aberturas nasales redondeadas por un largo pliegue de la piel. Numerosas, cortas y redondeadas papilas en todo el cuerpo incluyendo labios y membranas branquiostegales. Origen de la aleta dorsal más cerca de la mitad de la longitud del cuerpo que del hocico. El origen de las aletas pélvicas es posterior a la mitad de la longitud estándar. La aleta pectoral es más larga en los juveniles que en los adultos, el extremo de las pélvicas alcanza el origen de la anal en los juveniles y se separa durante el crecimiento; ambas aletas pélvicas están mas juntas en los juveniles que en los adultos. Presentan una coloración uniforme castaño oscuro o morado oscuro en el dorso, con manchas irregulares castaño o morado (redondeadas) en los flancos. En ejemplares frescos el vientre adquiere tonalidades amarillentas, naranjas o

blanquecinas. Esta coloración es variable con la edad y puede diferir dependiendo de la localidad. La longitud máxima conocida, al estado adulto, es de 249 mm (Arratia, 1987).
Esta especie no sólo se encuentra en ríos sino también en lagos (Arratia, 1983). La dieta de los adultos de *Diplomystes,* parece ser exclusivamente carnívora, en base a crustáceos del género *Aegla*, larvas y adultos de insectos y anélidos (Arratia, 1987).

4. **Objetivos genéticos**

Solo se ha realizado una descripción del cariotipo de *Diplomystes camposensis* y comparado con el de otra especie del género (Campos et al. 1997).

5. **Marcadores genéticos**

6. **Principales resultados**

Campos et al. (1997) realizó un estudio comparativo de los cariotipos de *Diplomystes camposensis* y *Diplomystes nahuelbutaensis* respetivamente. Ambos tuvieron el mismo número diploide (n = 56). La fórmula del cromosoma para *D. camposensis* fue 16 cromosomas metacentricos + 24 submeracentricos + 8 subrelocentricos + 8 telocentricos y para *D. nahuelbutaensis* fue 14 cromosomas metacentricos + 26 submetacentricos + 8 subtelocentricos + 8 telocentricos. Por otro lado, las diferencias en los patrones cromosómicos de las C-bandas entre estas especies fueron grandes. Por ejemplo, los pares de cromosomas 5, 6, y 7 de *D. nahuelbutaensis* mostraron centrómeros heterocromáticos y los pares 23, 24, 27, y 28 fueron completamente heterocromáticos. *Diplomystes camposensis* mostró visibles bloques de C-bandas en los pares 7, 24, y 25.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

9. **Estudios filogenéticos**

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Campos H, Arratia G & C Cuevas (1997) Karyotypes of the most primitive catfishes (Teleostei: Siluriformes: Diplomystidae). Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research 35 (3): 113-119.

OTRAS REFERENCIAS

Arratia G (1983). Preferencias de hábitat de peces siluriformes de aguas continentales de Chile. Studies on Neotropical Fauna and Environment 18(4):217-237.

Arratia G (1987) Description of the primitive family Diplomystidae (Suliformes, Teleostei, Pises): Morphology, taxonomy and phylogenetic implications. Bonner Zoologische Monographien 24: 1-120.

Campos H, Dazarola G, Dyer B, Fuentes L, Gavilán JF, Huaquin L, Martínez G, Meléndez R, Pequeño G, Ponce F, Ruiz VH, Sielfeld W, Soto D, Vega R & I Vila (1998) Categorías de Conservación de peces nativos de aguas continentales de Chile. Boletín del Museo Nacional de Historia Natural Chile, 47: 101-122.

Fuente: Fishbase

1. **Nombre científico** (común) *Nematogenys inermis* (Guichenot, 1848) (Bagre, bagre grande).

2. Distribución originalmente esta especie tenía una distribución continua desde Aconcagua a Osorno, estando actualmente restringida a Rancagua, Concepción, Angol y probablemente donde la intervención del hombre no ha sido tan evidente (Arratia, 1891).
En el sistema del Maipo; sólo se le encuentra en esteros y acequias tributarias del estero Angostura en la zona de Valdivia de Paine (Duarte et al, 1971).
En el sistema del río Andalién se distribuye desde poco antes de la desembocadura del Nonguén, Curapalihue y Paso Ancho (Ruiz, 1993).
Campos et al. (1998), definen el rango de distribución desde la V a la IX Región.

3. Biología/ historia de vida

Esta especie está considerada como la más primitiva de la Familia, fundamentalmente por presentar tres pares de barbillas, opérculos y subopérculos sin espinas, espinas de la aleta pectoral y aleta dorsal a nivel de las pélvicas, sin embargo estudios han demostrado una gran adaptabilidad a nuevas condiciones, como la reducción de los maxilares que soportan las barbillas y especialización en la pérdida de huesos como el opistótico, subopercular, interopercular. Se puede diferenciar de otras de otras especies por la presencia de las barbillas mentonianas y el pedúnculo caudal comprimido y alto, que se continúa a lo largo de la aleta

caudal, la que presenta su borde posterior redondeado. Esta especie presenta además un pedúnculo caudal ancho fuertemente comprimido, alto y de borde dorsal engrosado (Ruiz, 1993).

La coloración que exhibe este pez es amarillenta a castaño claro en el cuerpo, con gran cantidad de manchas irregulares, especialmente en las aletas, el vientre se hace mas claro en el dorso (Ruiz, 1993).

Esta especie habita en sistemas de llanura o potamones fluviales, que corresponden a lugares de corrientes relativamente lentos. Las aguas que habita son claras y limpias (Manríquez et al, 1984). Arratia (1983) sitúa esta especie ocupando distintos hábitat, según edades. Así los juveniles de hasta 50 mm, prefieren zonas cercanas a la ribera con fondo arenoso o limo, de poca profundidad. Los especímenes juveniles de entre 60 y 180 mm se sitúan a mayor profundidad y ejemplares mayores estarían ocupando pozones dentro del río.

Un aspecto de su reproducción indica que pertenece a la categoría de sincronismo parcial, es decir, con desoves una vez por temporada. El período de desove ocurriría a fines de primavera o a comienzos del verano (Manríquez et al. 1984).

Estudios indican que este ejemplar en cautividad no acepta ninguna clase de alimento, muriendo al cabo de meses (Manríquez et al. 1982). Según Oliver (1949), estos peces se alimentan de noche, de gusanos e insectos. El contenido estomacal examinado revela que el ítems más frecuente, los constituyen hemíptera, seguido en importancia por amphipoda y *Diptera chironomidae.*

4. **Objetivos genéticos**

Arratia y Veloso (1980) describieron los cariotipos para 4 especies de Sudamérica del género Trichomycteridae, entre ellas *Nematogenys inermes*, a partir del epitelio branquial usando el método Legendre.

5. **Marcadores genéticos**

6. **Principales resultados**

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

En el Genbank existen secuencias parciales y completas de algunos genes.

9. **Estudios filogenéticos**

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Arratia G & A Veloso (1980) Karyotypes of trichomycterid fishes (Siluriformes). Archivos de Biología y Medicina Experimentales, 13 (1): 137.

OTRAS REFERENCIAS

Arratia G (1981) Géneros de peces de aguas continentales de Chile. Publicación ocasional nº 34. Museo Nacional de Historia Natural 34: 3-108.

Arratia G (1983) Preferencias de hábitat de peces siluriformes de aguas continentales de Chile. Studies on Neotropical Fauna and Environment 18(4):217-237.

Campos H, Dazarola G, Dyer B, Fuentes L, Gavilán JF, Huaquin L, Martínez G, Meléndez R, Pequeño G, Ponce F, Ruiz VH, Sielfeld W, Soto D, Vega R & I Vila (1998) Categorías de Conservación de peces nativos de aguas continentales de Chile. Boletín del Museo Nacional de Historia Natural Chile, 47: 101-122.

Duarte W, Rufino F, Jara C, Moreno C y AE Orellana (1971) Ictiofauna del sistema hidrográfico del río Maipo. Boletín del Museo Nacional de Historia Natural, Chile 32:227-268.

Manríquez A, Arellano M & L Huaquin (1984) Antecedentes ecológicos y biológicos de *Nematogenys inermis*, una especie en extinción. Mems asoc. Latinoam. Acuicult. 5(3):609-614.

Manriquez A, Huaquin L &M Arellano (1982) Peces nativos de Chile y problemática planteada para la inducción de desove. Facultad de Ciencias Agrarias, Veterinarias y Forestales Universidad de Chile, 64-70 pp.

Oliver C (1949) Catálogo de los peces fluviales de la provincia de Concepción. Boletín de la Sociedad de Biología de Concepción, Chile 24:51-60.

Ruiz VH (1993) Ictiofauna del río Andalién. Gayana zoología (Chile). 57 (2): 109-278.

Fuente: Centro Regional Universitario Bariloche (CRUB).

1. Nombre Científico ***Galaxias maculatus*** (Jenyns, 1842) (Puye, Puyen Jollytail, Whitebait, Inanga.)

2. Distribución

El puye es uno de los peces de agua dulce más ampliamente distribuido en el mundo. En general, posee distribución circumpolar antártica, encontrándose en latitudes superiores a 30º Latitud Sur (L.S.), en países como Australia, Nueva Zelanda, Tasmania, Islas Chatman, Islas Falkland (Islas Malvinas), Argentina y Chile (Mitchel, 1989; Dantagnan et al. 2002; Waters et al. 2000). En Chile se encuentra entre zona central (32º LS) y Tierra del Fuego (53º LS). Durante el estado adulto habitan agua dulce aunque la mayoría de las poblaciones exhiben algún grado de tolerancia a aguas saladas ya que nacen en estuarios y su fase juvenil se desarrolla en el mar (McDowall, 1990). Aunque es considerada una especie de agua dulce la denominación correcta es diádroma o catádroma (McDowall et al. 1994).

3. Biología/ historia de vida

G. maculatus es una especie dioca madurando sexualmente al primer año de edad. Desova entre la vegetación (desovador terrestre) de ríos estuarinos en luna llena y con pleamar. Los huevos fertilizados se mantienen fijos entre la vegetación quedando al aire libre expuestos a la humedad. Luego de un mes finaliza el desarrollo embrionario. Posee cinco estadio de desarrollo que incluyen: alevín de saco, alevín, alevín cristalino, juvenil pigmentado y adulto pigmentado (Campos et al., 1992). Durante los primeros días de vida, las larvas se alimentan de sus reservas nutritivas almacenadas en el saco vitelino como una gota lipídica, que dura aproximadamente 7 días (Dantagnan et al. 2002). Son peces carnívoros alimentándose de una

amplia variedad de pequeños insectos acuáticos, crustáceos y moluscos A partir de la etapa de alevín consumen rotíferos, cladóceros y larvas de copépodos.

4. Objetivos genéticos.

Waters & Burridge (1999) utilizaron secuencias del DNA mitocondrial para examinar la variación en este gen entre 6 poblaciones de esta especie.

Waters et al. (2000) evaluaron la diferenciación genética entre poblaciones de *G. maculatus* de ríos dentro de Nueva Zelanda y entre continentes utilizando la región control del DNA mitocondrial.

5. Marcadores genéticos.

Waters & Burridge (1999) utilizó ejemplares de Chile, Tasmania, Nueva Zelanda y Islas Malvinas amplificando genes mitocondriales (cytochrome b y 16S rRNA).

Waters et al. (2000) utilizando 163 ejemplares obtuvo 154 haplotipos diferentes para esta especie.

6. Principales resultados.

Waters & Burridge (1999) encontraron niveles de divergencia significativos de los haplotipos entre y dentro de las poblaciones del Oeste Pacífico (Tasmania- Nueva Zelandia) y Sudamérica (Chile-Islas Falkland) observando un patrón de fragmentación continental. Los haplotipos de la poblaciones de Sudamerica no fueron consistentes con su distribución geográfica. Finalmente, los autores consideran que factores tales como divergencia poblacional, tamaño poblacional, dispersión entre otros son las principales causas de los altos niveles de diversidad nucleotidica del DNA mitocondrial en esta especie.

Waters et al. (2000) registraron una pérdida de estructuración genética entre las muestras de Nueva Zelanda lo que sugiere que la dispersión en aguas marinas facilita considerablemente el flujo génico intracontinentalmente. Sin embargo, a nivel intercontinental éste no es suficiente como para prevenir la diferenciación del DNA mitocondrial entre continentes.

7. Información complementaria

Este pez en el pasado sustentó en el sur de Chile una pesquería artesanal que probablemente colapsó por la sobreexplotación de las post-larvas cristalinas. Debido a lo anterior y al alto valor comercial que alcanza en el mercado su post-larva, de aspecto cristalino similar a la anguila europea (Aquanoticias, 1999), se ha estado desarrollando en Chile su cultivo experimental.

8. Secuencia

En GenBank se encuentran disponibles 187 secuencias parciales del DNA mitocondrial además del genoma mitocondrial completo.

REFERENCIAS GENETICA

Waters J, Dijkstra L and G Wallis (2000) Biogeography of a southern hemisphere freshwater fish: how important is marine dispersal?. Molecular Ecology (2000) 9 , 1815–1821

Waters J & C Burridge (1999) Extreme Intraspecific Mitochondrial DNA Sequence Divergencein *Galaxias maculatus* (Osteichthys: Galaxiidae), One of the World's Most Widespread Freshwater Fish. Molecular Phylogenetics and Evolution 11 (1), 1–12.

OTRAS REFERENCIAS

AQUANOTICIAS. (1999). Puyes en cultivo. Fundación Chile. Chile. 11: 51-52.

Campos H (1979) Avances en Estudio Sistemático de la Familia Galaxiidae (Osteichtys: Salmoniformes). Archivos de Biología y Medicina Experimental, 12:107-118

Campos H, Ruiz V, Alay JF y F Gavilan (1992) Peces del Río Bío-Bío. EULA Universidad de Concepción, Chile. Publicaciones de Divulgación, Volumen 5. 100 pp

Dantagnan P, Borquez A, Quevedo J y I Valdebenito (2002a) Cultivo Larvario del Puye (*Galaxias maculatus*) en un Sistema Cerrado de Recirculación. Información Tecnológica, 13:15-21.

McDowall RM (1990) New Zealand Freshwater Fishes—A Natural History and Guide. Heinemann-Reed, Auckland, New Zealand.

McDowall RM, Mitchell C P, & EB Brothers (1994) Age at migration from the sea of juvenile *Galaxias* in New Zealand (Pisces: Galaxiidae). Bull. Mar. Sci. 54: 385–402.

Mitchel Ch (1989) Laboratory Culture of *Galaxias maculatus* and Potencial Applications. New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research, 23:325-336

Fichas

- **CRUSTACEOS**

1. Nombre Científico *Euphausia superaba* (Dana, 1852)
(Krill)

2. Distribución El kril es un crustáceo de ecosistemas pelágicos abundante en todos los océanos. La exitosa adaptación del kril a los ambientes extremos es evidente y queda demostrado a través de su abundancia convirtiéndolo en la mayor pesquería de una especie multicelular del planeta (Nicol & Endo, 1997, 1999).

3. Biología / historia de vida

El kril juega un muy importante rol en el ecosistema Antártico tanto como depredador primario, especialmente microalgas de los géneros *Fragilariopsis*, *Chaetoceros* y *Talassiosira* entre otras (Passmore et al. 2006), y como presa de peces, ballenas y aves marinas (Loeb et al. 1997)
El krill es semi-transparente, en estado adulto puede medir entre 4 y 5 cm. Este crustáceo puede vivir hasta 6 años a pesar de la gran cantidad de depredadores de los cuales es presa.

4. Objetivos genéticos.
No se registran trabajos en genética realizados por investigadores chilenos, sin embargo algunas de las más interesantes investigaciones en el área se han realizado a fin de:

1. Estudiar la variabilidad genética de 3 especies del género *Euphausia* de la región Antártica a través de aloenzimas (Valentine & Ayala, 1976).

2. Estudiar la población de kril de la Antártica basado en el análisis de secuencia de DNA de una porción que codifica para la subunidad I del gen mitocondrial NADH (Zane et al. 1998) y la organización del genoma mitocondrial (Machida et al. 2004).

3. Probar la hipótesis de relación filogenética entre Euphausiacea y otros órdenes de Eumalacostraca mediante la secuencia de la subunidad 28S del DNA ribosomal (Jarman et al. 2000)

5. Marcadores genéticos.

Valentine & Ayala (1976) mediante electroforesis resolvieron 36 loci aloenzimáticos en 127 ejemplares de tres especies de kril colectados en la Península Palmer en la Antártica.
Zane et al., (1998) trabajaron con ejemplares colectados de 4 localidades de la Antártica: Bellingshauses (n=63), Weddell (n=48), Ross Seas (n=70) y South Georgia Island (n=68) que fueron secuenciados para el gen mitocondrial NADH, en tanto Machida et al. (2004) colectó en Weddell sólo un ejemplar de *E. superba* en a partir del cual logró secuenciar parcialmente el genoma mitocondrial.

Jarman et al. (2000) colectó ejemplares en la parte norte de Wilkes Land en la Antártica, y comparó la subunidad mayor de DNA ribosomal (28S rDNA) de ésta con la de otras órdenes de Eumalacostraca.

6. Principales resultados.

Valentine & Ayala (1976) encontraron los promedios más bajos de alelos por locus (1.81) y de heterocigosidad observada (0.058) en ejemplares de *E. superba* colectados en la zona Antártica respecto a ejemplares de *E. mucronata* (0.571 y 0.155) y *A. distiguenda* (0.7 y 0.213) provenientes de Perú y Guatemala. De esta manera los autores plantean que la variabilidad genética es menor en lugares donde el alimento está disponible estacionalmente, y altas donde éstos se encuentran de manera más estable. Sin embargo, muchos otros factores podrían afectar la variabilidad genética de una población, pero en este caso el alimento parecen

jugar un importante rol ya que sólo algunos genotipos podrían adaptarse bajo condiciones de inestabilidad.

Zane et al., (1998) encontró un alto grado de polimorfismo (0.85 diversidad de haplotipos) en un fragmento de 154bp de la región mitocondrial NDI (n=249). Registraron niveles de heterogeneidad genética entre muestras de Weddell Sea y South Georgia (θ_{ST} = 0.021), a pesar de la cercanía geográfica entre ambos sitios de muestreo, y homogeneidad entre las de Roos y Bellingshausen. La heterogeneidad observada no puede ser explica por el modelo "aislamiento por distancia" sino por barreras oceanográfica las que podrían ser responsables de del reducido flujo génico entre Weddell Sea y S. Georgia. El tamaño efectivo de la población de hembras fluctuaría entre 264.000 y 415.000 individuos. De esta manera los resultados indican la *E. superba* podría estar subdividida en dos discretas unidades genéticas con un reducido tamaño efectivo.

Machida et al. (2004) secuenció un fragmento de 14.606 bp del genoma mitocondrial de kril. Este fragmento contenía los 13 genes que codifican las proteínas, 19 de los 22 genes tRNA y la subunidad mayor así como parte de la subunidad menos de los genes ribosomales.

El análisis filogenético (máxima verosimilitud y parsimonia) realizado por Jarman et al. (2000) basado en las secuencias del gen 28S rDNA de los arrojaron un nuevo esquema para la evolución dentro de los Eumalacostraca. Esta nueva filogenia sugiere que la orden Euphausiacea sería más cercana a Mysida y no a Decápoda como generalmente se pensaba.

7. Información complementaria

Malloy et al. (1997) evalúo en daño provocado por la luz ultravioleta (UV), medido con dímeros de ciclobutano pirimidina, y la capacidad de reparación del DNA en zooplancton de la Antártica. De acuerdo a sus resultados sugirió que la UV podría reducir el reclutamiento y la productividad de la transferencia de la cadena trófica. De acuerdo a sus resultados señala que especies que ocupan la columna de agua durante sus primeros estadios de desarrollo en el periodo de primavera alcanzarían altos niveles de reparación del DNA y mientras que los huevos y larvas abundantes en invierno registraron niveles más bajos de reparación. Finalmente la luz UV no solo afectaría a los productores primarios sino que también a las especies heterótrofas del ecosistema marino Antártico.

8. Secuencia

En GenBank se encuentran disponibles 202 secuencias de *E. superba* de los genes 16S, 18S y 28S del rRNA, citocromo b, COI y Tripsina.

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias

Se requiere análisis poblacionales multianuales para determinar las diferencias observadas entre poblaciones es geográfica u temporalmente estable para el recurso krill. Esto cobra mayor relevancia en un recurso que registra importantes fluctuaciones de abundancia entre años (variabilidad de reclutamiento). Si el número de reclutas disminuye significativamente o fuesen muy cercamos se podría gatillar una disminución en las frecuencias alélicas.

REFERENCIAS GENETICA

Jarman SN, Nicol S, Elliott N & A McMinn (2000) 28S rDNA Evolution in the Eumalacostraca and the Phylogenetic Position of Krill. 2000. Molecular Phylogenetics and Evolution 17(1): 26–36.

Loeb V, Siegel V, Holm Hansen O, Hewitt R, Fraser W, Trivelpiece W & S Trivelpiece (1997) Effects of sea-ice extent and krill or salp dominance on the Antarctic food web. Nature 387, 897–900

Machida R, Miya M, Yamauchi M, Nishida M & S Nishida (2004) Organization of the Mitochondrial Genome of Antarctic Krill *Euphausia superba* (Crustacea: Malacostraca). Mar. Biotechnol. 6, 238–250.

Malloy KD, Holman MA, Mitchell D & HW Detrich (1997) Solar UVB-induced DNA damage and photoenzymatic DNA repair in Antarctic zooplankton. Proc Natl Acad Sci USA 94:1258–1263

Valentine J & F Ayala (1976) Genetic variability in krill. Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 73 (2) 658-660

Zane L, Ostellari L, Maccatrozzo L, Bargelloni L, Battaglia B & T Patarnello (1998) Molecular Evidence for Genetic Subdivision of Antarctic Krill (*Euphausia superba* Dana) Populations. Proceedings: Biological Sciences 265(1413), 2387-2391.

OTRAS REFERENCIAS

Nicol S & Y Endo (1997). Krill fisheries of the world. FAO Fisheries Technical Paper.

Nicol S & Y Endo (1999) Krill fisheries: Development, management and ecosystem implications. Aquat. Liv. Res. 12: 105–120.

Passmore A, Jarman S, Swadling K, Kawaguchi S, McMinn A & S Nicol (2006) DNA as a Dietary Biomarker in Antarctic Krill, *Euphausia superba*. Marine Biotechnology 8, 686–696.

Fichas

- **PECES MARINOS**

1. **Nombre científico** (común) *Genypterus chilensis* (Guichenot, 1881) (Congrio Colorado, Red cusk-eel). (www.fishbase.org)

2. **Distribución.**

Océano Pacífico: Del sur de Perú al sur Chile. En chile va desde Arica por el norte (18º25'S) hasta el archipiélago de los Chonos por el sur (47º75`S).

3. **Biología/ historia de vida**.

Peces de cuerpo alargado y comprimido hacia la región posterior, donde termina en punta. Dorso, cuerpo y cabeza negros con pintas blancas; lados del cuerpo café homogéneo con líneas blancas irregulares; vientre rojo anaranjado con algunas estrías blancas. Habita principalmente en cuerpos de aguas costeras, a profundidades que oscilan entre 20 y 150 metros, en fondos rocosos, utilizando grietas como refugio.
Esta especie es capturada principalmente por la flota artesanal a través de líneas de mano o espineles verticales, y ocasionalmente por la flota industrial con redes de arrastre como fauna acompañante de la merluza común. Se destina casi exclusivamente al consumo humano en fresco.

4. Objetivos genéticos. no existe información

5. Marcadores genéticos. no existe información

6. Principales resultados. no existe información

7. Información Complementaria. no existe información

8. Secuencias.

En Genbank no hay secuencias disponibles. (http://www.boldsystems.org/views/login.php). Existen 5 secuencias de Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode.

9. Estudios filogenéticos. no existe información

10. Investigaciones Prioritarias:

Debido a la ausencia de información en el área genética es de alta prioridad, realizar estudios de caracterización genética de la especie y estudios poblacionales , para la identificación de stock a lo largo de la costa Chilena.

REFERENCIA GENETICA

Sujeevan Ratnasingham, Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIA

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

1. **Nombre científico** (común) *Hoplostethus atlanticus* (Collett, 1889) (Orange roughy). www.fishbase.org

2. **Distribución.**

Está descrito en los océanos Atlántico norte (cordillera mesoatlántica) y suroriental (cordón de Walvis y margen continental de Sudáfrica), en el Pacífico suroriental, así como al sur y sureste de Australia y en aguas circundantes a Nueva Zelanda. En Chile, durante 1998 se estableció que esta especie estaba presente en forma notoriamente abundante en el cordón submarino del archipiélago de Juan Fernández.

3. **Biología / historia de vida**.

Esta especie habita en el talud continental, montañas y cordilleras submarinas; usualmente se asocia su presencia a fondos duros irregulares con fuertes pendientes y paredes abruptas, a profundidades de hasta 1200 m. Las mayores concentraciones conocidas de este recurso se registran frente a Namibia, alrededor de Tasmania y Nueva Zelanda, donde su abundancia ha permitido el desarrollo de pesquerías de importancia.

4. **Objetivos genéticos**.

Los estudios existentes de la especie corresponden principalmente a poblaciones presentes en aguas australianas, Nueva Zelanda y África.

Así, Smith et al. (1991) evidenció cambios genéticos que ocurren en el stock sujeto a presión de pesca, asimismo Smith et al. (1997[a]) se propuso encontrar diferencias genéticas entre regiones y entre zonas de pesca. Oke et al. (1999) utilizó marcadores microsatélites para determinar estructura poblacional.
Smith et al. (2002) se centró en determinar las relaciones de los stocks con diversas técnicas, marcadores moleculares, otolitos, historia de vida entre otros.

5. **Marcadores genéticos.**

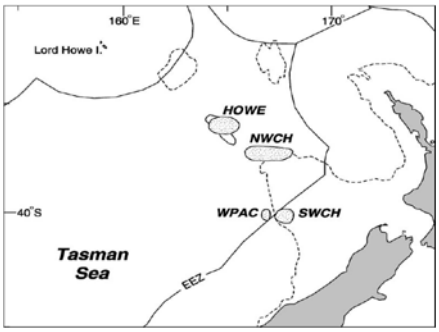
Las técnicas utilizadas en los diversos análisis van desde electroforesis de proteínas, marcadores de ADN mitocondrial, secuenciación a microsatélites, actualmente más utilizado para diferenciación poblacional.

Smith et al. (1991) utilizó electroforesis de proteínas analizando tres zonas Chatham Rise NZ, East Coast, Challenger Plateau, con 9 loci polimórficos.

Smith et al. (1997[b]) analizó once loci enzimáticos de la costa oriental y Chatham Rise de Nueva Zelanda. Además Smith et al. (1997[a]) trabajó con once loci aloenzimaticos y ADN mitocondrial con RFLP en la región control, citocromo b y con 29 partidores RAPD.

Oke (1999) utilizó 10 marcadores microsatélites. Se analizaron seis poblaciones de Australia (1997-1998), dos del Atlántico Norte (1991, 1998) y una de Namibia (1998).

Smith et al. (2002) usó cuatro técnicas entre estas los marcadores moleculares, utilizando electroforesis enzimática, microsatélites y ADN mitocondrial de la región control. Las enzimas son Est-1, Gpi-2, Idh-1 y Idh 2, los microsatélites usados son Hat 2 a y Hat 40 (Oke et al. 1999) y por último el marcador mitocondrial, fue digerido con 12 enzimas de restricción. Las zonas analizadas se muestran en la siguiente figura:



6. **Principales resultados**.

Smith (1986) realiza un estudio aloenzimático que revela altos niveles de variación genética pero con pequeñas diferencias significativas entre áreas de pesca alrededor de Nueva Zelanda.

Evidencia genética de stocks discretos en el sur de Australia sobre datos de aloenzimas fueron encontrados por Black & Dixon (1989), pero no soportada a gran escala por Elliott y Ward (1992), quienes a través del análisis de 11 sistemas polimórficos enzimáticos de ejemplares de 6 localidades alrededor de la costa sur este de Australia, no evidencian subdivisión genética, lo mismo indican para aguas de Nueva Zelanda.

El análisis de Smith et al. (1991) presentó una reducción significativa en la diversidad genética, en los últimos 6 años, durante este tiempo la biomasa se redujo a un 70%.

Smolenski et al. (1993) trabajaron con 13 enzimas de restricción en ADN mitocondrial, revelando un bajo nivel de diversidad genética en esta especie, sin embargo tres enzimas, separaron parcialmente South Wales (NSW) con muestras de Tasmania, sin embargo los autores recomiendan aumentar el numero de muestras y enzimas para determinar una estructuración genética de NSW.

Elliot et al. (1994) mediante análisis RFLP del ADN mitocondrial obtiene bajos niveles de diferenciación del orange roughy entre poblaciones de Australia y el Atlántico, sugiriendo un patrón histórico de flujo génico transoceánico.

Baker et al. (1995) utilizó secuenciación del citocromo b en comparación con la especie *Macruronus novaezelandiae* (hoki) de los alrededores de Nueva Zelanda, de la costa occidental de Tasmania y de Sudáfrica. La variación genética, tanto por la divergencia media de las

secuencia como por la diversidad haplotípica, era alta en el orange (0.590, 0.782 respectivamente) y baja en el hoki (0.076, 0.279 respectivamente). Las diferencias en las frecuencias haplotípicas del orange, de Nueva Zelanda, Tasmania y Sudáfrica no son significativas

Smith et al. (1997[b]), encontró que había una heterogeneidad significativa en los datos totales, sin embargo, dentro de Chatham Rise había una heterogeneidad espacial y temporal en dos lugares, pero ninguna heterogeneidad dentro de las muestras de costa oriental. No había ninguna relación significativa entre la heterocigosidad, el esfuerzo de pesca y años desde el desarrollo de la pesquería. Los sitios de costa oriental tenía un promedio más alto heterocigosidad que los sitios de Chatham Rise.

Levels of genetic diversity (heterozygosity) in tissue samples of orange roughy from three fishing grounds in 1982–83 and 1988 (*$P>0.05$; **$P>0.001$)

Locus	Chatham Rise (Pacific Ocean)		N.Z. east coast (Pacific Ocean)		Challenger Plateau (Tasman Sea)	
	1982	1988	1983	1988	1983	1988
Est-2	0.54	0.56	0.52	0.54	0.55	0.58
Gpi-1	0.57	0.50	0.67	0.48	0.59	0.43*
Gpi-2	0.08	0.02	0.11	0.00*	0.07	0.00
Idh-1	0.03	0.08	0.00	0.04	0.05	0.00
Idh-2	0.02	0.11*	0.21	0.17	0.19	0.19
Ldh-1	0.25	0.04**	0.27	0.13	0.25	0.14
Ldh-2	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02
Mdh	0.43	0.28	0.50	0.42	0.38	0.33
Pgm	0.24	0.11	0.22	0.14	0.16	0.11

Smith et al. (1997[a]) encontró una significativa heterogeneidad entre las 4 poblaciones analizadas en 5 de 11 loci aloenzimáticos, 2 de 9 RAPD y en la frecuencia de los haplotipos del ADN mitocondrial.

Oke et al. (1999) al analizar los microsatélites, encontró loci altamente polimórficos (entre 14 - 24 alelos). La heterocigosidad observada presentó valores entre 0.721 a 0.978. Los test de diferenciación génica, genotípica y F_{ST}, indicaron diferenciación poblacional, estos resultados preliminares sugieren una estructuración entre las poblaciones.

Table 1 Microsatellite loci in the teleost Orange roughy (*Hoplostethus atlanticus* Collett). GenBank Accession nos are given under their appropriate locus

Locus	*N* (*n*)	Repeat motif	No. of alleles	H_O*	H_E*	Flanking primer sequences (5′–3′)	Size (bp)
Hat2a AFI46636	150 (6)	$(GCTC)_3(ACTC)_4$	24	0.807	0.879	F: GTGTGCAATTTCCTTACCTAC R: GCAATTTACAGTTGTGCAATTTG	166–244
Hat3 AFI46637	458 (9)	$(GT)_{12}$	24	0.721	0.770	F: GATCCAGAGAAACTGAAAATCTT R: ACTACAAATACTCCATTCTGATG	116–164
Hat78b AFI46638	174 (2)	$(CT)_3(GT)_{10}$	16	0.85	0.862	F-CCACTATCAGGGTTTTTATCG R: GCGTGGTAGAGATATGGCAT	61–149
Hat9a AFI46639	183 (2)	$(CA)_{15}$	18	0.87	0.89	F: CAAGCCTGGACAATGTATCT R: AACACAAACTCTCTAATTCAC	126–164
Hat49 AFI46640	87 (2)	$(CA)_4$(15 bp) $(CA)_{24}$	16	0.910	0.764	F: GACTGTGAACTCCGACCTC R: TATGACCATGATTACGCCAAG	207–400
Hat41 AFI46641	96 (1)	$(GT)_4(TTT)(GT)_5$	14	0.743	0.864	F: GTCAGAACGTCATGGCAGG R: GCCTGTTGATAGTCTTCCTC	156–184
Hat4 AFI46642	177 (2)	$(GT)_{12}$	14	0.847	0.767	F: GCTTAATGGATAATGAGTGGAC R: TAGGGATGTTATAGTGGTTCTT	166–220
Hat7 AFI46643	137 (2)	$(CT)_{14}$ $(CA)_{27}$	24	0.910	0.93	F: GTGACTTTGGGGTTGAGGG R: GCCTTGTAACTCATTCCGCT	207–267
Hat45 AFI46644	92 (3)	$(GT)_{29}$	24	0.978	0.867	F: CTCCTTATCTGCTGCTTTATG R: CACTACCACTCAACCTCAAC	120–168
Hat19 AFI46645	192 (2)	$(GT)_8$ (4 bp) $(GT)_{10}$	16	0.73	0.70	F: GCTACAATAAAACCTGACTGG R: CTACCTGGGACAATGGACTT	108–140

Smith et al. (2002) con respecto a el marcador de ADN mitocondrial de la región control, reveló que no hay heterogeneidad entre la áreas, pero la digestión enzimática del genoma mitocondrial completo, mostró diferencias entre HOWE y NWCH/SWCH. En la electroforesis de proteínas, uno de los cuatro loci presentó heterogeneidad espacial, en el análisis inicial de tres muestras, el resto de las muestras se analizaron con Idh-2b, los dos loci microsatélites no revelaron diferencias.

Lafon et al. (2006) en el marco de un proyecto FIP 2006-55 se está desarrollando un estudio sobre "unidades poblacionales de Orange roughy *Hoplostethus atlanticus*" con técnicas genéticas, otolitos y morfometría. En el gen citocromo b, no encontró evidencias de diferenciación poblacional. Para el segmento D-Loop, se obtuvieron valores de diversidad haplotípica (**h** = 0.97) y nucleotídica (n= 0.034) en aguas chilenas. Los valores de F_{ST} generados por el AMOVA y el análisis entre pares de poblaciones confirman la existencia de diferentes unidades poblacionales del orange roughy en las zonas analizadas desde un punto de vista genético. Además se está analizando 5 loci microsatélites, para 5 poblaciones.

7. **Información complementaria**.

En Chile, existen tres zonas principales de extracción del orange roughy: Juan Fernández, Bajo O'Higins y Los Vilos, dada la separación geográfica, considerando antecedentes de la estructura espacial del recurso en otros países y diferencias observadas en la talla media, periodos de desove y fecundidad, se ha sugerido unidades poblacionales discretas y diferenciables. A partir de diferencias en la talla media y la época reproductiva se ha planteado que, al menos, los montes JF1 y JF3 podrían corresponder a unidades poblacionales distintas (Lafon et al. 2007).
Entre los estudios no genéticos destaca el análisis de distribución de parásitos llevado a cabo por Lester et al. (1988), caracteres morfométricos (Linkowski & Liwoch, 1986; Haddon & Willis, 1995), y composición de elementos traza de otolitos se a demostrado subdivisión regional del orange roughy en aguas australianas.

8. **Secuencias:**

En Genbank hay 24 secuencias disponibles: 18 microsatélites; 1 secuencia del gen 16S y 5 del Citocromo Oxidasa I. (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Se encuentran 30 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org/views/login.php.)

9. **Estudios filogenéticos**:

Relaciones filogenéticas en *Hoplostethus* spp. Mediante secuencias de citocromo oxidasa I enmarcadas en el proyecto Fishbarcode (Encina et al. 2006)

10. **Investigaciones Prioritarias**:

Resulta esencial estudiar la estructura poblacional de la especie, a fin de poner a prueba la hipótesis de trabajo actualmente asumida en las instancias nacionales de manejo, de que esta especie constituye una sola gran unidad de población a través de toda su distribución geográfica en aguas chilenas. De ser rechazada tal hipótesis, será necesario avanzar en la

determinación de cuantas unidades poblacionales (stocks) existen en nuestro país y cual es su distribución en relación a las zonas de operación de esta pesquería.

REFERENCIAS GENÉTICA

C.S. Baker, A., G.K. Chambers, P.J. Smith. (1995). Population variation in the mitochondrial cytocrome b gene of the orange roughy Hplostethus atlanticus and the hoki Macruronus novaezelandiae. Marine Biology. School of Biological Sciences, University of Auckland, Private Bag, 92019 Auckland, New Zealand.

Blak M & P Dixon (1989) Population structure of roughy *Hoplostethus atlanticus* in Australian waters. (reporte no publicado). Centre of Marine Science, University of New South Wales, Sydney.

Encina M, Canales-Aguirre C, Ferrada S, Galleguillos R & CE Hernández (2006) Relaciones filogenéticas en *Hoplostethus spp*. mediante secuencias de Citocromo oxidasa I enmarcadas en el proyecto Fishbarcode. XXXIX REUNION ANUAL SOCIEDAD DE GENETICA DE CHILE. GENETICA Y MEDIO AMBIENTE. Pp 12. Noviembre 1-3 en Viña del Mar-Chile.

Elliot N & R Ward (1992) Enzyme variation in orange roughy *Hoplostethus atlanticus* (Teleostei: Trachichthyidae), from southern Australian and New Zealand waters. Australian Journal of Marine and Freshwater Research, 43(6): 1561 – 1571.

Elliott NG, AJ Smolenski and RD Ward (1994) Allozyme and mitochondrial DNA variation in orange roughy, *Hoplostethus atlanticus* (Teleostei: Trachichthyidae): little differentiation between Australian and North Atlantic populations. Marine Biology, 119: 621-627.

Lafon A, Galleguillos R, Ferrada S, George-Nascimento M, Roa R & E Niklitschek (2007) Unidades Poblacionales de orange roughy *Hoplostethus atlanticus*. FIP 2006-55. Informe de avance. Universidad Austral.

Oke C, Crozier C, Ross H, Crozier & R Ward (1999) Microsatellites from a teleost, orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*), and their potential for determining population structure. Molecular Ecology, 8: 2141–2152

Smith P (1986) Genetic similarity between samples of the orange roughy *Hoplostethus atlanticus* from the Tasman Sea, southwest Pacific Ocean and northeast Atlantic Ocean. Mar. Biol. 91: 173 – 180

Smith PJ, Francis RICC and M McVeagh (1991) Loss of genetic diversity due to fishing pressure. Fisheries Research, 10 309-316.

Smith PJ, Benson PG & SM McVeagh (1997a) A comparison of three genetic methods used for stock discrimination of orange rouphy, *Hoplostethus atlanticus*: allonzymes, mitochondrial DNA, and random amplified polymorphic DNA. Fishery Bulletin 95: 800-811. National Institute of Water and Atmospheric Research Ltd., P.O. Box 14 901, Wellington, NOUVELLE-ZELANDE

Smith PJ & PG Benson (1997) Genetic diversity in orange roughy from the east of New Zealand. Fisheries Research 31. 197-2 13.

Smith P, Robertson S, Horn P, Bull B, Anderson O, B Staton & C OKE (2002) Multiple techniques for determining stock relationships between orange roughy, *Hoplostethus atlanticus*, fisheries in the eastern Tasman Sea. Fisheries Research vol. 58, n°2, pp. 119-140.

Smolenski AJ, Ovenden JR & RWG White (1993). Evidence of stock separation in southern hemisphere orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*, Trachichthyidae) from restriction- enzyme analysis of mitochondrial DNA. Marine Biology. Volume 116, Number 2 : 219-230.

Sujeevan Ratnasingham, Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems.
University of Guelph, http://www.boldsystems.org/views/login.php.

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

OTRAS REFERENCIAS

Eschmeyer WN (2003) Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Haddon M & T Willis (1995) Morphometric and meristic comparison of orange roughy *Hoplostethus atlanticus*: Trachichthydae) from the Puysegur Bank and Lord Howe Rise, New Zealand, and its implications for stock structure. Mar. Biol. 123: 19 – 27.

Lester R, Sewell K, Barnes A & K Evans (1988) Stock discrimination of orange roughy *Hoplostethus atlanticus* by parasite analysis. Mar. Biol. 99: 137 – 143.

Linkowski T & M Liwoch (1986) Variations in morphology of orange roughy *Hoplostethus atlanticus* by parasite analysis. Mar. Biol. 99: 137 – 143.

1. **Nombre científico** (común) *Engraulis ringens* (Jenyns, 1842) (Anchoveta, anchoa, sardina bocona).

2. **Distribución.** Este pez costero se distribuye latitudinalmente a lo largo de Perú (desde Zorritos 40 ° 30´S) y Chile (hasta Chiloé 42°30'S), a una distancia no superior a las 20 millas desde la costa.

3. **Biología/ historia de vida**.

Peces pelágicos que habitan la zona nerítica, formando cardúmenes, los que durante el día se mantiene a unos 50 m de profundidad y durante la noche suben a la superficie

4. **Objetivos genéticos**.

Debido al escaso conocimiento de la estructura poblacional de este recurso, un manejo adecuado requiere la identificación de unidades reproductivas o stock sobre los que se ejerce la acción (Uribe-Alcocer & Díaz-Jaimes, 1996). Por lo tanto, el conocimiento sobre la estructuración genética de su población por medio de las técnicas moleculares es relevante para adecuar estrategias de manejo según su abundancia. Otras aplicaciones genéticas utilizadas actualmente son las de identificación de especies, útiles para diferenciar especies en productos elaborados y como herramienta de trazabilidad.

5. **Marcadores genéticos.**

Se estudió la variabilidad de 2 genes nucleares, el intrón 4/5 del gen de Calmodulina (CaM) por amplificación PCR y la región ITS (Internal Transcribed Spacers) del ADNr, por PCR y digestión

en 139 ejemplares de *E. ringens* provenientes de las costas de Iquique (20°13'S; 70°09'W) y Talcahuano (36°41'S; 73°06'W).

Santaclara et al. (2006) trabajaron en la identificación de cuatro especies de anchovetas (*Engraulis spp*), con el gen citocromo b, logrando diferenciar a *Engraulis ringens* con PCR-RFLP utilizando las enzimas H*Taq*I y HDde I, con fragmentos de 284pb y 102, 18, 164 pb respectivamente.

6. **Principales resultados**.

Por medio de caracteres electroforéticos, se concluyó que desde un punto de vista de la genética de proteínas, utilizando los marcadores polimórficos AAT-1, AAT-2, EST-1 y IDH-1, no existirían diferencias entre la población de Talcahuano, Iquique y Caldera, entre 1987 y 1988 (Galleguillos et al, 1994)

Ferrada et al. (2002) para CaM identificaron 8 genotipos en las muestras de Talcahuano y 7 en Iquique, presentando 1 a 3 fragmentos amplificados de 550 a 1.100 pb. En la digestión del fragmento ITS amplificado, sólo la endonucleasa Taq^{a}I detectó 3 diferentes genotipos, 2 presentes en Talcahuano y 3 en Iquique. Se discuten las frecuencias observadas para cada gen y área de estudio. Los resultados llevan a confirmar la existencia de un solo stock, desde un punto de vista genético.

7. **Información complementaria**.

Aguayo (1976) sugiere la presencia de más de un stock a lo largo de la costa norte de Perú, costa sur de Perú costa norte de Chile, esto basado en diferencias en variables de crecimiento. Jordan (1980) reconoce la existencia de tres subunidades poblacionales de anchoveta para el Pacífico sur oriental, basándose en la presencia de huevos en el plancton y en estudios de caracteres merísticos, morfológicos, marcaje–recaptura y en aspectos de fisiológicos. Estas subunidades se distribuirían desde Zorritos (4°30'L.S) hasta Atico (16°00'L.S), Perú, otra desde Atico hasta Antofagasta, Chile (24°00´L.S) y la tercera desde Antofagasta a Talcahuano, Chile (36°00 L.S). Posteriormente y mediante el análisis morfométrico y merístico se obtienen diferencias entre muestras de anchoveta provenientes de la zona centro–sur (Talcahuano) y norte de Chile (Barrueto, 1993; Hernández, 1994). Sin embargo, por medio de caracteres electroforéticos, se concluyó que desde un de punto de vista de la genética de proteínas no

existen diferencias entre la población de Talcahuano, Iquique y Caldera, entre 1987 y 1988 (Galleguillos et al. 1994)
Valdivia et al. (2007) sugiere la presencia de tres stocks de anchoveta en costas chilenas. Por ultimo el año 2007, utilizando parásitos como marcadores de diferenciación de stock encuentran que en la costa chilena habría 2 unidades de stock.

8. **Secuencias:**

En Genbank hay 8 secuencias disponibles: En el ADN mitocondrial, 7 secuencias del Citocromo b (AY923772) y una secuencia de la región control. (http://www.ncbi). Se encuentran 7 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org)

9. Estudios filogenéticos:

Grant et al. (2005) realizaron una evaluación molecular genética de bipolaridad en el género de anchoveta *Engraulis* spp., con aloezimas y con el gen citocromo b, revelando grandes separaciones entre anchovetas del Nuevo Mundo y del Viejo Mundo.

10. **Investigaciones Prioritarias**:

Están orientadas básicamente al desarrollo sustentable de la especie en el tiempo, además de aplicaciones genéticas en la industria que nos permitan proteger tanto la especie como al consumidor, utilizando los marcadores moleculares en trazabilidad de alimentos.

REFERENCIAS GENETICA

Ferrada S, Hernandez, Montoya K y R Galleguillos (2002) Estudio poblacional del recurso anchoveta (*Engraulis ringens,* Jenyns 1842) (clupeiformes, engraulidae), mediante análisis de ADN. Gayana (Concepc.), vol.66, no.2, p.243-248.

Galleguillos R, Chong J, Oyarzún C, Oliva M & R Roa (1994) Unidades de stock en los recursos sardina común y anchoveta de la zona Centro-Sur de Chile. Proyecto FIP N° 94-20.

Grant WS, Leslie RW & BW Bowen (2005) Molecular genetic assessment of bipolarity in the anchovy genus *Engraulis*. Journal of Fish Biology 67, 1242–1265.

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Sujeevan Ratnasingham Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIAS

Aguayo M (1976) Edad y crecimiento de la anchoveta (*Engraulis ringens* Jennys) del norte de Chile (Arica-Iquique). Serie Investigaciones Pesquera (IFOP-Chile) 23.

Barrueto C (1993) Edad y crecimiento de la anchoveta (*Engraulis ringens* Jenyns, 1842) de Iquique y Talcahuano mediante análisis de otolitos. Seminario para optar al Titulo de Biólogo Marino Universidad de Concepción. 81 pp.

Grant WS, Leslie RW & BW Bowen (2005) Molecular genetic assessment of bipolarity in the anchovy genus *Engraulis* Journal of Fish Biology 67 (5), 1242–1265.

Hernández A (1994) Variabilidad de caracteres morfométricos y merísticos de anchoveta *Engraulis ringens* Jenyns (1842) y sardina común *Strangomera bentincki* (Norman, 1936), y su aplicación a la identificación de stocks. Seminario para optar al Titulo de Biología Marina. Universidad de Concepción. 85 pp.

Jordan, R. "Biology of the anchoveta. I: Summary of the present knowledge" in Proceedings of the workshop on the phenomenon known as 'El Nino' (UNESCO, 1980).

Santaclara FJ, Cabado AG & JM Vieites (2006) Development of a method for genetic identification of four species of anchovies: *E. encrasicolus*, *E. anchoita*, *E. ringens* and *E. japonicus*. Eur Food Res Technol (2006) 223: 609–614

Uribe-Alcocer, M. and P. Díaz-Jaimes, 1996. Chromosome complements of *Gobionellus microdon* and *Eleotris picta* collected in Mexico. J. Fish Biol. 48(4):796-798.

Valdivia I.M., A. Chavez & E. Oliva. 2007. Metazoan parasites of *Engraulis ringens* as tools for stock discrimination along the Chilean coast. Journal of Fish Biology. 70, 1504–1511

1. **Nombre científico** (común) *Dissostichus eleginoides* (Smitt, 1898).
(Patagonian Toothfish, chilean sea bass, merluza negra, bacalao de profundidad, Austromerluza negra). (www.fishbase.org)

2. **Distribución.**

Océano Pacífico, desde Perú hasta el extremo sur de Chile, y en el Océano Atlántico desde Uruguay hasta el sur de Argentina. En ambos casos asociado a las aguas del talud continental. También se encuentra alrededor de islas, áreas de la plataforma y montes submarinos, en aguas subantárticas de los océanos Atlántico, Indico y sectores del Océano Pacífico cercanos al Océano Austral (Evseenko et al., 1995).

3. **Biología/ historia de vida**.

El bacalao de profundidad (*Dissostichus eleginoides* Smitt, 1897) es una especie bento-pelágica de origen subantártico que constituye uno de los mayores representantes de la familia Nototheniidae (Evseenko et al., 1995) y es uno de los peces más abundantes en términos de número y biomasa en el Océano Austral (Xavier et al., 2002).

4. **Objetivos genéticos**.

Identificación de stock para las poblaciones del recurso presentes en aguas australes de los océanos Pacífico, Indico y Atlántico. Estructura poblacional en Atlántico Sur (Shaw et al. 2004).

5. **Marcadores genéticos.**

Microsatélites (5 loci: cmrDe4, cmrDe13, cmrDe9, cmrDe30, cmrDe2), especie-específicos (Reilly & Ward, 1999). Smith & McVeagh (2000) usan 8 loci microsatélites y 11 loci aloenzimáticos para analizar 5 poblaciones del mar austral en los océanos Pacífico, Índico y Atlántico. PCR-RFLP en dos regiones mitocondriales, que contiene la región control D-loop (partidores 12SARH & 16498) y el segmento correspondiente a la subunidad 2 del complejo respiratorio NADH Dehidrogenasa (partidores t-Met & Mt-76) (Reilly & Ward, 1999). PCR – RFLP del segmento mitocondrial ND2 y la región control (Shaw et al. 2004). Secuencia parcial del gene 12S ARNr (Rogers et al. 2004).

6. **Principales resultados**.

El análisis de 7 loci polimórficos de aloenzimas no revela heterogeneidad significativa entre las muestras del Indico y del Pacífico. Los 8 loci microsatélites revelan heterogeneidad significativa en el total de datos y áreas analizadas, sugiriendo flujo génico restringido a través del mar austral y que las distintas fishing grounds (áreas de pesca) pueden soportar stocks independientes. Existirían "pulsos" de heterogeneidad entre las 3 áreas analizadas para los genes mitocondriales. Shaw et al. (2004) evalúa el efecto del frente polar Antártico como barrera de intercambio genético. Los resultados obtenidos (ADNmt) indican una aguda división genética entre muestras de la Patagonian Shelf (incluye las Islas Falkland y costa de argentina)/North Scotia Ridge (entre Falkland Islands y South Georgia) y muestras de Shag Rocks/South Georgia, mientras que los datos de microsatélites muestran una menor estructuración. Esto sugiere que el frente Antártico polar actúa como una barrera a la dispersión larval de las poblaciones de la especie.

Las poblaciones alrededor de Islas Falkland son genéticamente distintas de las de South Georgia (Atlántico Este), Bouvet Island (Atlantico Oeste) y Ob Seamount (Océano Indico). Las diferencias encontradas pueden resultar del aislamiento hidrográfico y topográfico, sitios separados por frentes oceánicos y aguas profundas. Las áreas de South Georgia, Bouvet y Ob Seamount fueron caracterizadas por haplotipos idénticos. Estas áreas están separadas por grandes distancias geográficas y aguas que alcanzan los 3000 metros de profundidad, bajo el

rango de distribución del bacalao de profundidad (< 2200 m). Como para otros especies de peces de profundidad las poblaciones del bacalao de profundidad están generalmente estructuradas a escalas regionales y subregionales.

En Chile sólo un estudio FIP (Nº 2001-17. 2003. "Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad"), tiene entre sus resultados, análisis genéticos, donde se evidenció los productos enzimáticos de 10 sistemas que darían cuenta de 13 loci presuntivos, de los cuales 6 mostraron algún grado de polimorfismo (MDH-1, IDH-1, PGM-1, AP-1, PGI-1 y PGI-2). Muestras provenientes de Lebu, Valdivia, Quellón y Puerto Williams, muestran ser genéticamente muy similares, a pesar de la distancia geográfica. Los niveles de semejanza encontrados reflejan que existiría un flujo génico entre los distintos grupos considerados correspondiendo a una sola población.

7. **Información complementaria**.

Estos resultados de diferencias regionales se ratifican con estudios de parásitos (datos sin publicar), caracteres meristicos y morfométricos (Zacharov, 1976) tasa de crecimiento (Hureau & Ozouf-Costaz, 1980) y época de desove (Gon & Heemstra, 1990).

8. Secuencias:

En Genbank hay 12 secuencias disponibles: genes ribosomales; 28S, 16S y 12S del ADN mitocondrial (número de acceso (AY926498), Citocromo b (AF490649), LDH-A (AF170027). (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Existen 40 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org/views/login.php)

9. Estudios filogenéticos:

Bargelloni, L; S. Marcato; L. Zane & T. Patarnello. (2000). Mitochondrial phylogeny of notothenioids: a molecular approach to Antarctic fish evolution and biogeography. Syst. Biol. 49 (1): 114-129.

Derome, N; W. Chen; A. Dettai; C. Bonillo & G. Lecointre. (2002). Phylogeny of Antarctic dragonfishes (Bathydraconidae, Notothenioidei, Teleostei) and related families based on their anatomy and two mitochondrial genes. Mol. Phylogenet. Evol. 24, 139–152.

Near, T; J. Pesavento & J. Cheng. (2004). Phylogenetic investigations of Antarctic notothenioid fishes (Perciforme: Notothenioidei) using complete gene sequences of the mitochondrial encoged 16S rRNA. Mol. Phylogenetic. Evol. 32:881-891.

Sanchez S, Detta A, Bonillo C, Ozouf-Costaz C, Detrich HW & G Lecointre. (2007) Molecular and morphological phylogenies of the Antarctic teleostean family Nototheniidae, with emphasis on the Trematominae. Polar Biol 30:155–166.

10. <u>Investigaciones Prioritarias</u>:

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: identificación de stock en la costa chilena, desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos derivados del bacalao, marcadores moleculares ligados al sexo, etc.

REFERENCIAS GENETICA

Reilly A & R Ward (1999) Microsatellite loci to determine stock structure of the Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides*. Molecular Ecology. 8: 1753-1754.

Smith P & M McVeagh (2000) Allozyme and microsatellite DNA markers of toothfish population structure in the Southern Ocean. Journal of Fish Biology. 57(Suppllement A): 72-83.

Rogers AD, Morley S, Fitzcharles E, Jarvis K & M Belchier (2004) Genetic structure of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) populations on the Patagonian Shelf and

Atlantic and western Indian Ocean Sectors of the Southern Ocean. Marine Biology. 149: 915–924.

Shaw PW, Arkhipkin AI & H Al-Khairulla (2004) Genetic structuring of Patagonian toothfish populations in the Southwest Atlantic Ocean: the effect of the Antarctic Polar Front and deep-water troughs as barriers to genetic exchange. Molecular Ecology. 13: 3293–3303.

Sujeevan Ratnasingham Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

OTRAS REFERENCIAS

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March. www.fishbase.org

Evseenko SA, Kock KH & MM Nevinsky (1995) Early life history of the Patagonian toothfish, *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1898 in the Atlantic sector of the Southern Ocean. Antarctic Science, 7: 221–226.

Gon O. 1990. Synaphobranchidae. En: Gon O & PC Heemstra (eds). Fishes of the Southern Ocean, pp. 102-104. JLB Smith Institute of Ichthyology, Grahamstown, Sudáfrica.

Hureau J & C Ozouf-Costaz (1980) Age determination and growth of *Dissostichus eleginoides* Smith, 1898 from Kerguelen and Crozet islands. Cybium. 8: 23-32.

Xavier JC, Rodhouse PG, Purves MG, Daw TM, Arata J & GM Pilling (2002) Distribution of cephalopods recorded in the diet of the Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) around South Georgia. Polar Biology. 25: 323–330.

Zacharov G (1976) Morphological characterization of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) in the southern Atlantic. Trudy Atlanticheskii nauchno-issledovatel'skii institut rybnogo khozyaisto i okeanografii. 62: 20-30.

1. Nombre científico (común) *Trachurus murphy* (Nichols, 1920) (Jurel, jack mackerel). (www.fishbase.org)

2. Distribución.

Se encuentra distribuido en las zonas oceánicas y neríticas del Pacífico Sur Oriental, desde el sur del Ecuador al sur de Chile, cruzando el Pacífico a lo largo de la corriente de deriva del Oeste o circumpolar hasta Nueza Zelanda y Tasmania.

3. Biología / historia de vida.

El jurel desova en toda la extensión oceánica comprendida entre Nueva Zelanda y Chile y parece ser capaz de completar todo su ciclo vital en la convergencia del Pacífico meridional, sin necesidad de penetrar en la zona nerítica (Bailey, 1989).

4. Objetivos genéticos.

La problemática de la definición de la estructura genética poblacional que presentaría esta especie en su distribución natural en el Pacífico Suroriental, ha sido abordada en variados estudios existiendo diversas posiciones en la literatura dependiendo también de la

aproximación metodológica utilizada para tal fin. Así las proposiciones de los investigadores de la ex – Unión Soviética (Elizarov et al. 1993; Storozhuk et al. 1987) postulan la existencia de 4 a más poblaciones hasta una única población en todo el rango de distribución de la especie. Otros autores proponen la existencia de dos subpoblaciones, una costera y una oceánica, con cierto grado de interconexión.

Serra (1991), sugiere la existencia de dos stocks en el Pacífico Suroriental, uno frente al norte y centro de Perú y otro desde el sur del Perú al sur de Chile, stock que se extendería en su distribución hasta los 90ºW. George-Nascimiento y Arancibia (1992), basándose en antecedentes parasitológicos y morfométricos plantean la presencia de dos stocks ecológicos en las costas chilenas, lo que fue también encontrado por Hernández et al. (1998).

5. **Marcadores genéticos.**

Mediante aproximaciones genéticas del tipo proteínas polimórficas Galleguillos y Torres (1988) analizan muestras de jurel provenientes desde Chiloé, Talcahuano, Juan Fernández, Iquique, Perú, muestras oceánicas (39º24'S; 76º45'W). Se comparan las frecuencias génicas de tres sistemas enzimáticos polimórficos. Al establecer las similitudes genéticas entre todas las localidades analizadas, se observa que no hay diferencias significativas entre ellas, destacando las similitudes entre las muestras oceánicas y costeras, discutiendo la relevancia que tiene un recurso compartido, que se distribuye más allá de las 200 millas náuticas. Posteriormente en 1996 mediante un proyecto FIP (Sepúlveda et al. 1996) se estudia la presencia de unidades de stocks de jurel en muestras provenientes desde cinco puertos chilenos: Iquique, Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. A través de electroforesis de proteínas se obtuvieron 23 loci a partir de 15 sistemas enzimáticos. Con los datos de frecuencias génicas y genotípicas se procedió a la comprobación de homogeneidad genética entre las muestras, no encontrando diferencias significativas, postulando que las poblaciones analizadas de *T. murphyi* se ajustan al modelo de población no subdividida, encontrándonos un único stock genético de la especie frente a las costas chilenas.

Mediante técnicas genéticas a nivel de ADN se analiza mediante PCR-RFLP segmentos de genes nucleares de la especie correspondiente al ITS2 (Internal Transcribed Spacer) digerido con la enzima Msp I, en muestras provenientes desde la costa chilena; Isla Mocha e Iquique, así como muestras oceánicas desde Juan Fernández, Nueva Zelanda y Australia. Se observa en total 3

genotipos, cuyas frecuencias no muestran diferencias significativas, existiendo homogeneidad entre las muestras analizadas para este marcador genético (IFOP, 1998).

6. Principales resultados.

Con el apoyo del sector pesquero industrial norte , el grupo de investigación de la Universidad de Chile, del Dr. Elie Poulin analiza la estructura genética del jurel en la costa chilena, utilizando marcadores moleculares a nivel de ADN mitocondrial y nuclear microsatélites, ratificando los resultados obtenidos anteriormente mediante otras técnicas genéticas, y demostrando la existencia de un stock genético único del jurel a lo largo de la costa chilena, y que se extiende hasta Nueva Zelanda, siendo poblaciones conectadas por un gran flujo génico, no pudiendo distinguir genéticamente una de otra, el estudio agrega que el jurel se encontraría en una fase de expansión geográfica, colonizando todos los ambientes del Pacífico Sur, siendo el jurel que se captura en Chile el mismo que sustenta la pesquería en Nueva Zelanda (Datos sin publicar)

Cabe destacar que los marcadores microsatélites ocupados por el Dr. Elie Poulan no corresponden a la especie *T. murphyi*, estos fueron aislados de la especie *Trachurus trachurus*, para el proyecto HOMSIR (QLK5- Ct1999-01438) con muestras del océano Atlántico-noreste al mar Mediterráneo. Se aislaron 11 loci microsatélites de los cuales se ocuparon 5 de ellos. Estos loci revelaron altos niveles de polimorfismo mostrando una heterocigosidad entre 0.7 y 0.88. Las conclusiones de este trabajo en relación a los marcadores microsatélites aislados y utilizados no fueron concluyentes para detectar estructura de la población de *T. trachurus*.

Por ultimo, en un trabajo para ser presentado en las Terceras Consultas Bilaterales en materia de conservación pesquera entre los Gobiernos de Chile y de la República Popular de China, Serra (2004) propone la existencia de dos unidades de stock o subpoblaciones autosustentadas de jurel en el Pacífico Sur Oriental; una localizada frente a Perú y la segunda frente a Chile, que se identifica como el stock chileno de jurel. El jurel que se encuentra en la mitad del Pacífico a lo largo de la corriente de Deriva del Oeste, al oeste de 100º W, podría ser considerado como el stock de jurel oceánico, tal como lo propone Evsenko (1987).

7. Información complementaria.

La estructura poblacional y la posible subdivisión de la especie es todavía motivo de discusión (Parrish, 1989), especialmente al tratarse de una especie transzonal. En la costa de América Latina, esta especie se encuentra fundamentalmente frente a Perú y Chile entre 1°30'N y 58°S y puede extender su distribución más hacia el norte durante algunos períodos de condiciones climáticas anómalas (El Niño). Su distribución puede llegar hasta 900 millas mar adentro, según la distribución de las larvas, cubriendo una extensión de 1.7 millones de km2 (Mathisen y Tsukayama, 1986)

8. Secuencias:

En Genbank hay 17 secuencias disponibles: Cuatro secuencias del Citocromo b (AY526539) y trece secuencias de la región control (AY532719). (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Hay 6 secuencias del CO I en el Fish Barcode.

9. Estudios filogenéticos:

Estudios de taxonomía y filogenia han reconocido a *Trachurus murphyi* como la especie presente en las costas chilenas.

Poulin et al. (2004) resolvió la controversia en cuanto al estado taxonómico del jurel de California y Chile. Sus resultados indican la ausencia de flujo génico entre poblaciones de jurel a través del trópico Pacífico Este, y sugieren que ellos hayan sido aislados durante al menos 250.000 años. El jurel del Océano Pacífico del Norte debería ser reconocido como *T. symmetricus*, y aquellos del Pacífico Sur como *T. murphyi*.

Cardenas et al. (2005) confirman las relaciones filogenéticas del género *Trachurus*, y realizan calibración del reloj molecular. Postulan que la especie contemporánea tiene un antepasado común que viene del Mar Mediterráneo, y la distribución de la corriente geográfica, estos son relacionados con acontecimientos pasados. Proponen que la especie de la corriente, proviene de linajes antiguos e independientes, caracterizados por una historia evolutiva con dos grandes procesos de diversificación. Sin embargo de requieren nuevos estudios de filogeográficos

aclaren los procesos microevolutivos que potencialmente explican el modelo macroevolutivo de diversificación en el género *Trachurus.*

10. **Investigaciones Prioritarias**:

Dada la necesidad de asegurar la sobrevivencia en el tiempo y espacio de las poblaciones del recurso jurel *Trachurus murphyi*, es prioritario, llevar a cabo una identificación de él o los stocks de esta especie presentes en las costas de Chile, y describir los parámetros genéticos básicos de sus poblaciones, utilizando técnicas de genética molecular que apuntan al estudio de su genoma.

REFERENCIAS GENETICA

Cárdenas L, Hernández CE, Poulin E, Magoulas A, Kornfield I & FP Ojeda (2005) Origin, diversification and historical biogeography of the genus *Trachurus* (PERCIFORMES: CARANGIDAE). Origin Molecular Phylogenetics and Evolution 35: 496-507

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March 2003. www.fishbase.org.

Galleguillos R y A Torres (1988) Identificación de unidades poblacionales pelágicas. Tercera etapa. Informe Final. SUBPESCA. 67 p.

Instituto de Fomento Pesquero (1998) Migración del jurel desde y hacia la ZEE de Chile central. Informe Final FIP 96-15. 273 pp.

Poulin, E., L. Cárdenas, C. E. Hernández, I. Kornfield y F. P. Ojeda. (2004). Resolution of the taxonomic status of Chilean and Californian jack mackerel using mitochondrial DNA sequence. J. Fish Biol. 65: 1-5.

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

OTRAS REFERENCIAS

Bailey K (1989) Description and surface distribution of juvenile Peruvian jack mackerel *Trachurus murphyi* Nichols from the Subtropical Convergence Zone of the central South Pacific. Fish. Bull. U.S., 87(2): 273-278.

Eschmeyer WN (2003) Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Elizarov AA, Grechina AS, Kotenev BN & AN Kuzetsov (1993) Peruvian jack mackerel, *Trachurus symmetricus murphyi*, in the Open Waters of the South Pacific. J. Ichthyology 33(3): 86-104.

Evsenko, S.A. (1987). Reproduction of Peruvian jack mackerel *Trachurus symmetricus murphyi*, in the Southern Pacific. J. Ichthyol. 27(3): 151-160.

George-Nascimento M y H Arancibia (1992) Stocks ecológicos del jurel (*Trachurus symmetricus murphy*i Nichols) en tres zonas de pesca frente a Chile, detectados mediante comparación de su fauna parasitaria y morfometría. Rev. Chilena Hist. Nat. 65: 453-470.

Hernández A, Sepúlveda A y L Miranda (1998) Morfometría y merística del jurel (*Trachurus symmetricus murphyi*) a lo largo de Chile. En: D. Arcos (ed.) Biología y ecología del jurel en aguas chilenas. Instituto de Investigación Pesquera, Talcahuano-Chile, pp. 47-63.

MATHISEN O.A. y I. TSUKAYAMA, 1986. Bases biológicas y marco conceptual para el manejo de los recursos pelágicos en el Pacífico suroriental. Documento de pesca. OLDEPESCA, 001: 195 págs.

Parrish R (1989) The South Pacific Oceanic Horse Mackerel (*Trachurus picturatus murphyi*) Fishery. En: Pauly, D., P. Muck, J. Mendo e I. Tsukayama (eds.). The Peruvian Upwelling Ecosystem: Dynamics and Interactions, pp. 321-331.

Sepulveda A, Cubillos L, Grechina A, Peña H, Vilugron L, Hernandez A, Miranda L, Sobarzo P, Serra R, Braun M, Bohm G, Valenzuela V, Galleguillos R, Montoya R y R Quiñones (1996) Migración de jurel desde y hacia la ZEE de Chile central. Informe final. FIP-IT/96-15

Serra R (2004) El jurel chileno: identidad, distribución y estructura poblacional. Trabajo para ser presentado en las Terceras Consultas Bilaterales en materia de de conservación pesquera entre los Gobiernos de Chile y de la República Popular de China. IFOP. 10pp.

Serra R (1991) Some important life history aspects of the Chilean jack mackerel, *Trachurus symmetricus murphyi*. Invest. Pesq. (Chile) 36: 67 - 83.

Storozhuk AY, Truveller KA, Baturin AL, Guleva IB y GN Nefedov (1987) Estructura poblacional del jurel peruano. En: D. Arcos y A. Grechina (eds.). 1994. Biología y Pesca Comercial del Jurel en el Pacífico Sur. Pp: 131-140.

1. **Nombre científico** (común) *Genypterus blacodes* (Schneider, 1801). (Congrio dorado, abadejo, pink ling, Pink cusk-eel). (www.fishbase.org)

2. **Distribución.**

La especie *G. blacodes* se encuentra descrita sólo para el hemisferio sur, encontrándose en las costas de Australia, Nueva Zelanda, Tasmania, Patagonia Argentina y Chilena (Cohen & Nielsen, 1978). Su distribución geográfica en Chile va desde Arica (18° LS) hasta el extremo sur austral (57° LS) (Ojeda et al. 2000)

3. **Biología/ historia de vida**.

Esta especie presenta un comportamiento demersal y habita sobre la plataforma continental, en el fango, entre rocas o en los bordes de los cañones submarinos entre los 200 y 400 m de profundidad (Leible & Alveal, 1982). En relación a sus aspectos biológicos, no se cuenta con una descripción extensa, rescatándose sólo estimaciones biológico-pesqueros (Aguayo et al. 1985, 1986, 1987; Aguayo & Zuleta, 1988).

4. **Objetivos genéticos**.

Análisis de regiones microsatélites utilizando partidores especie-específicos aplicables a la especie *Genypterus blacodes* generados para la misma especie en aguas Australianas (Ward et al. 2001). En un intento de establecer las líneas bases para el desarrollo de un manejo

adecuado de las poblaciones naturales, es que se llevo a cabo esta investigación para la determinación de stock de este recurso y así verificar la hipótesis de stock unitario para el recurso Congrio Dorado en la zona pesquera demersal austral (PDA) en Chile (41º 28,6'S - 57º 00'S).

5. **Marcadores genéticos.**

En cuanto a la utilización de aproximaciones genéticas Smith (1979) y Smith & Francis (1982), analizan las enzimas polimórficas Glucosa Fosfato Isomerasa (GPI) y Fosfoglucomutasa (PGM), en ejemplares de *Genypterus blacodes* colectados desde la ZEE de Nueva Zelanda, las frecuencias de la GPI y PGM acopladas a información hidrográfica, sugieren la presencia de al menos dos subgrupos genéticos o stocks dentro de las muestras. Los stocks parecen estar aislados por la zona de convergencia entre dos masas de aguas; aguas subtropicales en el área norte y aguas subantárticas en el área sur, con una zona de mezcla de stocks, a lo largo del área de Chatham Rise al este de Nueva Zelanda. En aguas australianas Daley et al. (2000), mediante análisis merísticos y morfométria del cuerpo y otolitos, junto a marcadores moleculares tipo aloenzimas y microsatélites, en muestras provenientes de la pesquería sur este de Australia, concluyen que las diferencias en los caracteres merísticos y morfométricos no son estadísticamente significativas entre las regiones de análisis, y que las diferencias encontradas a nivel de otolitos se deberían más bien a efecto de la diferencia en el tamaño de los peces, evidencias con las cuales no se puede rechazar la hipótesis de stock único en el área de estudio. El análisis genético ratifica los resultados obtenidos anteriormente, no pudiendo refutar la hipótesis de stock único. Ward et al. 2001, utilizando como marcadores aloenzimas (32 loci) y microsatélites (9 loci), analiza ejemplares provenientes de 5 áreas de la pesquería sur este de Australia, encontrando valores de subdivisión poblacional muy cercanos a cero (F_{ST} 0,0052 a -0,0065, con valores P no significativos), no pudiendo rechazar la hipótesis nula de la existencia de un único stock de congrio dorado en aguas australianas.

6. **Principales resultados**.

Se analizó un total de 210 individuos, los cuales fueron obtenidos de la zona norte y zona sur de la pesquería demersal austral (PDA) Entre estas, 78 ejemplares correspondían a la Zona

Norte, X región (ZN), 65 ejemplares correspondían a la Zona Sur A de la XII región (ZSA) y 67 correspondían a la Zona Sur B de la XII región (ZSB).
Se analizaron tres locus Gb 4.2B, Gb 5.2B, Gb411B. utilizando las parejas de partidores descritos por Daley et al. (2000).
Los tres loci microsatélites analizados para la especie *Genypterus blacodes* presente en aguas sur australes de la zona económica exclusiva chilena (entre los 41° 28,6' LS y 57° LS) fueron altamente variables (Gb4.2B=22; Gb5.2B=21; Gb4.11B=22) con un promedio de 21,6 alelos por locus en 210 individuos. La heterocigosidad promedio encontrado para la especie *Genypterus blacodes* (Gb4.2B,Gb5.2B y Gb4.11B) fue de 0,841±0,016.
Todos los loci analizados presentaron alelos nulos, Gb4.2B, Gb5.2B y Gb4.11B los porcentajes fueron 0,15, 0,03 y 0,09 para cada uno de los loci analizados respectivamente. Los valores de subdivisión poblacional F_{ST} y R_{ST} (específico para loci microsatélites) indican valores cercanos a cero con valores de probabilidad >0,05. Los resultados obtenidos, indican una ausencia diferenciación genética poblacional de *Genypterus blacodes* entre las tres localidades analizadas en aguas sur australes del litoral chileno (entre los 41° 28,6' LS y 57° 00'LS).

7. **Información complementaria**.

En cuanto al grado de estructuración poblacional del recurso en su área de distribución existen muy pocos estudios, destacándose desde un punto de vista morfológico, estudios en aguas de Nueva Zelandia realizado por Horn (1993), donde a través de análisis del crecimiento (otolitos), estructura de edad y productividad entre cuatro zonas del área de pesquería sur, concluye que las diferencias entre tasas de crecimiento, distribución de frecuencias de tallas y edades, indican un mínimo flujo génico, y que la zona de estudio debería ser tratada como varios stocks. Posteriormente Colman (1995), en un estudio morfométrico (otolitos y dimensiones craneales), concluye que hay al menos tres stocks de esta especie en la ZEE de Nueva Zelanda. En Chile el único antecedente existente para identificar unidades de stock en esta especie corresponde a aquella realizada por Chong (1993), basada en el análisis de los otolitos. Las muestras analizadas corresponden a 1131 otolitos de la zona norte y 1234 de la zona sur, las que fueron sometidas a análisis multivariado. El resultado de este análisis muestra que aun cuando las variables morfométricas presentan diferencias entre las unidades de pesquería norte y sur, es decir soporta la existencia de grupos locales, aun la capacidad

discriminante indica una alta sobreposición de los grupos lo que impide considerarlos como unidades discretas. Sin embargo, este estudio no es conclusivo respecto a determinar la existencia de una o más unidades de stock, siendo necesario incorporar otras técnicas más finas de análisis.

8. Secuencias:

En Genbank existen 15 secuencias de microsatélites disponibles. (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Además, existen 5 secuencias de Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org)

9. Estudios filogenéticos:

Relaciones filogenéticas entre especies del género *Genypterus* presentes en chile mediante secuenciación del Citocromo Oxidasa I (COI) bajo el marco del proyecto Fishbarcode. (Canales-Aguirre, 2007)

10. Investigaciones Prioritarias:

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos derivados, marcadores moleculares ligados al sexo, etc.

REFERENCIA GENETICA

Canales-Aguirre C, Ferrada S, Encina M, Galleguillos R y CE Hernández CE (2007) Relaciones filogenéticas entre especies del género *Genypterus* presentes en chile mediante secuenciación del citocromo oxidasa I (COI) bajo el marco del proyecto fishbarcode. *Biol Res* 40(Suppl A):R207, 2007

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Smith P (1979) Glucosephosphate isomerase and phosphoglucomutase polymorphisms in the New Zealand king *Genyterus blacodes*. Comparative Biochemistry and Physiology. 62B: 135 – 163.

Smith P & R Francis (1982) A glucosephosphate isomerase polymorphism in New Zealand king *Genyterus blacodes*. Comparative Biochemistry and Physiology. 73B: 451–455.

Sujeevan Ratnasingham Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php.

Ward R & A Reilly (2001) Development of microsatellite loci for population studies of the pink ling, *Genypterus blacodes* (Teleostei: Ophidiidae). Molecular Ecology Notes. 1:173-175.

Ward R, Appleyard A, Daley K & A Reilly (2001) Population structure of pink ling (*Genypterus blacodes*) from south – eastern Australian waters, inferred from allozyme and microsatellite analyses. Mar. Freshwater Res. 52: 965–973.

Otras REFERENCIAS

Aguayo M, Young Z, Bustos R, Ojeda V, Peñailillo T, Vera C & M Robotnam (1985) Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona suraustral. Estado de situación del recurso. Santiago. Chile. IFOP. 172 pp.

Aguayo M, Young Z, Bustos R, Ojeda V, Peñailillo T, Gili R, Vera C & M Robotnam (1986) Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona sur-austral. Estado de situación del recurso. Corporación de Fomento de la Producción. IFOP. Chile. 143 pp.

Aguayo M, Young Z, Bustos R, Peñailillo T, Ojeda V, Gili R, Vera C, Hidalgo H & I Céspedes (1987) Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona sur-austral. Estado de situación del recurso. Corporación de Fomento de la Producción. IFOP. Chile. 209 pp.

Aguayo M & A Zuleta A (1988) Captura total permisible del recurso congrio dorado. Documento interno. IFOP- SUBPESCA. 25 pp.

Cohen D & J Nielsen (1978) Guide to the identification of genera of the fish order. Ophidiiformes with a tentative clasification of the order. NOAA Technical Report NMFS, Circular 417: 73 pp.

Chong J (1993) Ciclo de madurez sexual del congrio dorado *Genypterus blacodes*, en la zona de la pesquería sur austral. Informe Final IFOP. 24 pp.

Colman J (1995) Regional morphometric variation in ling, *Genyterus blacodes*, en New Zealand waters. New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research. 29: 163- 173.

Daley R, Ward R, Last P, Reilley A, Appleyard A & D Gledhill (2000) Stock delineation of the pink ling *Genypterus blacodes* in Australian waters using genetic and morphometric techniques. FRDC Final Report, CSIRO Marine Research, Hobart, Australia.

Eschmeyer WN (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Horn P (1993) Growth, age structure, and productivity of ling, *Genypterus blacodes* (Ophidiidae), in New Zealand waters. New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research. 27: 385 -397.

Ojeda FP, Labra FA & AA Muñoz (2000) Biogeographic patterns of Chilean littoral fishes. Revista Chilena de Historia Natural 73: 625-641.

Leible M & Alveal E (1982) Catalogo de peces que habitan las aguas costeras y dulceacuícolas en la provincia de Concepción. Pontificia Universidad Católica de Chile, Sede regional Talcahuano. 104 pp.

Fuente: http://pond.dnr.cornell.edu/nyfish/Salmonidae/salmonidae.html

1. Nombre científico *Salmo salar* (Linnaeus, 1758)

2. Nombre común Salmón del Atlántico, Atlantic salmon, black salmon.

3. Distribución

Históricamente el Salmón del Atlántico se distribuía el Noratlántico desde la Bahía de Ungava hasta el lago Ontario y en la parte sur hasta Connecticut en Norteamérica, y desde el Mar Blanco en Rusia hasta Portugal en la costa Europea. Sin embargo debido a efectos antropogénico como la construcción de diques o embalses, deterioro de la calidad de agua debido a la expansión de las urbes así como los cambios en las prácticas agrícolas, su distribución natural a declinado o a comenzado extinguirse en muchos de los ríos navegables o industriales aunque aún es posible encontrarlo en ríos de España, Francia, Reino Unido, Irlanda, Noruega, Suecia, Finlandia, Islandia, Groenlandia, Rusia y Argentina (Mills 1991, Maitland & Campbell 1992). Soto y Jara (1995) han informado la presencia de salmón del Atlántico en aguas continentales del extremo sur de Chile, producto de escapes accidentales de centros de cultivo.

Actualmente, el 94% de salmón de Atlántico proviene de centros de cultivo, producto de exitosas, desde el punto de vista productivo, traslocaciones a países como Chile y Tasmania donde esta especie naturalmente no habita. En tanto, las poblaciones naturales siguen decayendo producto de la competencia entre las especies naturales y las escapadas de los centros de cultivo.

4. Biología / historia de vida.

El salmón del Atlántico es una especie anádromo (comienzan su ciclo de vida en agua dulce i luego migran a agua de mar) de distribución bentopelágica (0-210m) que habita aguas que fluctúan entre los 2-9°C. Durante la fase de agua dulce los juveniles permanecen en este ambiente durante 2 o 3 años migrando al mar por uno o más años para finalmente volver a sus tributarios a desovar. Una vez que desova sólo unos pocos mueren y la mayoría vuelve nuevamente al mar para desovar en el próximo periodo reproductivo. Los adultos son de color plateados con visos azul-verdosos, durante el periodo de reproducción (en agua dulce) pierden su coloración plateada tornándose verdes o marrones rojizos principalmente los machos. Los juveniles se alimentan principalmente de insectos acuáticos, moluscos, crustáceos y pequeños peces mientras que a dieta de adultos la conforman alevines de diferentes especies peces y pequeños arenques, caballas y bacalaos.

El salmón del Atlántico es distinguible del salmón del Pacífico a que tiene 13 rayos en la aleta anal, la mandíbula es moderadamente larga. La forma y longitud de la cabeza así como la profundidad del cuerpo varia con cada estado de madurez sexual.

En promedio una hembra deposita 1500-1800 huevos por kilo de peso corporal. Los huevos de color naranjo pálido, grandes y esféricos son depositados a una profundidad de 12,7-25,4 cm. Luego de la eclosión un alevín de aproximadamente 15 mm permanece enterrado en la grava absorbiendo su saco vitelino durante cerca de 6 semanas.

4. **Objetivos genéticos**

Conocer las variables reproductivas de *S. salar* mantenidos bajo condiciones controladas en el sur de Chile.

5. **Principales resultados**

El periodo reproductivo se desarrolló en otoño durando 43 días. Los pesos promedio de los ejemplares maduros fueron de 6,4 kg en las hembras y 7,0 kg en los machos. La fecundidad promedio de las hembras fue 5998 ± 1404 huevos y 946± 210 huevos/kg. El volumen promedio y relativa de la eyaculación de los machos fue de 47.7 ± 32.8 cm3/kg y 7.2 6±5.44 cm3/kg, respectivamente así como también la densidad promedio del esperma (5.83 ± 3.75 espermios/cm3. Los autores dan cuenta que estos son los registros más bajos reportados para

esta especie en la literatura. Registraron además una correlación negativa entre el peso de los machos y las variable reproductivas, mientras que las hembras mostraron un patrón similar al registrado en otras especias salmónidas.

8. **Secuencias**

Actualmente GenBank registra 641926 secuencias que incluyen el genoma completo mitocondrial de esta especie así como también 3 instituciones están llevando a cabo el proyecto de Genoma del Salmón del Atlántico. Entre ellas están:

1. Genomics Research on Atlantic Salmon Project (GRASP) desarrollado por la Universidad de Victoria y Simon Fraser en el Reino Unido. Los investigadores involucrados analizaran el genoma del salmón a fin de desarrollar su mapa así como aprender de la tasa y modo de evolución, entre otros objetivos.
2. FRS Freshwater Laboratory, Faskally, Pitlochry, Perthshire, Scotland, UK/FRS Marine Laboratory, Aberdeen, Scotland, UK, University of Aberdeen, UK han desarrollado un mapa de ligamiento utilizando marcadores microsatélites en 15 grupos de ligamiento y adicionalmente 14 marcadores no ligados.
3. AKVAFORSK, Institute of Aquaculture Research, Aas, Norway utilizando familias de hermanos dentro de familias de medios hermanos paternos de poblaciones Noruegas construyó un mapa de ligamiento que incluye 54 marcadores microsatélites y 473 marcadores del tipo AFLP. Tanto mapas de hembras como machos fueron generados con 25 grupos de ligamiento en común entre ambos mapas.

REFERENCIAS GENETICA

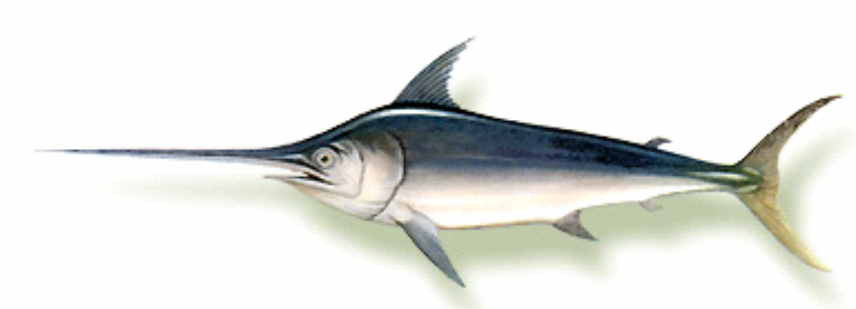
Estay F, Vergara C & NF Diaz (1999) Reproductive performance of cultured Atlantic salmon Salmo salar L. 1758 in Chile. Aquaculture Research 30: 759-764.

OTRAS REFERENCIAS

Soto D Y C Jara (1995) Evaluación de salmónidos de vida libre en aguas interiores de la regiones X y XI. Informe Final Proyecto FIP-IT 95-31. 159pp.

Maitland PS & Campbell RN (1992). Freshwater Fishes of the British Isles. Harper Collins, London.

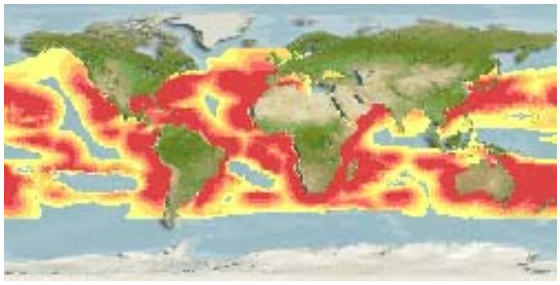
Mills D (1991). Strategies for the rehabilitation of Atlantic salmon.The Atlantic Salmon Trust, Pitlochry.



1. **Nombre científico** (común) *Xiphias gladius* (Linnaeus, 1758) (Pez espada, Albacora).

2. **Distribución.**

Se distribuye en el océano Atlántico, Indico y Pacífico: aguas tropicales y templadas y a veces frías, incluyendo Mar Mediterráneo, Mar de Mármara, Mar Negro, y el Mar de Azov.



3. **Biología/ historia de vida**.

Es un pez pelágico, de gran tamaño, alcanza una talla máxima de 600 cm y un peso de hasta 500 kg. Presenta aletas espinosas, siendo la dorsal grande y carece de aletas pélvicas. Dorso azul oscuro más o menos intenso, flancos más claro con reflejos bronceados y vientre plateado. Se caracteriza por la fusión y prolongación de los huesos de la mandíbula superior que forman un pico rígido similar a una espada que, a veces, representa hasta un tercio de la longitud total del cuerpo. Vive en mares tropicales y subtropicales.

4. **Objetivos genéticos**.

La falta de conocimientos sobre la estructura del stock y el comportamiento migratorio del pez espada constituye un freno a la implementación de una ordenación duradera de este recurso,

es por esto que, la mayoría de los estudios genéticos en esta especie se han orientado al análisis de estructuración de stock

5. **Marcadores genéticos.**

Las técnicas utilizadas en el análisis poblacional, son diversas desde electroforesis de proteínas (Grijalva-Chon et al. 1996), siendo la mas utilizada el DNA mitocondrial (Kotoulas, 1995; Reeb et al. 2000), específicamente de la región control (Bremen, 1995; Bremen 1996; Chow et al. 1997; Grijalva-Chon et al. 1994; Rosel & Black, 1996; Jean et al. 2007), DNA nuclear calmodulina (Chow et al. 2001), hasta estudios con microsatélites (Jean et al. 2007).

6. **Principales resultados**.

Chow (1994) analizó el gen mitocondrial que codifica el Citocromo b, de 10 especies, entre estas *Xiphias gladius*, procedentes del océano Atlántico, Indico y Pacifico, el fragmento amplificado dio 360 pb. y no se observó diferencias entre las especies, se emplearon 13 enzimas de restricción, sobre los fragmentos para ver polimorfismo, dentro de cada especie y entre las distintas especies. El polimorfismo entre las distintas especies se observó con 9 endonucleasas. Se establecieron protocolos simples de identificación para cada muestra oceánica. Así, todas las especies del Indo-Pacífico pudieron distinguirse por análisis genotípico con tres enzimas de restricción Alu I, BsaJ II y Taq I y cinco especies procedentes del Atlántico se identificaron por medio de dos de estas enzimas BsaJ I y Taq I.

Grijalva–Chon et al. (1994) y Chow et al. (1997), encontraron homogeneidad en la frecuencia de haplotipos entre el Océano Indico y Pacifico, pero se han detectado diferencias significativas entre muestras del norte del Atlántico y el Sur.

Grijalva Chon 1994; Chow 1998. Usando RFLP de ADNmt en muestras del lado occidental, central y oriental del Pacífico norte, sugieren que existe un alto flujo que previene la diferenciación poblacional, por lo que las muestras del Pacífico norte representaría un stock único.

Rosel & Block (1996), Bremen et al. (1996), Chow et al. (1998) estudiando la frecuencia de distribución de haplotipos del ADN mitocondrial han mostrado diferencias significativas entre muestras del Mediterráneo, Atlántico y Pacífico, lo que estaría indicando que las poblaciones se

estructuran a una escala global, ya que las estimaciones de intercambio genético entre poblaciones de una misma cuenca presentan un alto grado de panmixia.

Grijalva-Chon et al. (1996) estimaron la variabilidad aloenzimática, comparando muestras provenientes de baja California y de las Islas de Hawai. Utilizaron cuatro sistemas variables Fosfoglucoisomerasa, Octanol deshidrogenasa y proteínas totales, encontrando diferencias significativas para las frecuencias alélicas entre muestras en el locus PROT3. El pez espada del Pacifico tienen una baja heterocigosidad (0.020) comparadas con 0.055 para el resto de peces marinos.

Henriquez (1999) Estudiaron la variabilidad genética de *Xiphias* , en Valparaíso y Lebu de Chile, con electroforesis de proteínas, en las que se visualizó los productos enzimáticos de 9 sistemas que dan cuanta de 13 loci presuntivos. De estos 4 fueron monomórficos y 9 polimórficos, además se observó la ausencia de diferencia entre los patrones genéticos, evidenciando que se trataría de un mismo grupo poblacional.

En Chile existen pocos análisis genéticos en esta especie sin embargo, en marco de un proyecto FIP (Yañez, 2002), se desarrolló un análisis poblacional con ADNmt y electroforesis de proteínas. El gen D-loop fue digerido con 6 enzimas de restricción. Para la electroforesis de proteínas, obtuvo un total de 16 sistemas proteicos con 26 presuntos loci. De estos, 21 resultaron monomórficos y 5 polimórficos; PGM-1, GLIO, AAT-2, PGI-2 e IDH-2, lo cual entrega un porcentaje de polimorfismo de 19.2%. Este análisis genético no mostró desviaciones de equilibrio de Hardy-Weinberg para ninguna de las poblaciones analizadas. El número promedio de alelos por locus y por población varió entre 2 y 3. Los valores de heterocigosidad por muestra fluctuaron entre 0.082 ± 0.027. La heterocigosidad promedio por locus por individuo para esta especie fue de 0,024 ± 0,033. El análisis comparativo entre muestras se obtuvo un valor promedio de F_{ST}= 0.018, no significativo, lo que sugiere que no existen diferencias entre las muestras analizadas. Los valores de identidad genética fluctuación entre 0.996 y 1, reafirmando la alta homogeneidad genética de frecuencias aloenzimáticas entre las seis muestras analizadas.

El fragmento del ADN mitocondrial utilizado, fue D-loop. Se analizaron 5 enzimas para ver polimorfismo: Alu I, Dde I, Nla III, Rsa I y Taq I. Con Alu I, Hha I se detectaron 4 haplotipos diferentes y para Rsa I se observó 7 haplotipos. El análisis para este gen consideró, 61 ejemplares de la zona costera de Chile, 18 de Juan Fernández, 26 de Ecuador, 24 de México, 33 de Hawai y 33 de Australia. Los patrones de bandas obtenidos, corresponden a homocigotos

del alelo A, para todas las poblaciones analizadas, no se observaron ejemplares heterocigotos, indicando una alta homogeneidad para el Pacífico y no permite realizar una diferenciación.

Reeb et al. (2000) secuenciaron las bases de la región control d-loop del ADNmt de ejemplares provenientes del Océano Pacífico norte y Pacífico sur, las del Oeste divergen de manera significativa, mientras que las del Pacifico Este parecen ser genéticamente continuas. En términos de manejo pesquero, se debería considerar al menos la existencia de dos stock uno Sur y otro Norte, donde migran a través de las zonas costeras de varias naciones y tienen además presencia en aguas internacionales.

Chow & Takeyama (2000). Usando el gen Calmodulina y la región control, se detectó polimorfismo por RFLP y se secuenciaron nucleótidos para muestras de Mediterráneo, Atlántico y del Indopacifico, Los autores, señalan diferencias significativas en las frecuencias alélicas para el gen nuclear entre el Mediterráneo y del Atlántico Noreste respecto de las del Atlántico tropical y el Indopacifico. Un análisis combinado del gen Calmodulina y D–loop indican que existen a lo menos 4 unidades reproductivas: Mediterráneo, Atlántico Noreste, Atlántico Sur e Indo PacÍfico.

Chow et al. (2001) encontraron diferencias considerables en el genotipo y las frecuencias alélicas en el locus del gen Calmodulina, entre muestras del Atlántico del norte y del Atlántico Sur. Las frecuencias del alelo A oscilaron entre 0.464 a 0.517 en las muestras del norte, mientras aquellos en el sur se extendieron de 0.84 a 0.917. Esta diferencia es estable durante un período largo de tiempo (6 a 9 años). La zona límite entre los stocks del Norte y el Sur podría estar localizada entre los 10ºN y los 20ºN.

Chow et al. (2003) investigó la variación genética en el locus del gen Calmodulina para un total de 109 muestras del pez espada del Atlántico, los individuos se reunieron en el año 2002. Los resultados confirmaron la presencia de dos stocks de pez espada genéticamente distintos en el Atlántico. Cuarenta y dos de 109 individuos fueron analizados entre 10N y 20N, supuestamente una zona divisoria. La muestra occidental (48W) (n=18) mostró un intermedio de frecuencias alélicas entre el norte y stocks del sur, y muestras del Este (28W a 37W) (n=24) mostraron más afinidad con aquellos del sur.

Ching-Ping Lu et al. (2006), estudiaron la estructura demográfica genética del pez espada usando muestras del Océano Índico y Oeste del Océano Pacífico entre los años 1999 y 2003. Se analizó un total 175 individuos que comprenden 9 unidades muestreales (2 unidades del Océano Pacífico y 7 del Océano Índico). El estudio se realizó, usando la secuencia completa de

ADN mitocondrial, de la región de control (841 bp en la longitud), con un total de 142 haplotipos con una diversidad haplotípica (h) de 0.9967 y la diversidad de nucleotídica (π) de 0.01476 ± 0.00046. Subdivisiones significativas demográficas descubiertas por el F_{ST} y el análisis de discrepancia molecular (AMOVA) indicaron que las muestras de las aguas de Madagascar del norte y Golfo de Bengala eran 2 grupos distintos comparados a otras poblaciones de Océano Índico y Océano Pacífico de Oeste, en concordancia con estudios anteriores que indican la población de pez espada mundial. Se sugiere que la estructura del stock en la región de Indo-Océano-Pacífico puede ser resumida en los grupos siguientes: un área de Madagascar del norte, Golfo de Bengala, y el resto de Océano Índico y Océano Pacífico occidental, así proporcionando información importante para las unidades de dirección del pez espada en la región del Indo-Pacífico.

Jean et al. (2006) estudió la estructura del stock del pez espada de cuatro áreas del Sudoeste del Océano Indico usando PCR-RFLP sobre la región control de mtDNA y seis loci microsatélite. No hay diferencias significativas entre las cuatro áreas con ambas técnicas moleculares, sugiriendo un stock único en el Sudoeste del Océano Indico.

Jean et al. (2007) realizando el análisis de la región de control del ADN mitocondrial y de 6 loci microsatélites permitió resaltar una fuerte heterogeneidad dentro de la población, lo que sugiere la existencia de un stock único en esta región del océano Índico. Sin embargo, la escala geográfica y el tamaño de la muestra son probablemente insuficientes para permitir la observación de diferencias significativas entre las 4 zonas estudiadas.

Kasapidis et al. (2007) analizó 4 loci microsatélites para caracterizar tres individuos marcados–recapturados del Atlántico. El examen de datos genéticos en combinación con información de marcado-recaptura puede facilitar el estudio de aspectos relacionados el crecimiento tanto individual como del stock.

Resumen de los análisis genéticos en *Xiphias gladius*, por Ward, 2001

Table 3. Summary of past genetic work on the swordfish. Samples within parentheses cannot be readily distinguished (Pac=Pacific Ocean, Atl=Atlantic Ocean, Ind=Indian Ocean, Med=Mediterranean Sea. N=north, C=central, E=east).

Technique	n	Conclusion regarding stock structure	Ref.
mtDNA-RFLP	148	(NW-Pac, NC-Pac, NE-Pac)	a
mtDNA-RFLP	204	(S-Atl) (W-Med, C-Med, E-Med)	b
mtDNA-d loop-seq	50	(NE-Atl, NW-Atl, S-Atl, NE-Pac) (Med)	c
mtDNA-d loop-seq	159	(NE-Pac, SE-Pac, NC-Pac, NW-Pac) (NW-Atl, S-Atl) (Med)	d
allozyme	94	(NC-Pac) (NE-Pac)	e
mtDNA-d loop-seq mtDNA-d loop-RFLP	112 135	total N = 247 (NE-Pac) (NW-Atl, NE-Atl) (S-Atl) (Med)	f
mtDNA-d loop-RFLP	456	(NW-Pac, NC-Pac, NE-Pac, SE-Pac, SC-Pac, C-Ind, E-Ind, S-Atl) (NW-Atl) (Med)	g
mtDNA-d loop-RFLP nDNA-*CaM*	698 567	(Ind, Pac) (NW-Atl, C-Atl, S-Atl) (Med) (Ind, NW-Pac, SE-Pac) (C-Atl, S-Atl) (NW-Atl, Med)	h
mtDNA-d loop-seq	281	*NW-Pac–NC-Pac–NE-Pac–SE-Pac–SC-Pac–SW-Pac	i

* A ⊃ shaped distribution was hypothesised. See text.
a, Grijalva-Chon et al. 1994; b, Kotoulas et al. 1995; c, Alvarado Bremer et al. 1995; d, Rosel and Block 1996; e, Grijalva-Chon et al. 1996; f, Alvarado Bremer et al. 1996; g. Chow et al. 1997; h, Chow and Takeyama 2000; i, Reeb et al. 2000

Estos antecedentes nos indican que existirían al menos cuatro grandes stocks genéticos en los diferentes océanos: un grupo Mediterráneo, otro del Atlántico Norte, otro Sur Atlántico y el resto Indo-Pacífico.

7. **Información complementaria**.

. Ha sido difícil demostrar que esta especie se estructure poblacionalmente dentro del Pacífico ya que el grado de diferenciación del pez espada en esta cuenca es muy bajo (Yañez 2002). Sakagawa y Bell (1980) sugieren dos hipótesis, un único y amplio stock en el Océano Pacífico, y tres stock separados con un centro de concentración en el Pacífico Noroeste, Sudoeste y Este, basado en la tendencias de la CPUE de la pesquería palangrera y en la distribución de las larvas. Sosa-Nishizaki & Shimizu (1991) sugiere la existencia de dos poblaciones en el Pacífico Este, el de Baja Península de California y el de Sudamérica, basado en el patrón la CPUE media

mensual de la pesquería palangrera japonesa. Las poblaciones parecen estar interconectadas a través del Ecuador, lo que podría permitir, desde el punto de vista administrativo pesquero, establecer dos unidades de explotación en el Pacífico, un stock norte y otro sur que convergen en el Ecuador.

8. Secuencias:

En Genbank hay 1520 secuencias disponibles de las cuales su gran mayoría son del ADN mitocondrial para la región control con unas 1380 secuencias, además de secuencias del Citocromo b, Citocromo Oxidasa I, entre otros. Existen 5 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode.

9. Estudios filogenéticos. no existe información

10. Investigaciones Prioritarias:

La comprensión incompleta sobre la estructura del stock de pez espada hace difícil determinar un plan de manejo adecuado para la pesquería. La autoridad pesquera requiere entonces de información actualizada sobre el recurso y su dinámica, para poder establecer plataformas de manejo y administración. En este contexto nace la necesidad de aumentar el conocimiento sobre las características de la fracción poblacional y del ecosistema existente.

REFERENCIAS GENÉTICA.

Ching-Ping L, Chaolun Allen C, Cho-Fat H, Tzong-Der T and SY Yeh (2006) Population genetic structure of the swordfish, *Xiphias gladius* (Linnaeus, 1758), in the Indian Ocean and West Pacific inferred from the complete DNA sequence of the mitochondrial control región. Zoological Studies 45(2): 269-279

Chow S (1994) Identification of billfish species using mitocondrial cytochrome b gene fragnent amplified by polimerase chain reaction. Col. Vol. Sci. PAP. ICCAT, 41:549-556.

Chow S, Okamoto H, Uozumi Y, Takeuchi Y & H Takeyama (1997) Genetic stock structure of the swordfish (*Xiphias gladius*) inferred by PCR-RFLP analysis of the mitochondrial DNA control región. Mar. Biol. 127:359-367.

Chow S (1998) Universal PCR primer for calmodulin gene intron in fish. Fish. Sci. 64:999-1000.

Chow S & H Takeyama (2000) Nuclear and mitochondrial DNA analyses reveal four genetically separated breeding units of the swordfish. J. Fish. Biol. 56: 1087-1098.

Chow S, Nohara K and Y Takeuchi (2001) Boundary between north and south Atlantic stocks of swordfish (*Xiphias gladius*): An implication from nuclear DNA analyisis. ICCAT SCRS/01/146. 2001.

Grijalva-Chon JM, Numachi K, Sosa-Nishizaki O & J de la Rosa-Velez (1994) Mitochondrial DNA analysis of North Pacific swordfish *Xiphias gladius* population structure. Mar. Ecol. Prog. Ser. 115: 15-19.

Grijalva-Chon JM, de la Rosa-Vélez J & O Sosa-Nishizaki (1996) Allozyme variability in two samples of swordfish, *Xiphias gladius* L., in the north Pacific. Ocean. Fish. Bull. 94: 589-594.

Henríquez O (1999) Diferenciación poblacional y variación genética de la albacora *Xiphias gladius* Linnaeus, 1758 frente a la costa de Chile. Seminario de Título para optar al Título de Biólogo Marino. Universidad de Concepción.

Jean C, Bourjea J, Jouen E and M Taquet (2006) Stock structure of the swordfish (*Xiphias gladius*) in the southwest Indian Ocean: A preliminary study. Bulletin of Marine Science NOV; 79 (3) 521-526.

Jean C, Bourjea J, Miossec D & M Taquet (2007) Evaluation de la structure du stock D'espadon (*Xiphias gladius*) dans l'ocean indien A l'aide d'une approche multidisciplinaire. Col. Vol. Sci. Pap. ICCAT, 60(6): 1897-1905.

Kasapidis P, Valeiras X, Antoniou A, Kotoulas G, García-Cortés B and J Mejuto. (2007) Genetic and growth profiles of three specimens of swordfish (X*iphias gladius*) tagged and recaptured in the north Atlantic. Col. Vol. Sci. Pap. ICCAT, 60 (6): 1964-1973.

Kotoulas G., Magoulas A., Tsimenides N., & E. Zouros, 1995. Marked mitochondrial DNA differences between Mediterranean and Atlantic populations of the swordfish, *Xiphias gladius*. Molecular Ecology**,** 4, 473-481

Rosel PE & BA Block (1996) Mitochondrial control region variability and global population structure in the swordfish, *Xiphias gladius*. Mar. Biol. 125: 11-22.

Reeb CA, Arcangeli L & BA Block (2000) Structure and migration corridors in Pacific populations of the swordfish *Xiphias gladius*, as inferred through analyses of mitochondrial DNA. Mar. Biol. 136: 1123-1131.

OTRAS REFERENCIAS

Yánez E (2002) Caracterización ecológica y pesquera de la cordillera de Nazca como área de crianza del pez espada. Proyecto FIP N° 2002–04.

Sakagawa G T & R Bell (1980) Swordfish *Xiphias gladius*. In R.S. Shomura. Report of the Billfish Stock Assessment Workshop, Pacific Resources. U.S. Dept. Commer., NOAA Tech. Memo, NMFS-SWFC-5, 50 pp.

Sosa-Nishizaki O & M Shimizu (1991) Spatial and temporal CPUE trends and stock unit inferred from them for the Pacific swordfish caught by the Japanese tuna longline fishery. Bull. Nat. Res. Inst. Far Seas Fish. 28:75-89.

1. <u>Nombre científico</u> (común) *Merluccius australis* (Hutton 1872)
(Merluza del sur, Southern hake).(www.fishbase.org)

2. <u>Distribución</u>.

Se distribuye desde los 38º22' hasta los 55ºS hacia el extremo sur de Chile, incluyendo tanto aguas exteriores como interiores de la X, XI y XII Región

3. <u>Biología/ historia de vida</u>.

Es un pez de hábitos demersales del Pacífico suroriental, batimétricamente, la especie se distribuye entre los 70-100 m de profundidad en las aguas interiores de los canales y fiordos de la X y XI regiones, hasta profundidades entre 200 y 500 m en las aguas exteriores de la zona austral.

4. <u>Objetivos genéticos</u>.

Los principales objetivos de la evaluación y manejo de las poblaciones de recursos naturales es la identificación de él o los stocks sobre los cuales se está ejerciendo la acción pesquera o de extracción, además del nivel de migración o flujo génico que conecta las subpoblaciones o stocks; ya el stock es la unidad básica sobre la cual deben sostenerse las evaluaciones y las medidas de ordenamiento (Tyler, 1988). La finalidad de identificar los stocks de un recurso en particular es entender la dinámica de su diferenciación espacial, temporal, y aplicar estos conceptos en la conservación y manejo de las especies (Winans, 1987).

Además para esta especie se han desarrollado investigaciones orientadas a la identificación de especies.

5. **Marcadores genéticos.**

Para la identificación de stock se han utilizado electroforesis de proteínas y la técnica PCR y RFLP para analizar la región ITS (Internal Transcribed Spacer), además se analizo el gen Calmodulina del ADN nuclear, y la región Citocromo B, D-loop y NADH del ADN mitocondrial, utilizando partidores universales aplicables a un gran número de especies de peces.

6. Principales resultados.

Smith et al. (1979), mediante electroforesis de proteínas con 2 enzimas polimórficas (PGI, IDH) estudió poblaciones provenientes de 4 áreas del sur de Nueva Zelanda, no encontrando ninguna diferencia significativa en frecuencias alélicas entre las cuatro áreas, y con la sustentación de evidencia de datos biológicos llega a la conclusión que no habría estructuración poblacional, evidenciando la presencia de un stock de *M. australis* alrededor de Nueva Zelanda.
El Instituto de Fomento Pesquero en 1994, realizó su estudio a través de 3 técnicas: marcadores genéticos, análisis de la carga parasitaria y estudios morfométricos. Para el caso de los marcadores genéticos de analizan un total 670 ejemplares, 400 correspondientes a aguas exteriores y 270 a aguas interiores. Este análisis se realiza a través de electroforesis de proteínas e indica que no existen diferencias significativas en las muestras que provienen de aguas exteriores e interiores de la Pesquería Demersal Austral (PDA) (Chong y Galleguillos, 1993).

Lillo S. et al. (2004) De acuerdo a los valores obtenidos mediante Índice de Fijación (F_{ST}) y Número de migrantes por generación (Nm), existe un flujo génico abierto e importante entre las localidades en estudio, lo que sugiere la existencia de un solo grupo poblacional entre la X y XII Región. En conclusión *Merluccius australis,* no presentó diferenciación poblacional en la zona sur austral de Chile presentando una sola unidad poblacional panmíctica, y un flujo genético libre en la población.

Perez et al. (2005) desarrollo de una herramienta diagnóstico basada en ADNr y citocromo b que permiten detectar ADN de *Merluccius* y discriminar 12 especies de merluzas, 10 de ellas de importancia comercial.

7. Información complementaria.

Los resultados genéticos son concordantes con los resultados encontrados a través de la composición y magnitud de la fauna parasitaria y de la morfometría de merluza del sur, que indica una alta similitud cualitativa entre las zonas de pesca. Por otra parte, Chong y Galleguillos (1993) consideró el análisis de estructuras duras (otolitos sagitales), debido a que estos análisis han entregado importante evidencia fenotípica entre individuos de diferentes unidades poblacionales. A través de análisis multivariado de los otolitos se concluye que las variables morfológicas soportan la existencia de grupos locales, las variables discriminantes muestran una sobreposición significativa e indica que estos grupos presentan un alto grado de mezcla, lo que impide considerarlos como unidades discretas, requisito básico para definir una unidad de stock. En definitiva y en base a estos resultados podemos indicar que se trataría de una unidad de stock de merluza del sur sobre la cual opera la PDA.

8. Secuencias:

En Genbank hay 9 secuencias disponibles: uno 16S y 12S , 3 secuencias del Citocromo b , 3 de la región control, y una del ITS.). (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Existen 9 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org/views/login.php

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias:

El desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos elaborados, es fundamental para potenciar la exportación de productos al extranjero, asegurando genéticamente su identificación.

REFERENCIA GENETICA

Chong J y R Galleguillos (1993) Determinación de unidades de stock de merluza del sur. Estudio poblacional de merluza de cola. Estudio de reproducción de congrio dorado y edad de la merluza de cola. Estudio encargado por IFOP a la Sociedad de Estudios Hidrobiológicos Ltda.

Lillo S, Espejo M, Rojas M, Ojeda V, Cerna F, Céspedes R, Adasme L, Miranda H, Bravo C, Balbontín F, Acevedo S, Braun M, Valenzuela V, Miles H, Blanco J, Letelier J & J Osses (2004) Diagnóstico merluza del sur y congrio dorado en aguas interiores de la XII Región. Fondema, Informe final proyecto FIP 96-38. 203 p.

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Perez M, Vieites J y P Presa (2005) ITS-rDNA Based Methodology To Identify World-Wide Hake Species of the Merluccius. Journal of Agricultural and Food Chemistry 53, 5239-5247.

Smith P, Patchell J y P Benson (1979) Glucosephosphate isomerase and isicitrate dehydrogenase polymorphisms in the hake, *Merluccius australis*. New Zealand Journal of Marine & Freshwater Research 13 (4): 545-547.

Sujeevan Ratnasingham, Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIAS

Eschmeyer WN (2003) Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Tyler AV (1988) Biological bases for management of groundfish resources of the West coast of Canada. In: Fishery Science and Management. WS Wooster (Ed.) , Springer-Verlag: 216–234.

Winans G (1987) Using morphometric and meristic characters for identifying stocks of fish. In: Proceedings of the Stock Identification Workshop. National Marine Fisheries Service Northweest and Alaska Fisheries Center. NOAA Technical Memorandum NMIS–SEFC. 199: 25-62 pp.

1. <u>Nombre científico</u> (común) *Merluccius gayi gayi* (Guichenot, 1848). (Merluza común, Pescada, Merluza chilena, Maltona, chilean hake, south pacific hake). (www.fishbase.org)

2. <u>Distribución</u>. La merluza común (*Merluccius gayi gayi*) presenta una amplia distribución en la costa de Chile, que abarca desde Antofagasta (23º 38'S) hasta el canal Cheap (47º 08'S), mientras que batimétricamente se localiza desde los 50 a 500 metros de profundidad.

3. <u>Biología / historia de vida</u>.

La merluza común es un pez teleósteo de cuerpo alargado, ligeramente comprimido. La cabeza es suavemente deprimida, su boca es protráctil y los ojos grandes. El color del cuerpo es acerado, azul verdoso en el dorso y blanquecino en el vientre (Lorenzen et al. 1979).

Su alimentación se basa en crustáceos, peces teleósteos y moluscos (Lorenzen et al. 1979), destacándose que esta especie presenta una alta incidencia de canibalismo (CORFO/IFOP, 1996).

4. <u>Objetivos genéticos</u>.

Oyarzún (1997) realizó un análisis de diferenciación poblacional de *Merluccius gayi* en la costa de Chile.

Hernández et al. (2000) realizó una diferenciación génica entre *Merluccius gayi gayi* y *Merluccius gayi peruanus* mediante electroforesis de proteínas. Se compararon los taxa en cuanto a su heterocigosidad y polimorfismo, además, se calcularon los índices estándar de Identidad (I) y Distancia genética (D) utilizando el programa BIOSYS 1.7.

Galleguillos et al (2000) describió la variabilidad enzimática para la merluza chilena (*Merluccius gayi gayi*), usando muestras de varias localidades de la costa Chilena.

5. Marcadores genéticos.

Oyarzún (1997) Mediante estudio eletroforético resolvió los siguientes loci polimórficos PGI-1, PGI-2, PGM-1, IDH-1, IDH-2 Y AAT-1 con muestras de Coquimbo (n=370), San Antonio (n=390), Talcahuano (n=380) y Puerto Montt (n=370). Por otro lado se trabajó con ADN mitocondrial con muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Valdivia, 50 individuos por zona, se amplificó la región control, utilizando los partidores L -19 y 12 SAR, se probaron 9 enzimas de restricción AluI, AvaII, Bfa I, Hae III, Hinf I, Hpa II, Nci I, Rsa I, Sau 96 comparando las zonas extremas Coquimbo y Valdivia con las enzimas polimórficas: Ava I, Bfa I, Sau 96.

Hernández et al (2000), analizó 25 individuos de cada especie, con 16 enzimas Alcohol deshidrogenasa (ADH-1,ADH-2), Isocitrato deshidrogenasa(IDH-1), Glicerol 3 fosfato deshidrogenada (G3PDH-1,G3PDH-2), sorbitol deshidrogenada (SDH-1, SDH-2), lactato deshidrogenada (LDH-1,LDH-2), malato deshidrogenada (MDH-1, MDH-2), Enzima málica (EM-1,EM-2), fosfo-gluconato deshidrogenada (6PGDH-1), Tetrazolio oxidasa (TO-1), Aspartato aminotransferasa (ATT-1), Fosfoglucomutasa (PGM-1), Esterasa (EST-1, EST-2, EST-3, EST-4), Amino peptidasa (AP-1, AP-2, AP-3), Anhidrasa carbonica (CA-1,CA-2,CA-3), Glicoxalasa (GLIOX-1), Fosfoglucoisomerasa (GPI-1,GPI-2) y Proteínas Totales (PT-0,PT-1,PT-2,PT-3, PT-4, PT-5).

Galleguillos et al. (2000), en este estudio utilizó las enzimas Isocitrato deshidrogenasa (Idh), Aspartato amino transferasa (Aat), Fosfoglucomutasa (Pgm) y fosfoglucosa isomerasa (Pgi), con muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt.

6. Principales resultados.

(Oyarzún, 1997) En cuanto a los loci polimorficos PGI-1, PGI-2, PGM-1, IDH-1, IDH-2 Y AAT-1. Los parámetros de variabilidad genética, presentan valores sin grandes diferencias por localidad y tiempo, además los rangos de fluctuación entre estos son mínimos, demostrando una alta homogeneidad.

(Hernandez et al. 2000) Procesaron 25 individuos de *M. gayi gayi* de la zona de Talcahuano (Chile) y 25 individuos de *M. gayi peruanus* del Puerto de Paita (Perú). Se detectó el producto génico de 33 loci homólogos. Los taxa presentan movilidad diferencial de los alelos en los loci monomórficos EM-2*, AP-1* y CA-1* y en el locus polimórfico EST-3*. *Merluccius gayi gayi*

resultó ser el taxón con mayor variabilidad, con un polimorfismo de 24% y una media de heterocigosidad esperada de 0,072. *Merluccius gayi peruanus* presentó un polimorfismo de 18% y una media de heterocigosidad esperada de 0,037. La identidad genética entre los taxa fue 0,873, de donde se estima un tiempo de separación que va entre 900.000 y 2.000.000 de años (Pleistoceno).
(Galleguillos et al. 2000) Los resultados del análisis no mostraron ninguna diferencia alélica significativa entre las muestras, con un F_{ST} promedio de 0.007 para todos los lugares y muestras. Una prueba de heterogeneidad para todos los lugares y especímenes de las cuatro localidades mostró sólo dos valores significativos. Así, poblaciones de merluza chilenas a lo largo de la costa de Chile aparecen ser genéticamente homogéneas.

7. Información complementaria.

Esta especie presenta un desove parcial, con un máximo a fines de invierno. El crecimiento difiere entre los sexos y la talla de primera madurez en hembras es de 35 cm, aumentando latitudinalmente de norte a sur (CORFO/IFOP, 1996). La merluza desova prácticamente en toda el área de su distribución, concentrándose la mayor parte de la población desovante en el norte de Valparaíso.

8. Secuencias:

En Genbank hay 17 secuencias disponibles: 16 genes del ADN mitocondrial (16S, 12S, Cyt b, COI, D-loop) (DQ274025) y un gen ITS. (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Hay 5 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org/views/login.php).

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias:

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: identificación de stock en la costa chilena, desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos derivados, marcadores moleculares ligados al sexo, etc.

REFERENCIAS GENETICA

Galleguillos R, Troncoso L, Oyarzun C, Astorga M & M Peñaloza (2000) Genetic differentiation in Chilean hake *Merluccius gayi gayi* (Pisces: Merlucciidae. Hydrobiología 420: 49–54. Tesis para optar al grado de Doctor. Universidad de Concepción.

Hernandez C, Galleguillos R & C Oyarzún (2000) Genética de *Merluccius gayi gayi* y *Merluccius gayi peruanus* (pisces, merlucciidae) y antecedentes paleogeográficos de su área de distribución. *Rev. chil. hist. nat.*, mar. 2000, vol.73, no.1, p.23-29. ISSN 0716-078X.

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Oyarzún C (1997) Análisis de la diferenciación poblacional: El caso de *Merluccius gayi* (Guichenot, 1848) de la costa de Chile. Tesis para optar al grado de Doctor. Universidad de Concepción.

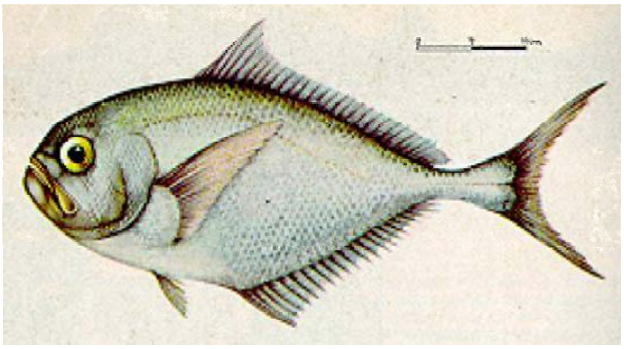
Sujeevan Ratnasingham, Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIA

Corporación de Fomento de la Producción e Instituto de Fomento Pesquero (CORFO/IFOP). (1996). Catálogo de materias primas. Serie Chile Azul. Ed. Pro Chile-Subsecretaria de Pesca, Santiago. 89 pp.

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Lorenzen S, Gallardo C, Jara C, Clasing E, Pequeño G y C Moreno (1979) Mariscos y peces de importancia comercial en el Sur de Chile. (Ed.), Univ. Austral de Chile, Valdivia,131 pp.



1. <u>Nombre científico</u> (común) *Brama australis* (Valenciennes, 1837) (Reineta, pez hacha y palometa). www.fishbase.org

2. <u>Distribución</u>.

Tiene una amplia distribución oceánica pelágica en el Pacífico sur, asociada a aguas subantárticas. En Chile se distribuye de Coquimbo por el norte hasta el extremo sur austral a profundidades de 105 m promedio (Oyarzún, 2001)

3. <u>Biología/ historia de vida</u>.

La reineta es un pez teleósteo de cuerpo alto, bien comprimido. La cabeza es corta y alta y la boca tiene una posición terminal oblicua. Los ojos están sobre el nivel posterior de la boca. El color del cuerpo es plateado con el dorso gris más oscuro y posee la aleta caudal grande y semilunar (Lorenzen et al. 1979).

La dieta de *Brama australis* es muy similar a la de especies congenéricas y es posible que el alto consumo de eufásidos por esta especie se deba a la gran abundancia de estos crustáceos frente a la costa chilena, más que a una selección o preferencia por este ítem (Muñoz et al. 1995).

Esta especie posee un muy peculiar comportamiento en su aproximación a las aguas costeras de la zona central de Chile. Su aproximación a la zona costera la realiza en densas capas intermedias para posteriormente fraccionarse, al llegar a ésta. Los peces llegan en diferentes estados de condición biológica y reproductiva, lo que dificulta en extremo generalizar un único factor de aproximación y presenta agregaciones extremadamente definidas en cuanto a sexo y tallas (Cerda et al. 1999).

4. Objetivos genéticos.

Determinar la variabilidad genética de *Brama australis* y verificar si existe una sola unidad poblacional panmíctica en la zona pesquera centro-sur de Chile. (Espinoza, 2001). Este análisis se realizó con muestras provenientes de Valparaíso y Lebu.
Leal et al. (2006) estandarizó marcadores moleculares de ADN mitocondrial y nuclear que serán utilizados posteriormente para buscar las diferencias entre el o los stocks que habitan en la costa Chilena.

5. Marcadores genéticos.

El estudio de Espinoza (2001) consistió en establecer los sistemas enzimáticos monomórficos y polimórficos determinando los marcadores aloenzimáticos en la especie. Se utilizaron sistemas enzimáticos sin saber previamente si son variables en la población, estos fueron Fosfoglucomutasa (PGM), Fosfoglucoisomerasa (PGI), Fosfogluconato deshidrogenasa (PGD), Esterasas (EST), Malato deshidrogenasa (MDH), Enzima Málica (ME), Glioxidasa (GLIO) y Lactato deshidrogenasa (LDH).
En el estudio de Leal en el 2006 utilizaron segmentos del D- loop y NADH del ADN mitocondrial y el segmento ITS (Internal Transcriber Spacer) del ADN nuclear. Para el segmento D-loop se utilizo las parejas de partidores 12 SAR-H/H00651 o 12 SAR-H/L19. Para el NADH se utilizó el partidor ND5/ND6. En el ITS se ensayó con 18D/24U y 1FP/2RP. Además se trabajó con PCR-RAPD, probando 82 partidores pertenecientes a la serie OPA. Las muestras utilizadas provenían de la localidad de Lebu.

6. Principales resultados.

El análisis genético abarcó el estudio de ocho sistemas enzimáticos, que dieron cuenta de un total de doce loci, de los cuales tres resultaron ser polimórficos, la (PGI), (PGM) y (PGD), todos con un solo locus, dentro de los cuales el alelo mas frecuente presenta un valor de 0.833

correspondiente a la PGM, cumpliéndose el criterio de 0.95 para el caso del polimorfismo que arrojo un valor de 0.25 para ambas localidades.

El índice de fijación F_{ST} presentó un valor promedio de 0.005 para los tres loci analizados y un máximo de 0.008 correspondiente a la PGD, lo que estaría indicando que existe un flujo génico importante entre ambas localidades comparadas. De acuerdo a los análisis estadísticos, no existirían diferencias significativas tanto para las frecuencias genotípicas como para las frecuencias alélicas, por lo que ambas localidades se ajustan al modelo propuesto por Hardy-Weinberg, lo que estaría sugiriendo la idea de un solo grupo poblacional entre Valparaíso y Lebu.

Leal et al. (2006) en la amplificación de la región control D-loop con el partidor 12 SAR-H/H00651 obtuvo dos segmentos de 1800 pb aprox. De las dos parejas de partidores ensayadas para el gen ITS el de mejor calidad fue 1FP/2RP con un amplificado de 900 pb aprox. Para la digestión, se probó con una batería de nueve enzimas de restricción y solo AvaII y Hae II digirieron el amplificado, este resultado puede ser utilizado para a futuro comparar diferente poblaciones y buscar potenciales diferencias. El segmento NADH produjo perfiles de baja resolución con un tamaño de 2500 pb aprox. El desarrollo de marcadores moleculares aplicables al recurso presenta un gran avance, en la caracterización genética de este recurso.

Posterior a esta tesis se desarrolló un proyecto DIUC de la UNIVERSIDAD DE CONCEPCION, en donde hizo un análisis poblacional del recurso *Brama australis* en las costas chilenas mediante amplificación del segmento 5S y RAPD. (Leal et al, 2005)

Se amplificó por PCR el segmento 5S del ADN nuclear ribosomal, segmento conservativo, donde cada unidad transcripcional es separada por un espacio variable no transcrito (NTS), de gran variabilidad (Martins et al. 2004). De 200 partidores RAPD fueron Seleccionados para los análisis los partidores 620 y 623 de la serie NAPS dada la reproducibilidad obtenida e intensidad de las bandas, lo cual puede reflejar la especificidad de la amplificación. Muestras provenientes de la localidad de Lebu, Duao y Coquimbo fueron ensayadas con ambas metodologías. Los análisis estadísticos se llevaron a cabo con los software POPGENE Y TFPGA.

Se obtuvieron finalmente 14 loci: 4 correspondientes a la amplificación por PCR del segmento 5S; 3 correspondiente al primer 620; y 7 correspondientes al primer 623. El locus 5S-2 está presente en todas las muestras de las localidades de Coquimbo y Duao, con baja frecuencia en la localidad de Lebu (6%). El locus 5S-3 y 5S-4 no se presentó en Duao y Lebu, siendo

exclusivo de la localidad de Coquimbo. Para analizar niveles de subestructuración, se realizó la estimación de Gst para todas las localidades en estudio. Al realizar un test X^2 ninguno de los valores de G_{ST} permite rechazar la hipótesis nula, la cual plantea homogeneidad genética. Para analizar la distribución alélica entre poblaciones se aplicó un Test Exacto de Diferenciación. Los resultados indican la existencia de loci que son exclusivos de la localidad de Coquimbo (5S-3 y 5S-4) y un locus RAPD (623-6) exclusivo de Duao y Lebu, estos marcadores moleculares finalmente estarían influenciando los cálculos de identidad genética a través de los análisis de UPGMA.

Los loci exclusivos de Coquimbo no logran generar un nivel de subestructuración significativo y el valor obtenido para el total de loci (Gst = 0.02) no permiten rechazar la hipótesis nula que plantea homogeneidad genética entre las localidades analizadas. Igualmente el índice de fijación Fst, arroja para todos los loci valores de 0.02 semejante al Gst promedio. Los altos valores del número promedio de migrantes por generación observados, impiden diferenciar las localidades desde un punto de vista genético, ya que en el modelo poblacional de Isla en el cual se basan los análisis realizados, valores de Nm > 1 evitan la diferenciación genética al azar por efectos de la deriva génica, e indicaría la existencia de panmixia entre las localidades. La existencia de loci exclusivos puede deberse a problemas experimentales ó sesgos en los muestreos.

Finalmente los resultados genéticos estarían ratificando lo obtenido por Espinoza et al. (2002) indicando la existencia de flujo génico abierto en las tres localidades analizadas sugiriendo la idea de una unidad poblacional panmíctica de *Brama australis*, entre las localidades de Coquimbo, Duao, y Lebu.

7. Información complementaria.

Los antecedentes sobre los aspectos reproductivos de *B. australis* indican que es una especie con desove parcial con su máximo de actividad reproductiva de abril a junio (Pavez et al. 1998). La talla media de madurez es de 35 cm de longitud de horquilla (Pavlov, 1991)

8. Secuencias:

En Genbank no hay secuencias disponibles para esta especie. Existen 7 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode.

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias

Debido a la creciente importancia extractiva que adquiere esta especie en el transcurso de los años y a la poca información existente sobre ella, surge la necesidad de desarrollar estudios genéticos y biológico-pesqueros fundamentales para establecer medidas regulatorias sobre la pesca de esta especie y así obtener un desarrollo sustentable de ésta. Un requisito primario en el ordenamiento pesquero es la identificación de unidades de stock.

REFERENCIAS GENETICA

Espinoza P. (2001) Análisis isoenzimático en la especie *Brama australis* (Valenciennes, 1836) (Pisces, perciformes, Bramidae) en la zona centro-sur Chile. Seminario de titulo para optar al titulo de Biólogo Marino. Universidad de Concepción.

Espinoza P, R Galleguillos y S Astete (2002) Análisis isoenzimático en *Brama australis* Valenciennes 1837 (Pisces, Perciformes, Bramide) en la zona centro– sur de Chile. Gayana 66 (2): 237-242.

Leal-González C, Ferrada S y R Galleguillos (2005) Caracterización genética de la población de *Brama australis* Valenciennes 1836 (Pisces, Perciformes, Bramidae) de la costa chilena, inferido mediante análisis de ADN nuclear y mitocondrial". Proyecto DIUC 203.112.089-1.0.

Leal C, Ferrada S y R Galleguillos R (2006) Análisis poblacional del recurso *Brama australis* en las costas chilenas mediante amplificación del segmento 5s y RAPD. XXVI Congreso Ciencias

del Mar. 22-26 de mayo de 2006. Iquique. (http://www.unap.cl/p4_csmar/site/artic/20060425/pags/20060425173050.html)

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Sujeevan Ratnasingham Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph. http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIAS

Cerda R, Cifuentes A y T Melo (1999) Aspectos comparativos de la captura y de la vida útil en estado fresco de la reineta y merluza común y evaluación económica de alternativas de procesamiento de productos para consumo humano. Proyecto DGI 223-779/98. Estud. y doc. 01/99. Universidad Católica de Valparaíso, Chile. 178 pp.

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Lorenzen S, Gallardo C, Jara C, Clasing E, Pequeño G y C Moreno (1979) Mariscos y peces de importancia comercial en el Sur de Chile. (Ed.), Univ. Austral de Chile, Valdivia, 131 pp.

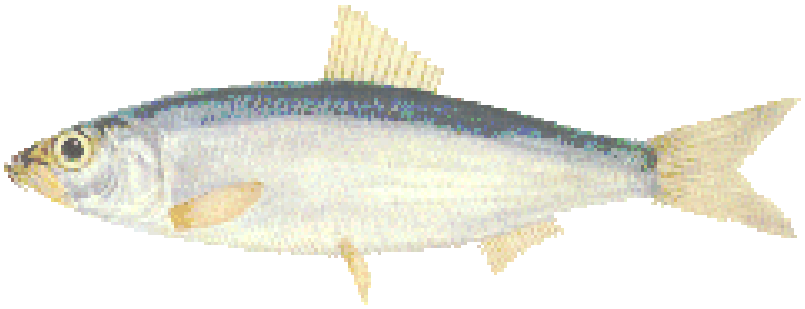
Martins C, Oliveira C, Waskoa AP & JM Wright (2004) Physical mapping of the Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) genome by fluorescent in situ hybridization of repetitive DNAs to metaphase chromosomes—a review. Aquaculture 231, 37-49.

Muñoz G, Cortés N, Arriaza M y C Oyarzún (1995) Alimentación de una especie poco conocida, *Brama australis*, en la costa centro sur de Chile. Rev. Bio. Pes. 24: 51-55.

Oyarzun, C. (2001).”Catalogo de los peces presentes en el sistema de corrientes de Humboldt frente a Chile centro sur. Universidad de Concepción. Departamento de Oceanógrafia. Sección Pesquerías. Concepción.106 pp.

Pavez P, Cerisola H, González C & C Hurtado (1998) Análisis y evaluación de la pesquería de la reineta (*Brama australis*) en el litoral de la V Región. Informe Final Proyecto FIP 96-26: 125 pp.

Pavlov YP (1991) Information on morphometric and ecology of pomfret of the genus *Brama* inhabiting the southeastern Pacific Ocean. J. Ichthyol., 31(2): 120-124.



1. **Nombre científico** (común) S*trangomera bentincki,* (Norman, 1936) *(sardina, Sardina araucana).* (www.fishbase.org)

2. **Distribución.**

La sardina común se distribuye desde el norte de Coquimbo (29°S) hasta Puerto Montt (42°S), En la zona centro-sur, habitan zonas cercanas a la costa, donde la productividad biológica es generalmente alta debido a eventos de surgencia, frecuentes entre septiembre y marzo (Arcos, 1987; Cubillos et al. 2001, 2002).

3. **Biología/ historia de vida**.

La sardina común (*Strangomera bentincki*), constituye una de las principales especies pelágicas pequeñas en la zona centro-sur de Chile. La captura promedio anual de estos recursos entre 1991 y 2005 fue de 342.000 ton.

4. **Objetivos genéticos**.

Identificación de stock para las poblaciones del recurso presentes en aguas Chilenas.

5. **Marcadores genéticos.**

Mediante un proyecto (Galleguillos R. 1993), se realizaron análisis genéticos, merísticos y morfométricos, mediante electroforesis de proteínas se estudio la variación para las localidades de San Antonio, Talcahuano y Calbuco.

La sardina común a pesar de ser una importante especie recurso de la costa chilena carece de estudios genéticos poblacionales en base a secuencias de ADN.

6. **Principales resultados**.

En marco de un proyecto FIP (Galleguillos et al. 1994) Se detectaron, seis enzimas polimórficas (PGM-1, PGI-1, AAT-1, IDH-1, IDH-2, 6PGDH), para cada uno de ellos se determinaron las frecuencias génicas y genotípicas, donde se observa que las frecuencias génicas de los alelos presentan rangos de variabilidad para diferentes muestras que son típicas en el estudio de análisis poblacional. Además se estableció la heterocigosidad para cada muestra que fluctuó entre 0.197 y 0.240 para Talcahuano y de 0.182 a 0.186 en San Antonio. Se aplicó el test F_{ST} con un rango de valores entre 0.004 y 0.011, valores no significativos para diferenciar muestras entre ambas localidades, la matriz de identidad y distancia génica todos los valores son cercanos a 1, lo que indica una alta similitud genética al comparar todos los loci juntos.
Monsalve et al. (1994) mediante 21 caracteres morfométricos y 6 merísticos concluye que existen diferentes grupos poblacionales a lo largo de su distribución, presentando Puerto Montt una marcada identidad local y siendo Talcahuano una zona de transición, por cuanto presenta en general un alto grado de sobreposición morfológica con San Antonio (Oyarzun et al. 1995).
Posteriormente Galleguillos et al. (1997), utilizando 5 loci polimórficos aloenzimáticos (PGM-1, PGI-1, AAT-1, IDH-1 y 6PGDH) en tres diferentes sitios (San Antonio, Talcahuano, Puerto Montt) no encontraron diferencias entre los datos analizados, mostraron valores F_{ST} de 0.029 a 0.006, indicando una alta homogeneidad genética.

7. Información complementaria.

Según Galleguillos ,1994 en la comparación de la morfometría de los otolitos sagitales mediante la metodología de tramado en red, presentó diferencias significativas entre Talcahuano y San Antonio, posiblemente como una respuesta a diferentes factores ambientales presentes en ambas localidades. En concordancia con ello las relaciones del otolito con talla de los peces, provenientes de ambas localidades también mostró diferencias significativas. En cuanto a la morfometría corporal, el análisis MANOVA encontró que existían diferencias significativas entre las dos localidades en tres muestreos. La fauna parasitaria encontrada correspondió a diez taxa, con dos de ellas, *Prosorhynchus* sp y *Hemiuridae*, presentando una

prevalencia de infección sobre el 5 %. Mediante un análisis de componentes principales se observó que la variabilidad en San Antonio engloba la variabilidad presentada por las muestras de Talcahuano, presentándose como un ausencia de subunidades o stock en el área de estudio. Cortes et al. (1996) estudió la estructuración poblacional sobre un conjunto de 21 caracteres morfométricos y 6 merísticos, las muestras analizadas provenían de San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Se identificó los caracteres morfométricos merísticos que explican la diferenciación entre las localidades en estudio, analizándose su variación temporal y por grupos de edad. Los resultados indican la existencia de al menos dos unidades de stock.

8. Secuencias:

La única secuencia disponible en GenBank para la especie corresponde a un segmento del gen mitocondrial Citocromo b de 103 pares de bases (AY394050), obtenido por Jerome et al. (2003) con fines de trazabilidad. No existen secuencias de Citocromo Oxidasa I en el Fish Barcode. http://www.boldsystems.org/views/login.php

9. Investigaciones Prioritarias:

Es necesario comenzar a orientar las investigaciones destinadas a reconstruir y fortalecer la estructura poblacional de la sardina común, por la baja presencia de fracción adulta, más aún si se considera que la mayor parte de las capturas corresponde a individuos reclutas. En la zona centro-sur las investigaciones previas se han focalizado al análisis de cambios de abundancia y relaciones entre factores ambientales con el reclutamiento, pero no se ha profundizado en estudios orientados a comprender la dinámica poblacional y el efecto de la estructura poblacional en los cambios de abundancia. La reciente situación de bajos niveles de biomasa desovante de sardina común, podría conducir a una frágil condición del stock por sobrepesca, como señala Cubillos et al. (2002), determinando que la sardina común esté en serio riesgo de sobrepesca por las tendencias crecientes del esfuerzo que no logra ser compensada por la productividad del stock.

REFERENCIAS GENÉTICA

Galleguillos R. 1993-1994. La Sardina Común *Strangomera bentincki*, especie endémica de las costas de Chile, ¿Es una unidad pancmíctica?. Proyecto FONDECYT 193427

Galleguillos R., Chong J., Oyarzún C., Oliva M. & Roa R. 1994. Unidades de stock en los recursos sardina común y anchoveta de la zona centro-sur FIP Nº 94-20. 123pp

Galleguillos, R; L. Troncoso, J. Monsalve & C. Oyarzun. 1997. Diferenciación poblacional en la sardina chilena *Strangomera bentincki* (Pisces: Clupeidae). Revista Chilena de Historia Natural. 70: 351 – 361.

Jérôme, M., Lemaire, C., Verrez-Bagnis, V. and Etienne, M. 2003. Direct sequencing method for species identification of canned sardine and sardine-type products. J. Agric. Food Chem., 51, 7326-7332

National Center for Biotechnology Information. http://www.ncbi.nlm.nih.gov

Monsalve J., Cerda F. & Galleguillos R. 1994. Variabilidad genética latitudinal e interpoblacional en la sardina común *Strangomera bentinki.* (NORMAN, 1936). XIV Jornadas de Ciencias del Mar/ I Jornada de Salmonicultura.

Sujeevan Ratna singham, Paul D.N. Hebert Barcode Of Life Data Systems University of Guelph. http://www.boldsystems.org/views/login.php

OTRAS REFERENCIAS

Arcos DF (1987) Seasonal and short time scale variability in copepod abundance and species composition in an upwelling area off Concepción coast, Chile. Ph.D. Thesis. State University of New York, Stony Brook, 203 pp.

Cortes N, Oyarzún C y R Galleguillos (1996) Diferenciación poblacional en Sardina Común *Strangomera bentincki (*Norman, 1936). II: Análisis Multivariado de la Morfometría y Merística. Rev. Biol. Valparaíso, 31(2):91-105.

Cubillos LA, Arcos D, Canales M & D Bucarey (2001) Seasonal growth of small pelagic fish off Talcahuano (37°S–73°W), Chile: a consequence of their reproductive strategy to seasonal upwelling? Aquat. Living Resour., 14: 115-124.

Cubillos LA & DF Arcos (2002) Recruitment of common sardine (*Strangomera bentincki*) and anchovy (*Engraulis ringens*) off central-south Chile in the 1990s and the impact of the 1997–1998 El Niño. Aquat. Living Resour., 15: 87-94.

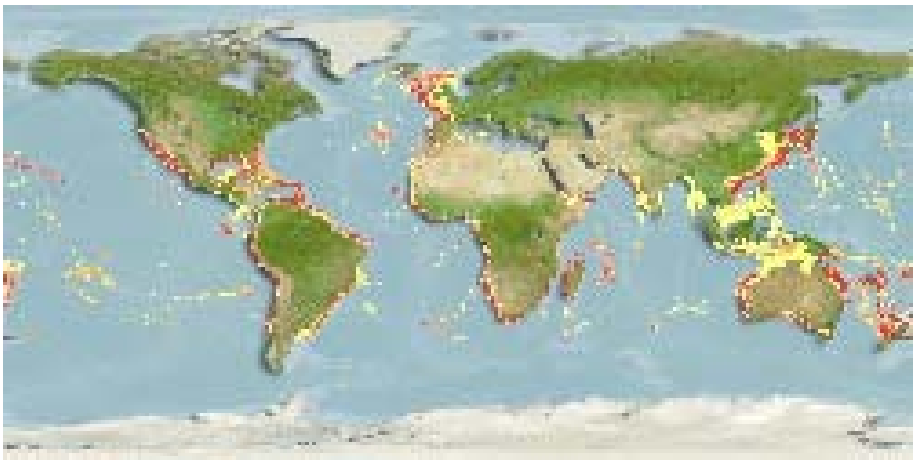
Cubillos LA, Bucarey D & M Canales (2002) Monthly abundance estimation for common sardine *Strangomera bentincki* and anchovy *Engraulis ringens* in the central-southern area off Chile (34-40°S). Fish. Res., 57: 117-130.

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Oyarzún C, Cortez N & R Galleguillos R (1995). Determinación de Stock de la sardina común, *Strangomera bentinki* (NORMAN, 1936), mediante análisis multivariado de variables morfométricas y merísticas. XV Jornadas de Ciencias del Mar.

1. **Nombre científico** (común) *Beryx splendens* (Lowe, 1834)
(splendid alfonsino, alfonsino, besugo americano, fula de altura). (www.fishbase.org)

2. **Distribución** Esta especie se encuentra ampliamente distribuida por todos los mares templados y tropicales del océano mundial.
En el Pacífico oriental: En las islas Hawai y en la región de Valparaíso (Chile), asociada a los montes submarinos ubicados en el Archipiélago de Juan Fernández, en las zonas de Bajo O´Higgins y Punta Sierra. También se encuentra, en menor densidad, en la zona continental desde la IV a la XII Región, informándose también registros al NW de la Isla San Félix.
En el Pacífico occidental: En el mar de Japón, islas Marianas y Carolinas, Nueva Zelanda y Australia meridional.
En el Índico: En la costa de Omán, costa suroccidental de la India y alrededor de Madagascar y las islas Seychelles.
En el Atlántico occidental: Desde el golfo de Maine hasta el golfo de México, y entre Río de Janeiro (Brasil) y Montevideo (Uruguay).
En el Atlántico oriental: Desde Islandia, las Islas Británicas y Noruega hasta Sudáfrica, incluidas las islas Azores, Madeira, Canarias, Santa Elena y Tristán da Cunha (Nielsen, 1973; Molloy & Minchin, 1980; Maul, 1981, 1984, 1990; Busakhin, 1982; Ivanin, 1987; Anón, 1995).
También se localiza en el Mediterráneo italiano (Orsi et al. 1995).



3. **Biología/ historia de vida**.

Peces bentopelágicos de colores anaranjados o rojizos que habitan las plataformas continentales, vive muy cerca del fondo, normalmente sólo hasta 20 m por encima del mismo, sobre sustratos rocosos o rocoso-arenosos, en aguas del talud superior entre 200 y 1240 m. Los individuos son gregarios, pudiendo formar bancos de 10-50 m de altura por encima de las montañas submarinas (Maul, 1981; Anón, 1995).

Constituye la especie objetivo de una de las pesquerías tradicionales que inciden sobre peces de aguas profundas, y se captura entre 500 y 800 m de profundidad con aparejos de anzuelo, generalmente líneas de mano, carretes eléctricos y palangres verticales (Rico et al. 2001)

En Chile, el recurso alfonsino se encuentra declarado en estado y régimen de plena explotación desde 2004, no estando sujeto a la medida de Límite Máximo de Captura por Armador.

4. **Objetivos genéticos**.

Determinar la variabilidad genética mostrada por las poblaciones del alfonsino *Beryx splendens* en los archipiélagos Macaronesian (Islas Canarias, Madera y Azores)

5. **Marcadores genéticos.**

Se analizaron polimorfismos de tres regiones del ADN mitocondrial, Citocromo b, rRNA 16 y la región control (Schönhuth et al. 2005) para determinar la variabilidad genética entre las poblaciones de los archipiélagos de Macaronesian (Islas canarias, Madera y Azores).
El amplificado para el citocromo b fue de 402 pb con los primer H15149 (Kocher *et al*., 1989) y L14722 (Álvarez et al. 2000). De 570 pb es el fragmento de rRNA 16S usando los primer 16 SAR y 16 sbr (Kessing BD, 1989). La región control es de aproximadamente de 400 pb con los primer K y E (Lee et al. 1995)

6. **Principales resultados**

Sólo dos substituciones nucleotídicas en la región rRNA 16S y una en la región control, sirve para identificar las poblaciones Azores mientras que una substitución del citocromo b es suficiente para distinguir a los individuos de la Costa de Madera. Los individuos de las Islas Canarias pueden ser diferenciados con una enzima de restricción (Sau3AI) en la región control. Pese a que en la hipótesis del trabajo se sugiere homogeneidad génica, fueron detectados haplotipos discriminatorios en los tres fragmentos mitocondriales, a pesar de la cercanía geográfica de los archipiélagos, estas diferencias fueron apoyadas por datos biométricos.
Las diferencias entre las poblaciones de los tres archipiélagos, sugiere un limite del flujo génico entre ellos.

7. **Información complementaria**.

Existen numerosos estudios en torno a esta especie, enfocados principalmente a la determinación de edad y tasas de crecimiento (Taniuchi et al. 2004; Rico, et al. 2001 Adachi et al. 2000; Lehodey & Grandperrin, 1996; Massey & Horn, 1990; Shibata, 1983; Leon y Malkov, 1979). Además existen antecedentes de contenido estomacal (Dürr & González, 2002; Dubochkin & Kotlyar, 1989).

8. **Secuencias:**

En Genbank hay 76 secuencias disponibles: Genes ribosomales; 28S, 16S y 12S del ADN mitocondrial, Principalmente Citocromo b.(www.ncbi) No se encuentra registrado en el Fishbarcoding. (www.boldsystems.org)

Estudios filogenéticos:

*Génétique des populations de Beryx mollis et B. splendens. (*Borsa P., 2005)

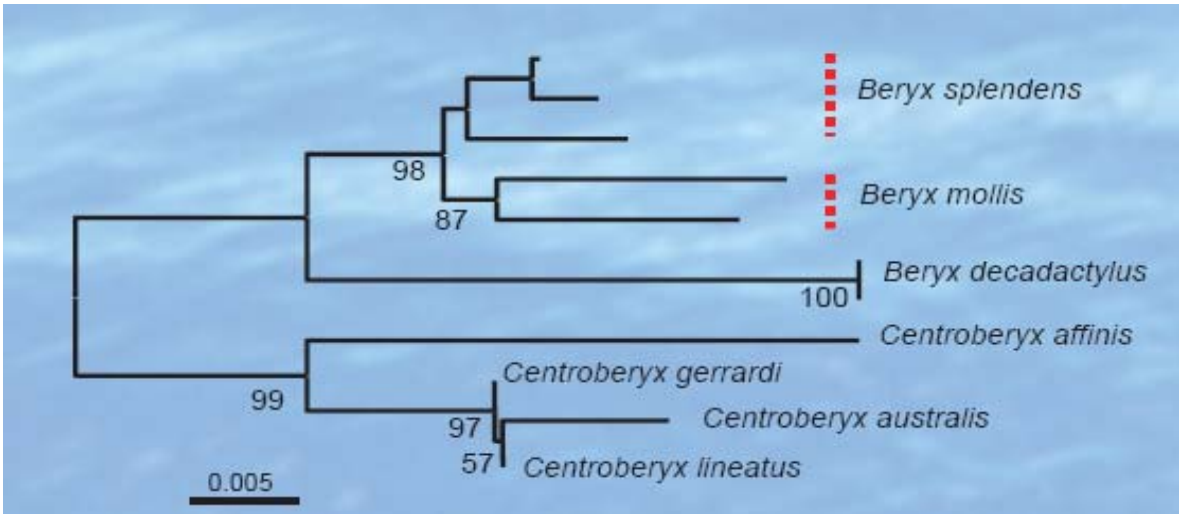


Fig. 2 *Beryx* **spp. Arbre phylogénétique (Neighbor-Joining, modèle de Kimura à 2 paramètres) des séquences de l'intron 1 du gène de l'aldolase-***B*

9. Investigaciones Prioritarias:

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: identificación de stock en la costa chilena, desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos derivados, etc.

REFERENCIAS GENETICAS

Alvarez Y, Mateo JA, Andreu AC, Díaz-Paniagua C, Diez A & JM Bautista (2000) Mitochondrial DNA haplotyping of *Testudo graeca* on both continental sides of the straits of gibraltar. J. Hered. 91 (1), 39–41.

Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SW, Paavo S, Villafranca FX & AC Wilson (1989) Dynamics of mitochondrial-DNA evolution in animals–amplification and sequencing with conserved primers. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 86, 6196–6200.

Kessing BD, Croom H, Martin AP, McIntosh C, McMillan WO, Palumbi SR. 1989. The simple fool's guide to PCR. Department of Zoology, UH Publication, vers. 1

Lee WJ, Conroy J, Howell WH & TD Kocher (1995) Structure and Evolution of teleost mitochondrial control regions. J. Mol. Evol. 41, 54–66.

National Center for Biotechnology Information. http://www.ncbi.nlm.nih.gov

Schönhuth S, Alvarez Y, Rico V, González J, Santana J, Gouveia E, Lorenzo J & J Bautista (2005) Molecular identification and biometric analysis of Macaronesian archipelago stocks of *Beryx splendens.* Fisheries Research 73: 299–309.

Sujeevan Ratnasingham & Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph. http://www.boldsystems.org/views/login.php

OTRAS REFERENCIAS

Adachi K, Takagi K, Tanaka E, Yamada S & T Kitakado (2000) Age and growth of alfonsino *Beryx splendens* in the waters around the Izu Islands. Fish. Sci. 66:232-240.

Anón (1995) Report of the Study Group on the biology and assessment of deep-sea fisheries resources. *ICES* C.M. 1995/Assess 4: 91 pp.

Busakhin SV (1982) Systematics and distribution of the Family Berycidae (Osteichthyes) in the World Ocean. *Journal of Ichthyology* 22 (6): 1-21

Dubochkin AS & AN Kotlyar (1989) On the feeding of alfoncino (*Beryx splendens*). J. Ichthyol. 29(5):1-8.

Dürr J & JA González (2002) Feeding habits of Beryx splendens and *Beryx decadactylus* (Berycidae) off the Canary Islands. Fisheries Research, 54(3): 363-374.

Eschmeyer WN (2003) Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Ivanin, N. A. 1987. On the discovery of a juvenile Beryx- Alfonsino, *Beryx splendens*, in the region of the North Australian Trough of the Indian Ocean. *Journal of Ichthyology* 27 (3): 171-172.

Lehodey P & R Grandperrin (1996) Age and growth of the alfonsino *Beryx splendens* over the seamounts off New Caledonia. Mar. Biol. 125:249-258.

Leon ME y A Malkov (1979) Estudio preliminar de la edad y crecimiento del *Beryx splendens* Lowe del Atlántico Centro-Occidental. Rev. Cub. Inv. Pesq., (4):62-73.

Massey BR and PL Horn (1990) Growth and age structure of alfonsino (*Beryx splendens*) from the lower east coast, North Island, New Zealand. N.Z. J. Mar. Freshwat. Res. 24(1):121-136.

Maul GE (1981). Berycidae. En: Fiches FAO d'identification des espèces pour les besoins de la pêche. Atlantique centre-est. Zones de pêche 34, 47 (en partie). W. Fischer, G. Bianchi y W. B. Scott (eds.). Vol. I: 6 pp. Canada Fonds Dépôt-FAO. Ottawa.

Maul, G. E. 1984. Berycidae. En: *Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean*. P. J. P. Whitehead *et al*. (eds.) vol. II: 740-742. Unesco. París.

Maul GE (1990) Berycidae. En: Check-list of the fishes of the Eastern Tropical Atlantic. J. C. Quéro et al. (eds.) vol. II: 626. JNICT. Lisboa; SEI. París; Unesco. París.

Molloy J y D Minchin (1980) The first record of *Beryx splendens* in Irish waters. *Nature Journal* 20 (3): 108

Nielsen J (1973) Berycidae. En: Check-list of the fishes of the north-eastern Atlantic and of the Mediterranean. J. C. Hureau y T. Monod (eds.). Vol. I: 337. Unesco. París.

Orsi Relini L, Garibaldi F, Cima C & G Palandri (1995) Feeding of the swordfish, the bluefin and other pelagic nekton in the western Ligurian Sea.SCRS/92/91 ICCAT 44, 283-286.

Borsa P (2005) Génétique des populations de *Beryx mollis* et *B. splendens*. Institut de Recherche pour le Développement, Galice HOARAU. Rijksuniversiteit Groningen.

Rico V, Lorenzo JM, González JA, Krug HM, Mendonça A, Gouveia E & MA Dias (2001) Age and growth of the alfonsino *Beryx splendens* Lowe, 1834 from the Macronesian archipelagos. Fish. Res. 49(3):233-240.

Shibata K (1983) The alfonsino, *Beryx splendens*, in Boso waters. I. Age and growth. Bull. Chiba Pref. Fish. Exp. Stn. 41:55-57.

Taniuchi T, Kanaya T, Uwabe S, Kojima T, Akimoto S & I Mitani (2004) Age and growth of alfonsino *Beryx splendens from the Kanto District*, central Japan, based on growth increments on otoliths. Fish. s.f. 70(5):845-851.

1. **Nombre científico** (común) *Genypterus maculatus* (Shneider, 1848) (Congrio negro, Black ling, Black cusk-eel). (www.fishbase.org)

2. **Distribución.**

La especie *Genypterus maculatus* es un pez que habita principalmente en cuerpos de aguas asociadas a la costa. La distribución geográfica de la especie en Chile va desde Arica por el norte (18º25'S) hasta Archipiélago de los Chonos por el Sur (47º75'S) a profundidades que generalmente oscilan entre lo 20 y 150 metros en la zona norte y centro del país y desde Chiloé al sur se encuentra desde la zona intermareal a los 100 metros de profundidad.

3. **Biología/ historia de vida**.

Peces de cuerpo alargado y comprimido hacia la región posterior, donde termina en punta. Dorso, cuerpo y cabeza negros con pintas blancas; lados del cuerpo café homogéneo con líneas blancas irregulares zig-zageantes, como jeroglíficos, que corren de anterior a posterior; vientre rojo anaranjado con algunas estrías blancas; aleta pectoral café oscuro, con el borde superior e inferior rojo; los labios, mandíbula superior e inferior rojos. La altura del cuerpo a nivel del inicio de la aleta anal cabe de 6.0 a 7.5 veces en la longitud total.

Tascheri et al. (2001) en el marco de un proyecto FIP determino que la longitud asintótica tomó un valor de 96,1 cm LT y 101, 2 cm LT para machos y hembras respectivamente, con tasas de crecimiento de 0,11 año-1 en ambos sexos.

4. **Objetivos genéticos**.

Caracterizar genéticamente *Genypterus maculatus* que frecuenta la zona costera de la octava región, que permita cuantificar la variación existente y relacionarla con procesos de surgencia, detectar stocks y deducir el estado de equilibrio genético de la población en estudio (Alay et al. 1993)

5. **Marcadores genéticos.**

Se analizaron diez enzimas: Sorbitol deshidrogenasa (sdh-1, sdh-2), lactato deshidrogenasa (ldh-1), malato deshidrogenasa (Mdh-1, Mdh-2), enzima málica (Me-1, Me-2), isocitrato deshidrogenasa (Idh-1,Idh-2), fosfogluconato-6-deshidrogenasa (Pgdh-1), α-glicerol-3-fosfato deshidrogenada (αGpdh-1), fosfogluco-mutasa (Pgm-1), esterasas (Est-1, Est-2, Est-3, Est-4) y fosfoglucosa isomerasa (Pgi-1,Pgi-2).

6. **Principales resultados**.

En los diez sistemas isoenzimaticos estudiados, se postuló un total de 17 loci de los cuales son monomórficos Est-1,Idh-1, Idh-2, Me-2, Mdh-1, Mdh-2, Pgdh-1, Pgi-1 y Sdh-2. los loci polimórficos son Est-3, Est-3, Pgi-2, Me-1, Pgm-1, (αGpdh-1 y Sdh-1 para el criterio de $P \leq 0.95$, es decir, la frecuencia del alelo mas común para el locus tiene una frecuencia no superior a 0.95 (Ayala & Coger 1984); en tanto que Ldh-1 resultó ser polimórfica para el criterio de ≤ 0.99 y el alelo menos frecuente para este locus, solo fue registrado en muestras de no surgencia. Est-4 no fue considerada por su inconstante aparición.

La heterocigosidad promedio fluctúa débilmente en el año excepto en noviembre de 1990, donde se observa un descenso. La tendencia promedio de las frecuencias génicas, para los cuatro loci en todo el período de muestreo pareciera indicar que existe una dinámica poblacional que está produciendo fluctuaciones de los valores de estas frecuencias, haciendo sospechar la existencia de dos grupos dentro de la población en función de la surgencia y no surgencia.

7. **Información complementaria**.

Los únicos antecedentes disponibles para la especie están basados en un estudio realizado por Andrade & Matamala (1984) quienes señalan que el congrio negro presenta un período de máxima actividad gonádica durante los meses de diciembre-enero para luego entrar en regresión y comenzar nuevamente con el proceso de vitelogénesis y maduración durante los meses de mayo y junio.

8. Secuencias:

En Genbank no hay secuencias disponibles de *Genypterus maculatus*. (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). En el Fish Barcode hay 6 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I. (http://www.boldsystems.org/views/login.php)

9. Estudios filogenéticos:

Relaciones filogenéticas entre especies del género *Genypterus* presentes en chile mediante secuenciación del Citocromo Oxidasa I (COI) bajo el marco del proyecto Fishbarcode. (Canales-Aguirre, 2007)

10. Investigaciones Prioritarias:

Antecedentes Reproductivos**:** Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: identificación de stock en la costa chilena, desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos derivados, marcadores moleculares ligados al sexo, etc.
Alimentación: Los estudios de los contenidos estomacales han mostrado un gran número de itemes presas que componen la dieta de esta especie. Sin embargo, pese a la gran diversidad de presas, en términos de importancia, esta especie muestra claras preferencias alimentaria por crustáceos de pequeño tamaño entre los cuales destacan los zapateadores (*Pterygosquilla*

armata), el langostino colorado (*Pleuroncodes monodon*), mysidáceos y eufausidos. Entre los peces destaca la presencia de sardinas y anchovetas así como el mote o la cochinilla, y en menor proporción calamares.

REFERENCIA GENETICA

Alay F, Gonzalez F y J Cabello (1993) Variabilidad genética en *Genypterus maculatus* (TSCHUDI, 1846) (PISCES, OPHIDIFORMES). Rev. Biol. Mar., Valparaíso, 28(2):301-312.

Canales-Aguirre C, Ferrada S, Encina M, Galleguillos R y CE Hernández (2007) Relaciones filogenéticas entre especies del género *Genypterus* presentes en chile mediante secuenciación del citocromo oxidasa I (COI) bajo el marco del proyecto fishbarcode. *Biol Res* 40(Suppl A):R207, 2007

Eschmeyer, W.N. (2003). Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March 2003. www.fishbase.org

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Sujeevan Ratnasingham Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIAS

Andrade, G. y T. Matamala. 1984. Microscopia cuantitativa y madurez sexual del congrio negro, ***Genypterus maculatus*** (Tschudi, 1846). Seminario para optar al título de profesor de Estado en Biología y Ciencias Naturales. Pontificia Universidad Católica de Chile. Depto. Biología y Tecnología del Mar. 31 p.

Ayala FJ & JA Kiger (1994) Genética Moderna. Fondo Educativo Interamericano. Ed. Omega. Barcelona. 836pp.

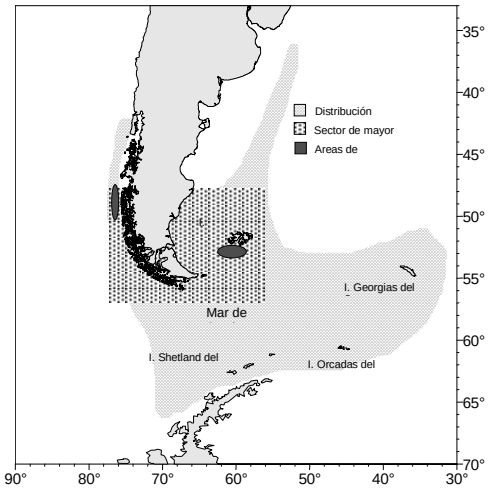
Eschmeyer WN (2003) Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Tascheri R, Sateler J, Merino J, Eduardo E, Ojeda V y M Montecinos (2001) Estudio biológico-pesquero congrio colorado, congrio negro y congrio dorado en la zona centro-sur. FIP 2001-15.

1. <u>Nombre científico</u> (común) *Micromesistius australis* (Norman, 1937) (Polaca austral, merluza de tres aletas, Southern blue whiting, Merlan bleu austral). (www.fishbase.org).

2. <u>Distribución</u>.

La especie se distribuye a ambos lados del extremo austral de Sudamérica y en el Mar de Escocia, alrededor de las islas Georgias, Shetland y Orcadas del Sur. También está presente en áreas de plataforma al sur de Nueva Zelanda, hasta las Islas Campbell y Auckland aunque aparentemente estos dos núcleos de distribución permanecerían aislados, Shpack (1978) mencionó la existencia de la especie en un área intermedia del Pacífico sur, el Mar de Bellingshausen. En Chile Golfo de Penas (47°S) hasta los 51°S.



3. **Biología / historia de vida**.

Distribución batimétrica entre 100 y 300 m de profundidad, asociado al borde del talud continental. Distancia media de la costa de 5 a 20 millas en paralelo a las líneas de base recta. La especie presenta una marcada tendencia a permanecer agrupada en cardúmenes, cuyo tamaño, densidad y posición en la columna de agua es variable, aunque por lo general se asocian al borde de la plataforma e inicio del talud. Su movilidad es bastante alta, tanto en sentido horizontal como vertical, dispersándose en mayor medida durante las horas nocturnas y concentrándose durante el día, realizando las denominadas migraciones verticales diurnas.

4. Objetivos genéticos.

Determinar relaciones genéticas entre poblaciones de *Micromesistius australis* en poblaciones del Atlántico y del Pacífico.

5. Marcadores genéticos.

Se aplicaron marcadores microsatélite, desarrollados para la *M. poutassou* (Moran et al. 1999) y *Merlangius merlangus* (Rico et al. 1997), y un marcador minisatélite (McGregor *et al*. 1996) para probar las relaciones genéticas entre las poblaciones del Atlántico y del Pacífico de *M. australis*.

En cuanto a la especie *M. australis* estudios a nivel del ADN mitocondrial son escasos, existiendo sólo un trabajo orientado al desarrollo de marcadores moleculares para la trazabilidad de productos pesqueros derivados de la merluza de tres aletas, con el análisis del segmento Citocromo b (Akasaki et al, 2006), no existiendo estudios genéticos poblacionales de la especie basados en ADN mitocondrial.

6. Principales resultados.

Para *Micromesistitus australis*, no hay marcadores moleculares tipo microsatélites especie–específico. Ryan *et al*. (2002), aplicaron en la especie 6 parejas de partidores heterólogos para microsatélites desarrollados para *Micromesistius poutassou* (McGregor et al. 1996; Moran et al.

1999) y *Merlangius merlangius* (Rico et al. 1997) reportando en el análisis de estructura genética, que las poblaciones de *M. australis* de aguas de Nueva Zelanda e Islas Malvinas muestreadas correspondían a unidades reproductivas independientes.

7. Información complementaria.

No existe claridad sobre la presencia de áreas de reclutamiento en Chile, toda vez que la pesquería se concentra de manera exclusiva sobre el stock adulto en época de desove. Por otra parte, las mayores concentraciones de juveniles se encuentran entre los 48° y 54° S, al oeste de las Islas Malvinas, zona que se considera como el área de crianza en el Atlántico (Perrotta, 1982).

8. Secuencias.

En Genbank hay 2 secuencias disponibles: Del gen Citocromo b (AB248666). (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Existen 30 secuencias del gen Citocromo Oxidasa I, en el Fish Barcode. (http://www.boldsystems.org/views/login.php).

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias:

Algunos de los estudios prioritarios que potencialmente pueden ser resueltos a través de la incorporación de métodos genéticos son: identificación de stock en la costa chilena, marcadores moleculares ligados al sexo, etc.

REFERENCIA GENETICA

Akasaki T, Yanagimoto T, Yamakami K, Tomonaga H & S Sato (2006) Species Identification and PCR-RFLP Analysis of Cytochrome b Gene in Cod Fish (Order Gadiformes) Products. Journal of Food Science, 71 (3): 190.

Mc Gregor D, Calvin P, Sadusky T & T Cross (1996) PCR amplification of a polymorphic minisatellite VNTR locus in whiting (*Merlangius marlangius* L.). Animal Genetics, 27: 49-51.

Moran P, Ryan A, Rico C & G Hewitt (1999) Four microsatellite loci in the gadoid fish, blue whiting *Micromesistius poutassou* (Risso, 1826). Animal Genetics, 30: 463-464.

National Center for Biotechnology Information. NCBI. http://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Rico C, Ibrahim KM, Rico I & GM Hewitt (1997) Stock composition in North Atlantic populations of whiting using microsatellite markers. Journal of Fish Biology 51 (3) , 462–475

Ryan A, Smith P & J Mork (2002) Genetic differentiation between the New Zealand and Falkland Islads populations of southern blue whiting *Micromesistius australis*. New Zealand. Journal of Marine and Freshwater Research, 36: 637-643.

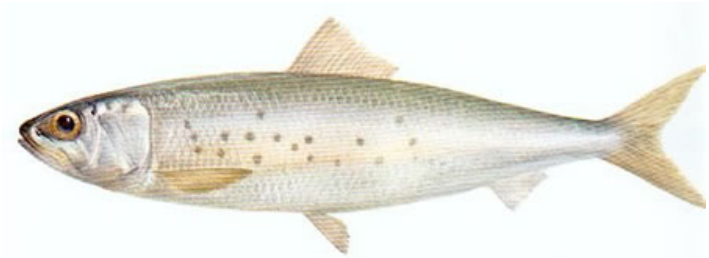
Sujeevan Ratnasingham, Paul D.N. Hebert. Barcode Of Life Data Systems. University of Guelph. http://www.boldsystems.org/views/login.php.

OTRAS REFERENCIAS

Eschmeyer WN (2003) Catalog of fishes. Catalog databases as made available to FishBase in March 2003. World Wide Web electronic publication. Updated database version of March www.fishbase.org

Perrota R (1982) Distribución y estructura poblacional de la polaca (*Micromesistius australis*). Rev. Inv. Des. Pesq., INIDEP, 3:35-50.

Shpack VM (1978) The results of biological investigations of the southern putassu, *Micromesistius australis*, on the New Zealand plateau and perspectives of its fishery. Unpublished manuscript translated from Russian. (Available from Fisheries Research Division Library, M.A.F., Box 19062, Wellington, N.Z.).



1. **Nombre científico** (común): *Sardinops sagax*, (Girard, 1845) (Sardina española, Pilchard).

2. **Distribución.**

La sardina española, se distribuye en casi toda la costa occidental de Sudamérica: desde el Golfo de Guayaquil, pasando por las Islas Galápagos en Ecuador y las costas de Perú y Chile. En el territorio nacional, se distribuye desde Arica (18°20’ LS) hasta el sur de Chiloé (44°00' LS), longitudinalmente se extiende desde el litoral, hasta sobrepasar los 150 m. Batimétricamente se ha encontrado hasta los 250 m, aunque, usualmente habita en la capa superficial, siendo capturada a profundidades de aproximadamente 40 m. Realiza desplazamientos nocturnos a la superficie, como consecuencia de una migración nictiemeral.

3. **Biología/ historia de vida**.

Es una especie de hábito pelágico, forma grandes cardúmenes y en ocasiones, se encuentra asociado con los recursos caballa, jurel y bonito. A diferencia de la anchoveta, es un pez de mayor tamaño y de vida mas larga, con una longevidad de 10 a 12 años y una talla de primera madurez sexual equivalente a 26 cm. Presenta una reproducción ovípara, con fertilización externa y desove secuencial. El período principal de actividad reproductiva ocurre entre julio y octubre, con un pulso secundario entre enero y marzo.

4. **Objetivos genéticos**.

Determinar marcadores genéticos poblacionales, en la sardina española, en la zona norte, centro y sur de Chile (Galleguillos, 1984).

5. **Marcadores genéticos.**

Para determinar los marcadores genéticos se utilizó técnicas de electroforesis de proteínas.

6. **Principales resultados**.

Por medio de los caracteres electroforéticos, se analizaron un total de veinte enzimas, donde se obtuvieron 38 loci, seis de los cuales resultaron polimórficos.

7. **Información complementaria**.

La abundancia se estimo en 663.510 t entre Arica y Coquimbo (I a IV Regiones). De dicho total, 629.850 t se registraron entre Arica y Caldera con una densidad promedio de 11.7 t/m², de los cuales 462.100 t (73%) se registraron entre Arica y Punta Amarilla. El saldo de 33.660 t, se registraron entre Caldera y Coquimbo, con una densidad promedio de 2.3 t/m^2 (Tabla I). La sardina española presentó una distribución que se caracterizó por su alto grado de agregación, observándose los mayores índices de densidad entre Punta Amarilla y Caldera, el cual alcanzó a 325.9 t/m². (FIP-93-01).

8. Secuencias:

En Genbank hay 25 secuencias disponibles: Genes ribosomales, Citocromo b, región control y microsatélites.

Estudios filogenéticos:

Bowen BW & WS Grant (1997) Phylogeography of the sardine (*Sardinops spp*.): Assessing biogeographic models and population histories in temperate upwelling zones. Evolution, 51(5): 1601-1610.

9.Investigaciones Prioritarias:

Las prioridades en esta especie son la búsqueda de marcadores moleculares para la identificación de stock orientados en la costa Chilena, además de marcadores para identificación de especies.

REFERENCIA GENETICA

Galleguillos R (1984) Determinación de marcadores genéticos en la sardina española, *Sardinops sagax*. FONDECYT-REGULAR - 1984 – 1841186.

Bowen BW and WS Grant (1997) Phylogeography of the sardine (*Sardinops spp.*): Assessing biogeographic models and population histories in temperate upwelling zones. Evolution, 51(5): 1601-1610.

OTRA REFERENCIA

PROYECTO FIP N° 93-01: Evaluación directa del stock de sardina española, anchoveta y jurel (I a IV Regiones) Ejecutor: Instituto de Fomento Pesquero.

Fichas

- **MOLUSCOS**

Fuente: FIP, 2007

1. <u>Nombre científico</u> (común) *Dosidicus gigas* (Orbigny, 1835) (Calamar pota, Calamar gigante, Jibia, Jumbo Flying Squid)

2. <u>Distribución</u>.

Este cefalópodo es endémica del Pacífico sur-este se distribuye en el Pacífico, entre llos 37-40ºN y 45-47ºS llegando incluso a los 52º S y entre los 125 y 140º W (Nesis 1970; Tafur et al. 2001) siendo el mayor invertebrado de la fauna marina pelágica de Chile. Se concentra en zonas de alta productividad biológica hasta 1200 metros de profundidad (Nesis 1970, Roper et al. 1984, Nigmatullin et al. 2001)

3. <u>Biología/ historia de vida</u>.

La jibia pertenece a la familia Ommastrephidae, Género *Dosidicus*.
La jibia habita principalmente en el ambiente oceánico, aún cuando también habita ambientes neríticos (Roper et al. 1984). Posee un ciclo de vida corto de máximo dos años, altas tasas de crecimiento, alcanzando tallas de alrededor de los 87 cm de longitud de manto (LM) y peso máximo de 13 Kg (Hernández-Herrera et al. 1998).
Los cefalópodos son organismos dioicos presentando algún tipo de dimorfismo sexual. La hembra es siempre mayor que el macho, aunque el dimorfismo en la talla no es tan exagerado

(Nesis, 1970; Nigmatullin et al. 2001). Además, el manto de los machos es cilíndrico, mientras en las hembras el manto se extiende ligeramente en su parte media cuando los oviductos se encuentran llenos; el manto de los machos es más duro y grueso respecto al de las hembras (Nesis, 1970).

Habita zonas de alta productividad biológica, en donde se alimenta de esta compuesta por copépodos, camarones y cangrejos pelágicos, calamares y varios peces e incluso práctica el canibalismo (Nigmatullin et al. 2001). Arancibia & Neira (2005) y Ehrhardt (1991) informan sobre el efecto predador de esta especie sobre las poblaciones de merluza común y de cola en Chile y sobre sardina en el Golfo de California, respectivamente. Sin embargo, estudios realizados en Chile (FIP, 2007) basados en análisis de estómago y simulaciones, señalan que la dismininución de los stock de meluza común en Chile se habría debido primero a la sobrepesca, ya que la predación por jibia habría jugado un rol secundario.

En los últimos años se asociado "El Niño Oscilación del Sur" (ENOS) a la presencia esporádica y de altos niveles de abundancia a través del varamiento masivo de jibias en zonas costeras y como parte importante de la fauna acompañante en las capturas de especies de importancia comercial, extraídas tanto en zonas neríticas y oceánicas (Fernández & Vásquez, 1995; Rocha & Vega, 2003; Chong et al. 2005)

4. Objetivos genéticos.

No existen trabajos en el área realizados por investigadores nacionales. Sólo Gilly et al. (2006) a fin de identificar esta especie respecto de otros de la misma familia Ommastrephidae utilizó DNA mitocondrial (CO-I) para su análisis en diferentes estadios de desarrollo. Ello debido a que sus similaridades morfológicas, parcial conocimiento de su historia de vida y ontogenia y la ocurrencia de 2 o más especies de adultos que habitan la misma zona geográfica, dificultan su tipificación.

5. Marcadores genéticos.

Gilly et al. (2006) utilizó para su investigación 34 adultos, 11 juveniles y 3 larvas colectados en Santa Rosalía (California). Secuenció un fragmento de 630bp de la subunidad I de la Citocromo oxidasa para determinar la variabilidad de los ejemplares a distintos estadios de desarrollo.

6. Principales resultados

Del total de ejemplares, 10 presentaron idénticas secuencias para la CO-I; 2 ejemplares con secuencias que difirieron ligeramente diferentes (1 o 2 bp) y los remanentes 14 ejemplares presentaron diferencias de entre difiriendo entre 1 y 5 bp respecto de la control. La máxima variabilidad genética en la secuencia CO-I fue registrada en adultos (0.79%). De los juveniles (n=11) y larvas (n=3) analizados, sólo 4 juveniles y 1 larva presentaron la misma secuencia que el adulto, y los restantes ejemplares difirieron en 1 o 2 bases. A través de esta herramienta molecular se logró diferenciar exitosamente la especie respecto de otros. Del mismo modo que a través de esta herramienta molecular comprobó la fácil diferenciación de especies incluso en estados larvales.

7. Información complementaria

La Subsecretaría de Pesca (2007) confirmó que la jibia, fue detectada en grandes cantidades en la zona austral del país abarcando la X y XI regiones, esto es, desde Puerto Montt a la isla Guafo. Estimaciones han calculado que su población sería superior a las 330 mil toneladas de biomasa. En promedio una jibia es capaz de remover en promedio 1,35 veces su propio peso en el sector costero y 2,22 veces en el sector oceánico. Asumiendo biomasas de jibia de 300 mil toneladas en ambos sectores, es posible estimar un consumo anual superior al millón 600 mil toneladas de peces, moluscos y cefalópodos en el sector costero, y sobre 2 millones 700 mil en el oceánico.

8. Secuencias no existe información

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias no existe información

REFERENCIAS GENETICA

Gilly W, Elliger C, Salinas C, Camarilla-Coop S, Bazzino G & M Beman (2006) Spawning by jumbo squid *Dosidicus gigas* in San Pedro Mártir Basin, Gulf of California, Mexico. Mar Ecol Prog Ser Vol. 313, 125–133,

OTRAS REFERENCIAS

Arancibia H & S Neira (2005) Predación de merluza común (*Merluccius gayi*) por jibia (*Dosidicus gigas*) en Chile central (33-39°S). En: Libro "Programa y Resúmenes del XI Congreso Latinoamericano de Ciencias del Mar", COLACMAR, p. 104.

Chong J, Oyarzún C, Galleguillos R, Tarifeño E,. Sepúlveda RD and CM Ibáñez (2005) Aspectos biológico-pesqueros de la jibia *Dosidicus gigas* (Cephalopoda: Ommastrephidae) en la costa de Chile central (29ºS - 40ºS) durante el periodo 1993- 1994. Gayana, 69(2): 319-328.

Ehrhardt NM (1991) Potential impact of a seasonal migratory jumbo squid (*Dosidicus gigas*) stock on a Gulf of California sardine (*Sardinops sagax caerulea*) population. Bulletin of Marine Science, 49: 325–332.

Fernández F & JA Vásquez (1995) La jibia gigante *Dosidicus gigas* (Orbigny, 1835) en Chile: análisis de una pesquería efímera. Estudios Oceanológicos, 14: 17–21.

FIP (2007) Análisis del impacto de la jibia en las pesquerías chilenas de peces demersales. Informe Final Proyecto FIP 2005-38.

Hernández-Herrera A, Morales-Bojórquez E, Cisneros-Mata MA, Nevárez-Martínez MO & GI Rivera-Parra (1998) Management strategy for the giant squid (*Dosidicus gigas*) fishery inthe Gulf of California, Mexico. Calif. Coop. Oceanic Fish. Invest. Rep. 39: 212-218.

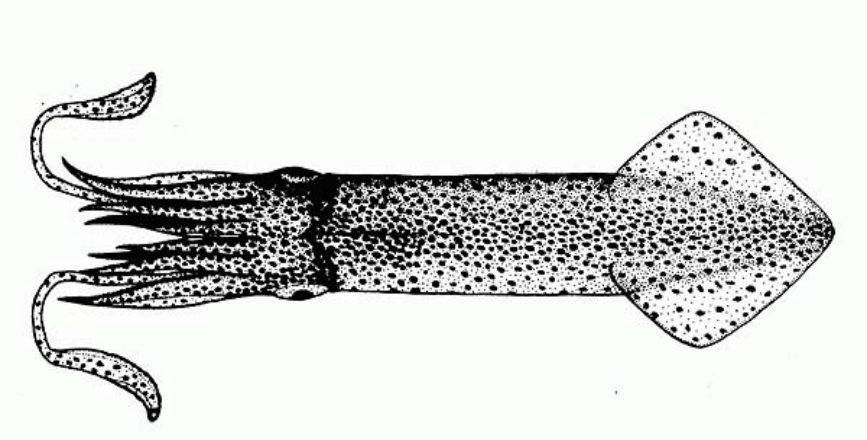
Nesis KN (1970) The Biology of the Giant Squid of Perú and Chile, *Dosidicus gigas.* Oceanology 10: 108-118

Nigmatullin CM, Nesis KN & AI Arkhipkin (2001) A review on the biology of the jumbo squid *Dosidicus gigas*. Fish Res 54:9–19

Rocha F & MA Vega (2003) Overview of cephalopod fisheries in Chilean waters. Fisheries Research, 60 (1): pp.151-159

Roper C, Sweeney M & CE Nauen (1984) FAO species catalogue. Vol. 3. Cephalopods of the world. An annotated and illustrated catalogue of species of interest to fisheries. FAO Fishery Synopsis 125: 277 pp.

Tafur R, Villegas P, Rabí M & C Yamashiro (2001) Dynamics of maturation, seasonally of reproduction and spawning grounds of the jumbo squid *Dosidicus gigas* (Cephalopoda: Ommastrephidae) in Peruvian waters. Fisheries Research 54: 33-50.



Fuente: FAO

1. <u>Nombre científico</u> *Loligo gahi* (Orbigny, 1835) (Calamar, Calamar patagónico, Patagonian squid).

2. <u>Distribución</u>

Loligo gahi es un calamar que se habita aguas templadas de la plataforma y talud (hasta 350 m de profundidad) del Pacífico sureste desde el sur de Perú hasta Tierra del Fuego, y en el Atlántico suroeste desde el golfo de San Matías hasta Tierra del Fuego (Roper et al. 1984). Aparece regularmente como fauna acompañante de la pesquería demersal austral de Chile.

3. <u>Biología/ historia de vida</u>.

El calamar pertenece a la familia Loliginidae, Género *Loligo.* Si bien existen antecedentes de su biología, éstos son de ejemplares provenientes de las Islas Malvinas conociéndose escasamente su biología en Chile. Su cuerpo alargado es de color blanco azulado y cubierto de manchas de tono encarnado, las cuales son más abundantes en la línea dorsal. Presenta 8 brazos sésiles largos provistos de 2 filas de ventosas pedunculadas, y 2 brazos retráctiles, también largos aunque ensanchados en su extremo, con 4 filas de ventosas.

Arancibia y Robotham (1984) estimaron su ciclo de vida para ejemplares del sur de Chile entre 2 y 3 años. Los adultos desovan y mueren en aguas someras mientras que la nueva generación migra mar adentro donde crece y madura (Hatfield et al. 1990). Las hembras alcanzan tallas

superiores que los machos, aunque éstos últimos alcanzan la madurez a menor edad y talla que las hembras (Hatfield et al. 1990).
Esta especie se alimenta de zooplancton, especialmente de eufáusidos y es presa de peces cartilaginosos, mamíferos y aves marinas (Fondo de Investigación Pesquera, 2004)

4. Objetivos genéticos.

Shaw and Adcock (2001) desarrolló marcadores del tipo microsatélite para estudios de genética poblacional.

5. Marcadores genéticos.

Los autores construyeron una librería genómica de entre 300–800 bp y a partir de esta se diseñaron y probaron 16 partidos en 100 ejemplares provenientes de 2 sitios aledaños a las Islas Falkland. De los partidores diseñados sólo 5 fueron consistentes en la amplificación. También probaron partidores desarrollados para *L. forbesi* (10 set de partidores) y *L. opalescens* (4 set de partidores). De los 14 set de partidores finalmente sólo dos, uno de cada especie, fueron utilizados por sus niveles de polimorfismo. A través de los loci microsatélites los autores encontraron altos niveles de variabilidad genética. El número de alelos por locus fluctuó entre 11 y 25 mientras que la heterocigosidad observada fluctuó entre 50 y 89%.

6. Principales resultados no existe información

7. Información complementaria no existe información

8. Secuencias

En GenBank existen 34 secuencias para este calamar las que consideran el gen ribosomal 16S rRNA y los 5 microsatélites aislados por Shaw & Adcock (2001).

9. Estudios filogenéticos no existe información

10. Investigaciones Prioritarias

El Calamar patagónico es considerado un nuevo recurso para las pesquerías chilenas especialmente de la zona austral (Rocha y Vega, 2003). Ello a pesar de la escasa información básica acerca de su biología, distribución, abundancia, capturas, genética entre otras. Sin duda este escenario resulta extremadamente peligroso, requiriendo urgentes medidas de evaluación, manejo y monitoreo de la especie a fin de minimizar los riesgos de sobreexplotación (Pierce & Guerra, 1994).

REFERENCIAS GENETICA

Shaw P & G Adcock (2002) Polymorphic microsatellite DNA markers for the Patagonian squid, *Loligo gahi* (Cephalopoda). Molecular Ecology Notes 2, 331–333.

OTRAS REFERENCIAS

Arancibia H y H Robotham (1984) Crecimiento y edad del calamar (*Loligo gahi* Orbigny) de la región austral de Chile (Teuthoidea-Loliginidae). Investigaciones Pesqueras 31: 71-79.

Fondo de Investigación Pesquera (2004) Diagnóstico de la operación de las pesquerías artesanales de peces en las áreas costeras, bahías y aguas interiores de la VIII Región" 250 pp.

Hatfield E, Rodhouse P & J Poreeski (1990) Demography and distribution of the Patagonian squid (*Loligo gahi* D'Orbigny) during the austral winter. Journal du Conseil International pour I'Exploration Scientifique de la Mer, 46,306-312.

Pierce G & A Guerra (1994) Stock assessment methods used for cephalopod fisheries. Fish. Res. 21, 255–285.

Rocha F & M Vega (2003) Overview of cephalopod fisheries in Chilean waters Fisheries Research 60: 151–159.

Roper C, Sweeney M & C Nauen (1984) Cephalopods of the world. FAO Fish. Syn., 3(125): 277 pp.

Fotografía de Verónica Ramírez J.

1. **Nombre científico** (común) *Aulacomya atra* (Molina, 1782) (Cholga, cholgua).

2. **Distribución** Brasil, Perú-Cabo de Hornos (Chile), Archipiélago de Juan Fernández e Islas Malvinas (Zagal et al. 2001).

3. **Biología/ historia de vida** Molusco bivalvo, cuyo periostraco es de color negro violáceo, azulado brillante o café oscuro. La superficie externa de sus valvas presenta estrías concéntricas y radiales definidas. Su charnela posee un solo diente y los umbos son puntiagudos y curvados. Longitud máxima 17 cm (Zagal et al. 2001).
Vive en aguas de poca profundidad del intermareal (hasta 4m), alcanzando profundidades de hasta 70 m. Se adhiere a sustratos duros con su biso. Se alimenta filtrando principalmente fitoplancton y detritos orgánico. Sus depredadores incluyen a jaibas, centollas, moluscos, estrellas de mar y el hombre. Posee sexos separados, las gónadas masculinas son de color amarillo blanquecino, mientras que las femeninas son café con manchas moradas. Presenta fecundación externa, desarrollando una larva de vida libre (Zagal et al. 2001).
Se consume fresco, en conservas, semideshidratado y ahumado. Su desembarque máximo fue 23.564 t en 1967. El promedio de extracción entre 1998 y 2002 fue de 6.759 t (Osorio, 2002).

4. **Objetivos genéticos**
Toro (1998), diferenció a *Aulacomya atra* de otros tres mejillones presentes en Chile realizando análisis de PCR de dos fragmentos de DNA nuclear (ITS y GLU-5). Ambos marcadores produjeron patrones de bandas especie-específicas.

Mena et al. (2001) realiza una caracterización genética poblacional de Aulacomya atra.

5. Marcadores genéticos

En el estudio realizado por Mena et al. (2001) se detectaron 6 loci alozímicos polimórficos (GPI, ICD, MDH, ME, SOD y XDH).

6. Principales resultados

Mena et al. (2001) examinó 18 poblaciones de cholga, de dos regiones del sur de Chile para analizarlas genéticamente mediante electroforesis en gel de almidón. Diez loci alozímicos fueron detectados en 225 especimenes adultos. Se detectó polimorfismo en seis loci (GPI, ICD, MDH, ME, SOD y XDH), mientras que la heterocigosidad por contabilización directa varió entre 3,3% y 9,0% a lo largo de las localidades muestreadas. Deficiencia en la heterocigosidad fue detectada en todas las localidades. El nivel de similitud genética fue aproximadamente de un 95%. Se encontraron estimaciones moderadas de estructuración démica en el total de las poblaciones (F_{ST}= 0,1470). Los niveles de flujo génico encontrados (Nm = 1,45) en este estudio, previenen el efecto de diferenciación por deriva génica. Los resultados indican que *Aulacomya atra* en la región del sur de Chile debe ser tratada como sólo una unidad genética en los futuros planes de manejo.

7. Información complementaria

8. Secuencias

En el Genbank existen 7 microsatélites para esta especie.

9. Estudios filogenéticos

10. Investigaciones Prioritarias

REFERENCIAS GENÉTICAS

Mena C, C González, E. Clasing, M Gallardo (2001) Genetic variability in *Aulacomya* atra (Molina, 1782) in southern Chile. CIENCIA Y TECNOLOGÍA DEL MAR (Valparaiso), 24: 71-79.

Toro JE (1998) Molecular identification of four species of mussels from southern Chile by PCR-based nuclear markers: The potential use in studies involving planktonic surveys. Journal of Shellfish Research 17 (4): 1203-1205.

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002). Moluscos marinos en Chile, especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. 211 págs.

Zagal C, Hermosilla C y A Riedemann (2001) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor Wild Chile S.A., Santiago de Chile.

Fotografía de Alejandro Riedemann H.

1. **Nombre científico** (común) *Choromytilus chorus* (Molina, 1782) (Choro y choro zapato en Chile, Cholga y choro en Perú).

2. **Distribución** se distribuye desde Callao (Perú) hasta el Estrecho de Magallanes y canal Beagle (Chile). En El Atlántico hasta el Sur de Brasil (Osorio, 2002).

3. **Biología/ historia de vida**

Sus valvas presentan un periostraco de color negro o negro violáceo. La superficie externa de las valvas posee solo estrías concéntricas de crecimiento. Se caracteriza por poseer una charnela con solo un diente en la valva derecha y 2 en la izquierda. Su longitud máxima es 20.8 cm. (Zagal y Hermosilla, 2001).

Habita profundidades entre los 4 y 20 metros, adherido a sustratos duros y en bancos de arena. Se alimenta principalmente filtrando detritus y fitoplancton. Es depredado por crustáceos (la jaiba *Cancer edwarsi* y la jaiba reina *Cancer coronatus*), moluscos (el caracol rubio *Xantochorus cassidiformis* y *Acanthina monodon*) y el hombre. Presenta sexos separados, sin signos externos de dimorfismo sexual. El macho presenta gónadas de color amarillo mientras que las hembras exhiben gónadas de un tono café. Presenta fecundación externa y desarrollo de una larva de vida libre (Zagal y Hermosilla, 2001).

Se consume fresco y en conservas. Después de una veda de más de 10 años se logra una extracción de 1760 t (1992). El promedio de extracción entre 1998 y 2002 fue de 540 t anual. Como medida de protección tiene una talla mínima de extracción de 105 mm (Osorio, 2002).

4. **Objetivos genéticos**

Palma-Rojas et al. (1980 y 1997) realizaron estudios descriptivos del cariotipo de *Choromytilus chorus*. Galleguillos y Troncoso (1990) realizaron un estudio de variación genética poblacional y Toro (1998) la diferenció genéticamente de otras especies de mitílidos chilenos.

5. **Marcadores genéticos**

6. **Principales resultados**

Palma-Rojas et al. (1980 y 1997) observan para esta especie un número de cromosomas diploides 2n= 30, con un cariotipo con cromosomas metacéntricos y submetacéntricos. Pares heteromóficos y una región nucleonar organizada no fueron claramente observados. El cariotipo de *C. chorus* difiere de aquellos de otras especies de mitílidos, principalmente en el número y la morfología de los cromosomas.

Galleguillos y Troncoso (1990) realizaron un estudio para determinar la variación genética intra en interpoblacional en poblaciones naturales y cultivadas de esta especie en las aguas chilenas. Usando variación alozímica, demostraron que esta especie presenta baja variación genética en comparación con otros bivalvos.

Toro (1998) diferenció genéticamente a *C. chorus* de otros tres mejillones presentes en Chile realizando análisis de PCR de dos fragmentos de DNA nuclear (ITS y GLU-5) a muestras de tejidos del borde del manto. Ambos marcadores produjeron patrones de bandas especie-específicas.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

En el Genbank existen 3 secuencias deL ADN satélite ApaI para esta especie.

9. **Estudios filogenéticos**

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Galleguillos GR y GL Troncoso (1990) Protein variation in the scallop *Argopecten purpuratus* and in the mussel *Choromytilus chorus.* Red Reg. de Entidades y Cent. de Acuicultura de América Latina, Bogota (Colombia). pp. 73-82.

Palma Rojas C, Brown D & R Guerra (1980) Karyotype of *Choromytilus chorus* (Molina 1872). Archivos de Biología y Medicina Experimentales 13(1) 142.

Palma Rojas C, R Guerra, D Brown, E Von Brand (1997). Quantitative karyotype of *Choromytilus chorus* (Mollusca: Bivalvia: Mytilidae). Veliger 40 (3): 259-262.

Toro JE (1998) Molecular identification of four species of mussels from southern Chile by PCR-based nuclear markers: The potential use in studies involving planktonic surveys. Journal of Shellfish Research 17 (4): 1203-1205.

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002) Moluscos marinos en Chile, especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Pág. 124.

Zagal C y C Hermosilla (2001) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor Wild Chile S.A., Santiago de Chile. 217 págs.

Fotografía extraída de www.guiamarina.com

1. **Nombre científico** (común) *Argopecten purpuratus* (Lamarck, 1819) (Ostión y ostión del norte en Chile. Concha abanico en Perú).

2. **Distribución** se extiende entre la costa pacífica de Panamá y Valparaíso en Chile (Osorio, 2002).

3. **Biología/ historia de vida**

La concha bivalva es gruesa, orbicular, con valvas levemente desiguales, la izquierda más convexa que la derecha. Posee costillas radiantes, uniformes, sobresalientes, en número variable, 23 a 26 por valva, que presentan bordes angulosos y están revestidos por escamas finas y oblicuas. Además en el borde distal tiene costillas secundarias más pequeñas entre las anteriores. Posee orejuelas desiguales, siendo la anterior de mayor tamaño y aquella sobre la valva derecha está provista de un seno más o menos profundo, en cuyo borde existe una serie de pequeños dientes. El borde está fuertemente denticulado. El color es variable desde el blanco al rosado y café, los que se combinan y distribuyen en forma irregular. El interior de a concha es liso brillante, la línea paleal es simple. La impresión del músculo aductor es notoria, grande, central. Alcanzan una talla de hasta I 7 cm de diámetro (Osorio, 2002).

Vive en el submareal a una profundidad máxima de 25 m, en fondos de arena y fango. El ambiente apropiado es un sustrato de grano medio a grueso, corrientes débiles, aguas ricas en oxígeno, sin contaminación, con temperaturas entre 12° y 25°C y salinidades entre 33 y 35 %o. Es un hermafrodita simultáneo, con fecundación externa. La gónada femenina es rojiza, la

masculina blanquecina. La reproducción, en el norte de Chile, se efectúa en primavera y otoño. El desarrollo larvario hasta e asentamiento es de 20 a 30 días. La primera madurez sexual ocurre a 35 mm (Osorio, 2002).

Se consume fresco, refrigerado, en conservas y congelado. Su desembarque máximo de 11.486 t. (1997), disminuyó a 20 t en el año 2000. Como medida de protección hay una talla mínima de extracción de 90 mm. Su cultivo ha sido muy exitoso. En el año 2000 se cosecharon 19.01 8 t (Osorio, 2002).

4. **Objetivos genéticos**

Al comienzo de los años noventa comienzan a realizarse estudios relacionados a aspectos genéticos de la especie *Argopecten purpuratus* en nuestro país. Galleguillos y Troncoso (1990), determinan variación genética poblacional en *A. purputatus* mediante análisis de isoenzimas. Von Brand y Kijima (1990), realizan una comparación de marcadores genéticos (isoenzimas) entre *A. purpuratus* y el ostión japonés. Posteriormente se reportan características del cariotipo (Von Brand et al.1990; Gajardo et al. 2002) y datos sobre inducción a la triploidía (Alvarez Sarret y Lozada, 1992; Canello et al. 1992; Winkler et al. 1993; Toro et al. 1995; Von Brand et al. 1998). Troncoso et al. (2000) investigan los efectos de un metal pesado (Cu) sobre la variabilidad genética de *A. purpuratus* y Winkler et al. (2001) realizan estudios sobre la herencia del color de la concha. El tamaño del genoma del ostión del norte es estimado (Gallardo-Escarate et al. 2005) y se estudia el efecto genotípico de las enzimas glicolíticas sobre los niveles de sustratos de energía en la gónada y el músculo de *A. purpuratus* (Brokordt y Winkler, 2006). Montoya (2005) estima el porcentaje de autofecundación en familias de propios hermanos de *A. purpuratus*, mediante uso de marcadores moleculares Rapds.

5. **Marcadores genéticos**

Pickerell et al. (2004) aislaron y caracterizaron 3 loci microsatélites desde *A. purpuratus*. Un locus fue altamente variable y por lo tanto conveniente para ser usado en análisis filogenéticos.

6. **Principales resultados**

Galleguillos y Troncoso (1990), determinan variación genética poblacional en *A. purputatus*, mediante análisis de isoenzimas. Las frecuencias alélicas y la heterocigosidad resultantes indican una variación genética muy baja de esta especie en comparación con otros bivalvos.

Von Brand y Kijima (1990), realizan una comparación de marcadores genéticos (isoenzimas) entre *A. purpuratus* y el ostión japonés *Patinopecten yessoensis.* Los resultados mostraron que la heterocigosidad esperada y observada fue similar en ambas especies, mostrando además una alta variabilidad genética. La distancia genética (Nei's) entre ellas fue de 5.244, mostrando un alto nivel de diferenciación genética entre ambas especies.

Von Brand et al. (1990), reportan el número diploide de cromosomas en *A. purpuratus* (2n= 32), estando el cariotipo compuesto por 4M + 14M o SM + 6ST + 8T cromosomas.

Winkler et al. (1993), realizan inducción a la triploidía en *A. purpuratus* usando citochalasin-B. El tratamiento con CB produjo 17% de triploides en relación al 6 % observado en los controles con DMSO.

Toro et al. (1995), realizan inducción a la triploidía en *A. purpuratus* mediante shock térmico. L duración del shock, mostró una correlación positiva con el porcentaje de triploides, siendo el más alto a los 31º C por 10 minutos, 10 minutos después de la inseminación (66.7%), pero con bajo porcentaje de sobrevivencia de embriones después de 3 horas (26.4%) y de 18 días (11.2%).

Troncoso et al. (2000), estudian el efecto del cobre sobre los requerimientos fisiológicos de una cohorte de *A. purpuratus,* analizando la variación de su estructura genética. Individuos sobrevivientes, muertos y controles fueron caracterizados genéticamente mediante 5 loci polimórficos (IDH, OCDE, PGD, LAP, PGI). Los resultados no muestran diferencias significativas de las frecuencias alélicas y genotípicas entre individuos sobrevivientes y muertos, aún cuando si existen diferencias significativas en la heterocigosidad media estimada.

Winkler et al. (2001), realizan estudios sobre la herencia del color de la concha en *A. purputatus*. Los resultados confirman la base hereditaria para la variación en el color de la concha de este ostión, sugiriendo un simple modelo dominante de epistasis para explicar la distribución de las variantes de colores observados.

Gallardo-Escarate et al. (2005), estimaron el tamaño del genoma (C-value) en 2 poblaciones de *A. purpuratus* del norte de Chile, usando análisis de imagen de fluorescencia. El valor C en la población de Arica fue de 1.057 ± 0.057 pg de ADN y de 1.139 ± 0.066en la de Tongoy, siendo esta diferencia estadísticamente significativa.

Montoya (2005) desarrolla marcadores moleculares Rapds para la identificación de los individuos autofecundados producidos en familias de hermanos propios. Los resultados mostraron que la autofecundación disminuye con la edad, por lo cual las familias generadas por

cruzamientos que tienen porcentajes de autofecundación variables no se ven significativamente afectadas, ya que al momento de hacer la selección para el mejoramiento genético el efecto de la autofecundación no será significativo.

Brokordt y Winkler (2006), estudian el efecto genotípico de las enzimas glicolíticas sobre los niveles de sustratos de energía en la gónada y el músculo de *A. purpuratus*. Examinaron 5 alozimas polimórficas glycolíticas y pre-glycolíticas (ODH, APK, GPI, G3PDH y PGD) sobre la variación del contenido del sustrato energético en la gónada y el músculo aductor de 180 adultos.

7. Información complementaria

8. Secuencias

En el Genbank existen 31 secuencias para esta especie: 2 secuencias del gen 12S rRNA, 2 secuencias del gen 16S rRNA, 3 microsatálites y 24 secuencias del gen COIII.

9. Estudios filogenéticos

Saavedra y Pena (2006) realizan un análisis filogenético para 10 especies americanas de pectínidos entre ellas *A. purpuratus*.

10. Investigaciones Prioritarias

REFERENCIAS GENÉTICAS

Alvarez Sarret E & LE Lozada (1992) Spontaneous triploidy and chromosomic study in chilean scallop *Argopecten purpuratus* (Lamarck, 1819) (Bivalvia, Pectinidae). Investigación Pesquera 37: 119-126.

Brokordt K & F Winkler (2006) Genotypic effects of glycolytic enzymes on the levels of energy substrates in gonad and muscle of *Argopecten purpuratus.* Journal of Shellfish Research 25(1): 268.

Canello FO, Paredes LO & JE Toro (1992) Induction of the triploidy in the scallop *Argopecten purpuratus*, by heat thermal shock. Investigación Pesquera 37: 5-11.

Gajardo G, Parraguez M & N Colihueque (2002) Karyotype analysis and chromosome banding of the Chilean-Peruvian scallop *Argopecten purpuratus* (Lamarck, 1819). Journal of Shellfish Research 21 (2): 585-590.

Gallardo-Escarate C, Alvarez-Borrego J, Von Brand-Skopnik E & MA Del Rio- Portilla (2005). Genome size estimation in two populations of the northern Chilean scallop, *Argopecten purpuratus*, using fluorescence image analysis. Journal of Shellfish Research 24 (1): 55-60.

Galleguillos R & L Troncoso (1990) Protein variation in the scallop *Argopecten purpuratus* and in the mussel *Choromytilus chorus*. Red Reg. de Entidades y Cent. de Acuicultura de América Latina, Bogotá (Colombia). pp. 73-82.

Montoya M (2005) Estudios genéticos moleculares y cuantitativos de la autofecundación en el ostión del norte *Argopecten purpuratus* (Lamarck, 1819). Tesis de postgrado para optar al grado de Magíster en Genética. pp 69. Universidad Austral de Chile, Valdivia.

Pickerell T, McConnell SJ & DOF Skibinski (2004) Isolation and characterization of three microsatellite loci from the Chilean scallop *Argopecten purpuratus*. Annales Zoologici Fennici 41 (2): 455-457.

Toro JE, Sanhueza MA, Paredes L & F Canello (1995) Induction of triploid embryos by heat-shock in the chilean northern scallop *Argopecten-purpuratus* Lamarck, 1819. New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research 29 (1): 101-105.

Troncoso L, Galleguillos R & A Larrain (2000) Effects of copper on the fitness of the Chilean scallop *Argopecten purpuratus* (Mollusca: Bivalvia). Hydrobiologia 420: 185-189.

Saavedra C & JB Pena (2006). Molecular phylogenetics of American pectinids. Journal of Shellfish Research 25 (1): 305.

Von Brand E & A Kijima (1990) Comparison of *genetic* markers between the Chilean scallop *Argopecten purpuratus* and the Japanese scallop *Patinopecten yessoensis*. Tohoku Journal of Agricultural Research. Sendai. 41(1-2): 25-35.

Von Brand E, Bellolio G & K Lohrmann (1990) Chromosome number of the Chilean scallop *Argopecten purpuratus.* Tohoku Journal of Agricultural Research. Sendai. 40 (3-4): 91-95.

Von Brand E, Bodini A, Merino GE & G Bordagaray (1998). Triploid induction in *Argopecten purpuratus* using cytochalasin-B and 6-DMAP. Aquaculture '98 Book of Abstracts. p. 65.

Winkler F, Ladron de Guevara B, Esteves B & L Jollan (1993) Triploidy induction in *Argopecten purpuratus* Lamarck, 1819, using citochalasin-B. Revista de Biología Marina 28 (2): 239-246.

Winkler FM, Estévez BF, Jollan LB & JP Garrido (2001) Inheritance of the general shell color in the scallop *Argopecten purpuratus* (Bivalvia: Pectinidae). Journal of Heredity 92 (6): 521-525.

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002) Moluscos marinos en Chile, especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Fotografía de Alejandro Riedemann H.

1. **Nombre científico** (común) *Concholepas concholepas* (Bruguiére, 1789) (Loco en Chile. Pata de burro y chanque tolina en Perú).

2. **Distribución** desde Callao en Perú al Estrecho de Magallanes en Chile. Una subespecie en el Archipiélago de Juan Fernández (Osorio, 2002).

3. **Biología/ historia de vida** la concha es muy gruesa, con la espira corta formada por dos vueltas, la última comprende toda la concha. El diámetro máximo de la concha es de 15 cm. El umbo está inclinado hacia el lado izquierdo. La superficie externa es áspera, rugosa, marcada por costillas muy gruesas separadas por otras más pequeñas. Son notorias las estrías de crecimiento horizontales dispuestas irregularmente. El color varía entre el café chocolate a grisáceo. La superficie interna es de color blanco, de aspecto suave y brillante. Su pie es grueso con manchas de color amarillo y gris. El opérculo es córneo, oval y de color café (Zagal y Hermosilla, 2001; Osorio, 2002).

Vive adherido a la parte baja de las rocas, desde el intermareal bajo hasta 10 a 40 m de profundidad. Es una especie carnívora. Es depredada por la jaiba mora, estrellas de mar, pejesapo, aves marinas, el chungungo y el hombre. Es una especie dioica y tiene un ciclo de vida pélago-bentónico y fecundación interna. La talla en que inicia su madurez sexual es entre los 5.4 y 6.7 cm, se demora unos 4 años en alcanzar este tamaño (Zagal y Hermosilla, 2001).

Se consume fresco, congelado y en conservas. Gran parte se exporta. Hasta 1973 los desembarques fluctuaron entre 3.600 y 6.712 t, en 1987 alcanzó a 21.236 t anuales. El promedio de extracción entre 1998 y 2002 fue de 2.365 t anuales. La legislación considera

vedas temporales y una talla mínima de captura de 10 cm de diámetro (Osorio, 2002). En el 2005 se extrajeron 3.270 t (Sernapesca, 2005).

4. **Objetivos genéticos**

Se han realizado investigaciones básicamente enfocadas a caracterizar genéticamente a *C. conholepas* a un nivel poblacional (Gallardo y Carrasco, 1996; Vergara, 2001).

5. **Marcadores genéticos**

Cárdenas et al. (2007) investigaron las relaciones entre dispersión larval potencial y efectiva, para ello desarrollaron 11 marcadores microsatélites e investigaron su utilidad para analizar 2 poblaciones de *C. concholepas* muy distante (4000 Km). Los 11 loci fueron altamente polimórficos en ambas poblaciones, con 12 a 51 alelos según el locus.

6. **Principales resultados**

Gallardo y Carrasco (1996), realizaron un estudio de variabilidad genética en 6 poblaciones locales de *C. concholepas* provenientes de 4 regiones en el sur de Chile, mediante electroforesis de gel de almidón. El porcentaje de loci polimórfico, número de alelos por locus y niveles promedios de heterocigosidad son bajos en relación a otros moluscos. No existe correlación positiva entre distancia geográfica y genética. Los resultados no reconocen unidades genéticas diferentes en el sur de chile.

Vergara (2001) en el marco de un proyecto FIA, estudia el status genético de *C. concholepas*, especie sometida a pesquería intensiva. Se logra caracterizar a nivel genético poblacional (12 muestras de todo Chile), utilizando técnicas de electroforesis enzimática y PCR-Rapds. Como resultado del análisis utilizando la variación electromórfica de 7 sistemas enzimáticos codificados por 7 loci genéticos supuestos y 33 loci utilizando partidores RAPDs, se concluyó que las muestras obtenidas del recurso loco pertenecen a una sola gran unidad poblacional panmíxica. Debido a la fuerte presión antrópica ejercida sobre las poblaciones de loco en las últimas décadas, este recurso podría haber experimentado en algún momento un cuello de botella poblacional que daría cuenta de la deficiencia de heterocigotos y la alta similitud genética interpoblacional encontrada.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

En el Genbank existen 11 microsatélites para esta especie y una secuencia para el gen 5.8S ribosomal RNA.

9. **Estudios filogenéticos**

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Cárdenas L, Daguin C, Castilla JC & F Viard (2007). Isolation and characterization of 11 polymorphic microsatellite markers for the marine gastropod *Concholepas concholepas* (Brugiere, 1789) Molecular Ecology Notes 7 (3): 464-466.

Gallardo MH & JL Carrasco (1996). Genetic cohesiveness among populations of *Concholepas concholepas* (Gastropoda, Muricidae) in southern Chile. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 197 (2): 237-249.

Vergara AM (2001) Caracterización genética poblacional para el manejo y la conservación de recursos marinos de importancia para la acuicultura y la pesquería". Instituto de Fomento Pesquero, División de Fomento de la Acuicultura. Proyecto FIA BID-PI-C-2001-1-M-068

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002) Moluscos marinos en Chile, especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Pág. 104.

Servicio Nacional de Pesca (2005). Anuario Estadístico de Pesca. República de Chile.Zagal C y C Hermosilla (2001) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor Wild Chile S.A., Santiago de Chile. 217 págs.

1. **Nombre científico (común)** *Haliotis rufescens* (Swainson, 1822) (Abalón rojo en Chile. Red Abalone en EEUU) (Osorio, 2002).

2. **Distribución** Oregón a Baja California en Estados Unidos. Especie introducida para cultivo de la V y X regiones en Chile en 1992 (Osorio, 2002).

3. **Biología/historia de vida** La concha es gruesa, oval aplanada, unguiforme, grande. El ápice esta próximo al borde y es sobresaliente. La superficie externa es más bien rugosa, por las líneas de crecimiento. Tiene tres a cuatro orificios o poros respiratorios abiertos, no sobresalientes. El color es blanquecino con franjas rojas y con un borde rojo, angosto, alrededor de la concha. El interior es iridiscente rosado, azul a verde con una gran impresión del músculo central. El margen de la concha es suave y ondulado por las gruesas cóstulas presentes. En California alcanza una talla máxima de 30 cm de diámetro. En Chile la especie manifiesta preferencia por el alga *Macrocystis pyrifera* y logra la talla comercial a los 4 o 5 años (Osorio, 2002).
Especie común en su área distribución natural. Vive sobre sustrato rocoso desde el intermareal a los 46 m de profundidad, en zonas expuestas al oleaje con temperaturas entre los 7 y 16º C. En experiencias de cultivo en Coquimbo, esta especie ha sido atacada por el pez *Doydixodon laevifrons* y por el gastrópodo *Concholepas concholepas* (Osorio, 2002).

Se consume fresco-refrigerado y congelado. La mayor parte de la producción se exporta. Ocasionalmente se expende en los mercados de Santiago. Se registra la primera cosecha de 9 t en el año 2000 (Osorio, 2002).

4. **Objetivos genéticos**

Al comienzo de la década de lo 80, Leighton y Lewis (1982) realizaron experimentos de hibridación en 4 especies nativas de abalones de la costa de California, entre ellos *H. rufescens,* con relativo éxito. Brown (1993) realizó un primer intento por establecer relaciones genéticas entre 17 especies de abalones, utilizando electroforesis de proteínas. En los años noventa se realizan algunos estudios sobre expresión génica (Powers et al. 1995; Degnan y Morse, 1995; Degnan et al. 1997; Shen et al. 1997). Al mismo tempo se reportan evidencias genéticas de una experiencia de repoblamiento del abalón rojo (Gaffney et al. 1996), se realizan estudios sobre variación genética para caracteres de importancia económica (Jonasson et al. 1999) y se aíslan marcadores microsatélites (Kirby et al. 1998, Muchmore et al. 1998, Cruz et al. 2005). Posteriormente, se realizan intentos de inducción a la triploidía en esta especie (Maldonado et al. 2001), se describe y analiza su cariotipo (Gallardo-Escarate et al. 2004; Hernández-Ibarra et al. 2004) y el contenido de DNA cromosómico (Gallardo-Escarate et al. 2005).

5. **Marcadores genéticos**

Kirby et al. (1998), identifican microsatálites para *H. rufescens.* El primer locus microsatélite fue obtenido mediante la creación de bibliotecas genómicas de tamaño seleccionado y de la selección para todas las combinaciones repetidas de dinucleotidos y trinucleótidos. Las librerías genómicas fueron creadas para muestras del norte de California (Punta Gorda Reserve), California central (Morro Bay) y sur de California (Santa Bárbara). La secuencia inicial de clones positivos identificó 21 microsatélites. Las repeticiones más comunes fueron GT/TG y AC/CA. Los primers fueron diseñados para el locus microsatélite polimórfico Hruf200, el cual posee 21 alelos, con tamaños que varían desde los 97 a 149 bp.

Muchmore et al. (1998), por secuenciación directa del DNA genómico caracterizaron un DNA microsatélite en 5 especies de abalones del Pacífico, entre ellos *H. rufescens*. Identificaron con

digestión SalI del DNA genómico un satélite DNA de 290-291 bp. En al abalón rojo el satélite 290-bp SalI representa aproximadamente el 0.5% del DNA total, equivalente a 28.000 copias para genoma haploide.

Cruz et al. (2005), aislaron microsatélites desde *H. fulgens*. Ocho microsatélites fueron amplificados, de los cuales 6 fueron polimórficos, con un rango de 3 a 20 alelos. Cinco de ellos se amplificaron cruzadamente en *H. rufescens* y *H. corrugata*. Estos loci microsatélites pueden ser usados como marcadores genéticos en las 3 especies.

6. **Principales resultados**

Powers et al. (1995), realizaron la técnica de la electroporación para introducir ADN foráneo en huevos fertilizados de *H. rufescens.* Los resultados mostraron que la técnica fue bien tolerada por los huevos de abalones, con una tasa de sobrevivencia larval del 70%. Además se observó una exitosa retención del gen insertado, con un promedio del 72%, en juveniles de 3 a 7 meses de edad.

Degnan y Morse (1995), investigaron sobre la regulación genética del proceso de metamorfosis desde larva planctónica a post larva bentónica, estudiando la expresión de 2 clases de genes asociados a dicho proceso. La expresión de ambos genes codificando una quimiotripsina larval y una tropomiosina músculo-específica, respectivamente, revelaron la existencia de dos vías diferentes que gobiernan la expresión génica y la metamorfosis en *H. rufescens*: la vía morfogenética asociada directamente al proceso de asentamiento y metamorfosis y una vía preparatoria activada antes de la competencia larval y nuevamente en la metamorfosis.

Gaffney et al. (1996) presentan evidencia genética, sobre el éxito de una experiencia de repoblamiento de la especie *H. rufescens* en el sur de California. Usando alozimas, observaron cambios en la composición genética de las poblaciones de este abalón que acompañaron a la propagación desde el hatchery.

Degnan et al. (1997), observaron expresión diferenciada durante la morfogénesis y metamorfosis larval de un Mox homeobox gen en el molusco *H. rufescens.* Usando análisis de PCR-transcripción reversa cuantitativa de mRNA, rebeló que el gen HruMox, está expresado en la larva, pero no en el embrión temprano.

Shen et al. (1997), clonaron y caracterizaron el cDNA que codifica la Lustrina A, matriz protéica presente en la concha y el nácar de perla, producida por al abalón *H. rufescens*. La longitud completa del cDNA es de 4.439 bp y codificaría 1.428 aminoácidos. Revela una gran estructura

modular, con una alta proporción de Ser (16%), Pro (14%), Gly (13%), and Cys (9%). La Lustrina A parece ser una proteína multifunctional y pertenecería a la familia de multiproteínas.

Jonasson et al. (1999), realizaron estudios sobre variación genética para los caracteres de sobrevivencia y longitud de la concha de abalón rojo de cultivo en Islandia. La heredabilidad para lo sobrevivencia a los 4 meses de edad, fue de 0.11 y para la longitud de la concha a la edad de 8, 10, 18 y 24 meses de 0.08, 0.06, 0.27 y 0.24 respectivamente. Una baja, pero negativa correlación genética entre la tasa de sobrevivencia a los 4 meses y la longitud de concha fue observada. La interacción genotipo ambiente fue insignificante para individuos de las mismas familias mantenidos en diferentes estanques a los 14 meses.

Maldonado et al. (2001) realizan inducción a la triplidía en *H. rufescens,* usando diferentes concentraciones de citocalasina-B (CB). Los mayores porcentajes de triploides fueron obtenidos en noviembre (85%, 100%, 100%, para 0.5, 0.75, 1.0 mg/L CB, respectivamente) y los más bajos en la inducción de mayo (3%, 11%, 26% para 0.3, 0.5, 0.7 mg/L CB).

Gallardo-Escarate et al. (2004), describe el cariotipo de *H. rufescens* usando análisis de imágenes. Los resultados muestran que el número diploide de cromosomas en esta especie es 36, con 8 pares de cromosomas metacéntricos, 8 pares submetacéntricos, un par submetacéntrico/ metacéntrico y un par subtelocéntrico.

Hernández-Ibarra et al. (2004) comparan los cariotipos de de *H. fulgens* y *H. rufescens,* a partir de células de larvas trocóforas, encontrando para ambas especies el número diploide de 36 cromosomas con diferencias en la posición del centrómero.

Gallardo-Escarate et al. (2005), realizan un análisis del contenido del ADN cromosómico en *H. rufescens* a partir de análisis de imágenes fluorescentes. El contenido de ADN fue relacionado con los tamaños cromosómicos. Los valores de ADN encontrados mostraron un rango de 0.1106 ± 0.0045 pg (cromosoma 1) a 0.0890 ± 0.0060 pg (cromosoma 18). El tamaño del genoma calculado para esta especie, por suma de todo el contenido de ADN cromosómico fue de 1.77 ± 0.005 pg.

Ibarra et al. (2005), certificaron genéticamente a presuntos híbridos entre *H. rufescens* y *H. fulgens* desarrollados comercialmente usando aloenzimas y microsatélites. Cuatro loci alozímicos fueron usados para la certificación de los híbridos (Gpi, Mdh-1, Mdh-2 y Sod), debido a que ellos poseían alelos exclusivos en las especies de referencia que supuestamente produjeron los híbridos. Los microsatélites al poseer lo mismos alelos en ambas especies no

fueron usados. Por lo tanto, se certifica la presencia de híbridos, aunque las alozimas los clasifican como *H. rufescens* más que como híbridos.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

En el Genbank existen innumerables secuencias para esta especie.

9. **Estudios filogenéticos**

Lee y Vacquier (1995) realizan un estudio filogenético del género *Haliotis*, comparando secuencias de cDNA de lisina espermática en 27 especies de California (*H. rufescens*), Japón, Australia, Nueva Zelanda, Taiwán, Borneo, Madagascar, Sudáfrica, Grecia, Francia, Italia y Las Azores. Los resultaros revelaron que 22 de las 27 taxas son claramente distinguibles. La filogenia del cDNA de la lisina sugiere la existencia de tres grupos: (1) las especies de California y 3 especies japonesas, (2) una especie de Nueva Zelanda y (3)una especie japonesa, las especies europeas y las del oeste de la India.

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

Brown ID (1993) Biochemical genetics and species relationships within the genus *Haliotis* (gastropoda, haliotidae). Journal of Molluscan Studies 59: 429-443 part 4.

Cruz P, Ibarra AM,. Fiore-Amaral G, Galindo-Sanchez CE & G Mendoza-Carrion (2005) Isolation of microsatellite loci in green abalone (*Haliotis fulgens*) and cross-species amplification in two other North American red (*Haliotis rufescens*) and pink (*Haliotis corrugata*) abalones. Molecular Ecology Notes, 5 (4): 857-859.

Degnan BM & DE Morse (1995). Developmental and morphogenetic gene-regulation in *Haliotis-rufescens* larvae at metamorphosis. American Zoologist, 35 (4): 391-398.

Degnan BM, Degnan SM, Fentenany G & DE Morse (1997) A Mox homeobox gene in the gastropod mollusc *Haliotis rufescens* is differentially expressed during larval morphogenesis and metamorphosis. FEBS Letters, 411 (1): 119-122.

Gaffney PM, Rubin VP, Hedgecock D, DA Power, Morris G, & L Hereford (1996) Genetic effects of artificial propagation: Signals from wild and hatchery populations of red abalone in California. Aquaculture, 143 (3-4): 257-266.

Gallardo-Escarate C, Alvarez-Borrego J, Portilla MAD & V Kober (2004) Karyotype of pacific red abalone *Haliotis rufescens* (Archaeogastropoda: Haliotidae) using image analysis. Journal of Shellfish Research 23 (1): 205-209.

Gallardo-Escarate C, Alvarez-Borrego J, del Rio-Portilla MA, von Brand-Skopnik E & MA Bueno (2005) Analysis of chromosomal DNA content in Pacific red abalone *Haliotis rufescens* by fluorescence image analysis. Journal of Shellfish Research 24 (4): 1161-1168.

Hernández-Ibarra NK, Márquez C, Ramírez JL & AM Ibarra (2004). Comparative karyotypes of two northeastern pacific abalone species (*Haliotis fulgens* Philippi and *Haliotis rufescens* Swainson). Journal of Shellfish Research 23 (3): 861-865.

Ibarra AM, Hernandez-Ibarra NK, Cruz P, Perez-Enriquez R, Avila S & JL Ramirez (2005) Genetic certification of presumed hybrids of blue X red abalone (*Haliotis fulgens* Philippi and *H-rufescens* Swainson). Aquaculture Research 36 (14): 1356-1368.

Jonasson J, Stefansson SE, Gudnason A & A Steinarsson (1999) Genetic variation for survival and shell length of cultured red abalone (*Haliotis rufescens*) in Iceland. Journal of Shellfish Research 18 (2), 621-625.

Kirby VL, Villa R & DA Powers (1998) Identification of microsatellites in the California red abalone, *Haliotis rufescens*. Journal of Shellfish Research 17 (3): 801-804.

Lee YH & VD Vacquier (1995) Evolution and systematics in Haliotidae (Mollusca: Gastropoda): Inferences from DNA sequences of sperm lysine. Marine Biology 124 (2), 267-278.

Leighton DL & CA Lewis (1982) Experimental hybridization in abalones. International Journal of Invertebrate Reproduction 5 (5): 273 - 282.

Maldonado R, Ibarra AM, Ramirez JL, Avila S, Vazquez JE & LM Badillo (2001) Induction of triploidy in Pacific red abalone (*Haliotis rufescens*). Journal of Shellfish Research 20 (3): 1071-1075.

Muchmore ME, Moy GW, Swanson WJ & VD Vacquier (1998) Direct sequencing of genomic DNA for characterization of a satellite DNA in five species of Eastern Pacific abalone. Molecular Marine Biology And Biotechnology, 7(1): 1-6.

Powers DA, Kirby VL, Cole T & L Hereford (1995) Electroporation as an effective means of introducing DNA into abalone (*Haliotis rufescens*) embryos. Molecular Marine Biology And Biotechnology 4 (4): 369-375.

Shen XY, Belcher AM, Hansma PK, Stucky GD & DE Morse (1997) Molecular cloning and characterization of lustrin A, a matrix protein from shell and pearl nacre of *Haliotis rufescens.* Journal Of Biological Chemistry 272 (51): 32472-32481.

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002) Moluscos marinos en Chile. Especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. 211 págs.

Fotografía extraída desde www.guiamarina.com

1. **Nombre científico** (común) *Venus antiqua* (King & Broderip, 1831) (Almeja, taca en Chile. Almeja reticulada en Argentina).

2. **Distribución** Perú-Puerto Williams (Chile), Uruguay a Islas Malvinas (Zagal y Hermosilla, 2001).

3. **Biología/ historia de vida** molusco bivalvo, que presenta una concha gruesa, de coloración blanquecina-gris, a veces con manchas café. La superficie externa presenta estrías radiales y concéntricas definidas. Seno paleal anguloso y corto, no alcanza un tercio de la longitud total de la concha. Longitud máxima 8.4 cm (Zagal y Hermosilla, 2001).
Vive semienterrada en fondos arenosos del intermareal y submareal alcanzando 40 m de profundidad. Se alimenta filtrando plancton y detritus de la columna de agua. Es depredada por moluscos gastrópodos, aves y el hombre. Presenta sexos separados. La primera madurez sexual ocurre a 3.6-4.0 cm de longitud en ambos sexos. En Metri, el ciclo reproductivo de esta especie presenta dos periodos de desove durante el año (Zagal y Hermosilla, 2001).
Se consume fresco y conservas. El desembarque de "almejas" alcanzó su máximo (43.761 t) en el año 1988. El promedio de extracción entre 1998 y 2002 fue de 17.895 t. Las estadísticas pesqueras incluyen los datos de otras especies (Osorio, 2002).

4. **Objetivos genéticos**

5. **Marcadores genéticos**

Gallardo et al. (1998) usando electroforesis horizontal, probaron 13 loci alozímicos en 144 almejas adultas a partir de 5 muestras geográficas del sur de Chile.

6. **Principales resultados**

Gallardo et al. (1998) detectaron polimorfismo en 11 loci a través de las localidades muestreadas. Las diferencias en la frecuencia génica más que la fijación alternativa de los alelos caracterizaron los sitios muestreados. La heterocigosidad fluctuó entre 6.8% y 10.3%, con una deficiencia generalizada y significativa de heterocigotos detectada en cada lugar. Niveles similares de diversidad genética fueron detectados en ambos bancos explotados. Estimaciones substanciales de la estructuración démica fueron encontradas en la población total (F-ST = 0.107) y los niveles regionales (F_{ST} = 0.143), con altas estimaciones de endogamia que coincidían (F_{IS} = 0.57). Aunque no se halló evidencia estadística significativa de subestructuración genética, en la comparación dentro de la región (F_{ST}= 0.007), una deficiencia generalizada de heterocigotos (F_{IS}= 0.57) también caracterizó este nivel jerárquico.

La correlación espacial de las frecuencias génicas indicó una distribución casi al azar de los genotipos a lo largo de la distribución latitudinal de las muestras. Las altas tasas de flujo génico global y dentro de la región sugieren un gran intercambio larval a través de la dispersión a grandes distancias que evita la diferenciación debido solo a la deriva. Por consiguiente, ninguna unidad genética discreta puede ser reconocida para la especie en ninguna escala espacial. Aparentemente, las altas tasas de reclutamiento ayudan a llenar las variantes genéticas perdidas por sobreexplotación continuo, lo que explica porqué la extracción humana no ha provocado pérdidas importantes de variación genética para las poblaciones individuales. La tasa de crecimiento lenta y la maduración sexual retrasada de esta especie son al parecer los factores limitantes más fuertes para la conservación de bancos naturales.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

9. **Estudios filogenéticos**

6. Investigaciones Prioritarias

REFERENCIAS GENÉTICAS

Gallardo MH, Peñaloza L & E Clasing (1998) Gene flow and allozymic population structure in the clam *Venus antiqua* (King of Broderip), (Bivalvia, Veneriidae) from Southern Chile. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology 230 (2): 193-205.

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002) Moluscos marinos en Chile, especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Pág. 154.

Zagal C y C Hermosilla (2001) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor Wild Chile S.A., Santiago de Chile. 217 págs.

Fotografía de Alejandro Riedemann H.

1. **Nombre científico** (común) *Mytilus chilensis* (Hupe, 1854) (chorito, quilmahue).

2. **Distribución** Arica-Cabo de Hornos (Chile), Islas Malvinas (Zagal et al. 2001).

3. **Biología/ historia de vida**

Molusco bivalvo, cuyas valvas presentan un periostraco de color negruzco violáceo. La superficie externa de las valvas exhibe solo estrías concéntricas de crecimiento. Se diferencia del choro zapato por poseer una charnela con numerosos dientecillos. Longitud máxima 10.6 cm (Zagal et al. 2001).

Habita la zona intermareal inferior alcanzando 25 m de profundidad. Forma parte de la fauna asociada al piure (*Pyura chilensis*). Se alimenta filtrando plancton y detritos orgánico. Es depredado por el caracol rubio (*Xanthochorus cassidiformis*), estrellas de mar, jaibas, centollas, el pato quetru no volador (*Tachyeres pteneres*) y el hombre. El macho presenta gónadas de color amarillento y las hembras de color crema anaranjado. Presenta fecundación externa y desarrollo de una larva de vida libre (Zagal et al. 2001).

Se consume fresco enfriado y en conservas. Su producción acuícola a aumentado desde 3.864 t en 1993 a 41.406 t en el 2001 (Toro et al. 2006)

4. **Objetivos genéticos**

El primer estudio genético en *Mytilus chilensis* fue realizado por Toro y Sastre (1995) y consistió en su manipulación genética, en donde se obtuvieron individuos triploides usando shock térmico post inseminación.

Estimaciones de parámetros genéticos como la heredabilidad se han publicado por Toro y Paredes (1996), Toro et al. (2004a) y Alcapán et al. (2007).

Toro et al. (2004b) publicaron resultados sobre selección artificial para el crecimiento de esta especie, considerando el carácter de la longitud de la valva y peso vivo.

Estudios sobre el estatus taxonómico de *Mytilus chilensis* se han realizado por Toro (1998a), Rego et al. (2002), Toro et al. (2005) y Cárcamo et al. (2005). Con respecto a la caracterización genética poblacional de esta especie dos trabajo han sido publicados (Toro et al. 2004c y 2006).

5. **Marcadores genéticos**

Para analizar el status taxonómico de *Mytilus chilensis* se han usado marcadores de DNA nuclear ITS, GLU-5 (Toro, 1998a) y Me (Toro et al. 2005).

Además de un marcador mtDNA (fragmento de 860bp del gen C*O*III) (Toro, 1998b).

En el estudio realizado por Toro et al. (2004c) se estandarizaron 5 primers, con un número de bandas RAPDs generadas que varió de 8 y 14, obteniéndose un total de 54 bandas reproducibles (loci).

6. **Principales resultados**

Toro & Paredes (1996) estimaron la heredabilidad de la longitud de la concha larval en *M. chilensis* bajo diferentes densidades de alimento durante el crecimiento larval basados en un diseño anidado de 24 familias de hermanos completos creciendo bajo tres concentraciones de algas diferentes. La heredabilidad estimada fluctuó entre 0.2±0.1 y 0.9±0.3 y mostró una disminución con bajas concentraciones de alimento, sin embargo los valores sugirieron que la selección sería efectiva. Toro et al. (2004a) realizó una nueva estimación de la heredabilidad asociada al tamaño larval, pero ahora considerando 95 familias de hermanos completos y 19 de medios hermanos creciendo en condiciones controladas de laboratorio. La heredabilidad estimada en los medios hermanos a los 10, 25 y 40 días fluctuó entre 0.38+/-0.33 y 0.84+/-0.45 sugiriendo nuevamente que la selección para el carácter longitud de la concha podría ser

efectivo. La última estimación publicada de la heredabilidad, la realizó Alcapán et al. (2007) estimándola para la masa y talla de *M. chilensis* a diferentes edades y en tres poblaciones diferentes. Encontraron que la heredabilidad cambia con la edad y que la varianza materna aditiva es alta, generando relativamente bajas estimaciones de este parámetro en ambos casos. Los resultados sugirieron que la interacción genotipo-ambiente no parece jugar un rol significativo. Sin embargo, encontraron que la varianza ambiental no aditiva y la común, son importantes en determinar la variación morfológica fenotípica en el tamaño corporal de esta especie.

Toro et al. (2004a) estimaron la respuesta a la selección para la tasa de crecimiento (longitud de de la concha y peso vivo) en *M. chilensis*. Desde los 22 meses de edad una cohorte proveniente de Yaldad (Chiloé, X Región) fue monitoreada para la longitud de la concha y el peso vivo. Los juveniles de 3 líneas seleccionadas y de 2 líneas control fueron individualmente marcados y transferidos a 3 granjas de choritos geográficamente distantes en el sur de Chile. El peso vivo y longitud de la concha fueron monitoreados después de 10, 14, 18 y 22 meses de edad para cada individuo. Hubo una diferencia significativa entre ambos caracteres, entre los grupos seleccionados y control a cada edad y localidad. Las heredabilidades para "peso vivo" fluctuaron entre h^2= 0.35 y h^2= 0.54, mientras que aquellas para la "longitud de la concha" fluctuaron entre h^2= 0.32 y h^2= 0.49. Las interacciones genotipo ambiente no fueron evidentes para ninguno de los caracteres, lo que indica que presiones de selección similares resultan en cambios fenotípicos similares para dichos rasgos a través de los ambientes. Estos resultados sugieren que la selección para el mejoramiento del peso vivo y longitud de la concha podría ser efectiva en los reproductores de *M. chilensis.*

Toro (1998) diferenció genéticamente a *M. chilensis* de otros tres mejillones presentes en Chile realizando análisis de PCR de dos fragmentos de DNA nuclear (ITS y GLU-5) a muestras de tejidos del borde del manto. Ambos marcadores produjeron patrones de bandas especie-específicas. Posteriormente en el mismo año realizó un estudio sobre el estatus taxonómico de esta especie considerando la morfología de la concha y utilizando marcadores moleculares nucleares y mitocondriales (PCR). Para ello recolectó muestras de 4 especies (*Mytilus edulis*, *M. trossulus*, *M. galloprovincialis* y *M. chilensis*) desde la costa este de Newfounland (Canadá), Nueva Zelanda y desde el sur de Chile. Los resultados mostraron que *M. edulis*, *M. trossulus* y *M. chilensis* pueden ser separados morfológicamente en 3 diferentes grupos. Los 2 marcadores de DNA nuclear (ITS y GLU-5) y el marcador mtDNA estudiados indicaron que *M. edulis* y *M.*

trossulus son genéticamente diferentes. *M. edulis*, *M. galloprovincialis* y *M. chilensis* fueron iguales genéticamente con el marcador mtDNA e ITS, sin embargo con el GLU-5 los genotipos de *M. edulis* y *M chilensis* fueron diferentes, produciéndose patrones de banda especie-específicas que pueden ser usadas como un marcador diagnóstico entre estas dos especies. En este estudio se concluye que el chorito chileno debe ser incluido como subespecie de *M. edulis*. Toro et al. (2005) nuevamente caracterizan genéticamente a *M. chilensis*, demostrando evidencia de la presencia de *M. galloprovincialis* en el sur de Chile. Este estudio se realizó en 8 poblaciones a lo largo de la distribución natural de *M. chilensis*, realizando análisis de PCR con 3 marcadores moleculares nucleares (ITS, Glu-5 y Me). El ITS mostró patrones de banda similares a *M. edulis* y *M. galloprovincialis*. Los marcadores GLU-5 y Me mostraron un patrón de banda específica encontrada solamente en *M. galloprovincialis*, lo que sugiere que *M. galloprovincialis* está presente en la costa del sur de Chile.

Rego et al. (2002) utilizando PCR-Rapds analizó 4 especies de mejillones (*Mytilus edulis*, *Mytilus chilensis*, *Mytilus galloprovincialis*, y *Perna canaliculus*). Los resultados permitieron diferenciar genéticamente a *M. galloprovincialis* del resto de los mejillones.

Cárcamo et al. (2005) identifican alozímicamente a los mejillones de la costa del Pacífico sur de América, para clarificar su identidad taxonómica. Cuatro muestras desde el límite norte de la distribución de *Mytilus* fueron tomadas, así también muestras controles desde Europa (*M. edulis* y *M. galloprovincialis*) para comparación. 30 loci alozímicos fueron estudiados y 9 (Aco-1. Ap-1, Est-D, Gpi, Idh-1, Lap-1, Mpi. Me-2 y Odh) fueron parcialmente diagnósticos entre las muestras controles europeas. Las muestras chilenas, para 4 de los loci diagnósticos mostraron frecuencias intermedias para alelos típicos de *M. edulis* y *M. galloprovincialis* de las muestras control. Pero son más parecidas a aquellos de *M. edulis* para AP-1 y Mpi y a los de *M. galloprovincialis* para Aco-1 y Est-D. El locus Lap-1 mostró frecuencias alélicas similares a aquellos de *M. edulis*, mientras que el alelo más frecuente de los loci Gpi, Idh-1 and Odh, fue el típico de *M. galloprovincialis*, pero en una mayor frecuencia. Más aún, los loci parcialmente diagnósticos Me-2 y Lap-2, Pgm-2 y Pp mostraron importantes diferencias con respecto a las poblaciones controles. Las distancias génicas, los dendrogramas a escala multidimersinal, como también el análisis de componentes principales sobre las frecuencias alélicas y el análisis de correspondencia factorial sobre genotipos individuales, mostraron que las muestras del sur de América genéticamente son más cercanas a *M. galloprovincialis* europeo que a *M. edulis*, sin embargo poseen frecuencias alélicas particulares y características.

Estudios sobre caracterización genética poblacional de *Mytilus chilensis* han sido realizados recientemente por Toro et al (2004c) quiénes estudiaron la estructura genética de *M. chilensis* a lo largo de la costa chilena utilizando Rapds. Ocho poblaciones naturales (1900 km desde Arauco (VIII Región) a Punta Arenas (XII Región) fueron analizadas. Los resultados mostraron que los valores de distancia genética de Nei's, D (0.030-0.107), entre poblaciones fue pequeña a pesar de la gran separación geográfica. La población de Punta Arenas fue genéticamente diferente a las otras, aunque a una escala pequeña (D=0.076-0.107). Los niveles de flujo génico (Nm=1.55) evitan una diferenciación entre poblaciones por deriva génica, lo que se explica por el desarrollo en esta especie de larvas plantotróficas de larga vida, lo cual le da una habilidad de dispersión enorme a esta especie, facilitada además por las corrientes oceánicas presentes a lo largo de la costa chilena. Posteriormente se realizó un estudio similar por Toro et al. (2006) a partir de las frecuencias alozímicas de Pgm, Gpi, Icd, Me, Gsr, Lap and Pep, con resultados similares. A pesar de las grandes distancias geográficas, los valores de distancia genética, D (0.004-0.048) y la variación genética estandarizada entre poblaciones, Fst (0.011-0.055), fueron pequeñas. Los niveles de flujo génico (Nm=8) encontrados en este estudio previenen el efecto de diferenciación entre poblaciones por deriva génica. Esto En términos de manejo de la pesquería de esta especie, los resultados no dan evidencias de poblaciones discretas, con la posible excepción de la población de Punta Arenas.

7. Información complementaria

8. Secuencias

En el Genbank existen 14 secuencias para esta especie: 3 clones para el ADN satélite ApaI tipo 1, 3 clones para el ADN satélite ApaI tipo 2, 3 clones para el ADN satélite ApaI tipo 3 y 5 genes de histonas completos (H2A, H4, H3, H2B, H1).

9. Estudios filogenéticos

10. Investigaciones Prioritarias

REFERENCIAS GENÉTICAS

Alcapán AC, Nespolo RF & JE Toro (2007) Heritability of body size in the Chilean blue mussel (*Mytilus chilensis* Hupe 1854): effects of environment and ageing. Aquaculture Research 38 (3): 313-320.

Cárcamo C, Comesaña AS, Winkler FM & A Sanjuan (2005) Allozyme identification of mussels (Bivalvia : *Mytilus*) on the Pacific coast of South America. Journal of Shellfish Research 24 (4): 1101-1115.

Rego I, Martinez A, Gonzalez-Tizon A, Vieites J, Leira F & J Mendez (2002) PCR technique for identification of mussel species. Journal of Agricultural and Food Chemistry 50 (7): 1780-1784.

Toro JE & HD Sastre (1995) Induced triploidy in the chilean blue mussel, *Mytilus-chilensis* (Hupe, 1854), and performance of triploid larvae. Journal of Shellfish Research 14 (1): 161-164.

Toro JE & LI Paredes (1996) Heritability estimates of larval shell length in the Chilean blue mussel *Mytilus chilensis*, under different food densities. Aquatic Living Resources 9(4): 347-350.

Toro JE (1998a) Molecular identification of four species of mussels from southern Chile by PCR-based nuclear markers: The potential use in studies involving planktonic surveys. JOURNAL OF SHELLFISH RESEARCH 17 (4): 1203-1205.

Toro JE (1998b) PCR-based nuclear and mtDNA markers and shell morphology as an approach to study the taxonomic status of the Chilean blue mussel, *Mytilus chilensis* (Bivalvia). AQUATIC LIVING RESOURCES 11: 347.

Toro JE, Alcapán AC, Vergara AM & JA Ojeda (2004a) Heritability estimates of larval and spat shell height in the Chilean blue mussel (*Mytilus chilensis* Hupe 1854) produced under controlled laboratory conditions. Aquaculture Research 35 (1): 56-61.

Toro JE, Alcapán AC, Ojeda JA & AM Vergara (2004b) Selection response for growth rate (shell height and live weight) in the chilean blue mussel (*Mytilus chilensis* hupe 1854). Journal of Shellfish Research 23 (3): 753-757.

Toro JE, Ojeda JA & AM Vergara (2004c). The genetic structure of *Mytilus chilensis* (Hupe 1854) populations along the Chilean coast based on RAPDs analysis. Aquaculture Research 35 (15): 1466-1471.

Toro JE, Ojeda JA, Vergara AM, Castro GC & AC Alcapan (2005) Molecular characterization of the Chilean blue mussel (*Mytilus chilensis* Hupe 1854) demonstrates evidence for the occurrence of *Mytilus galloprovincialis* in southern Chile. JOURNAL OF SHELLFISH RESEARCH 24 (4): 1117-1121.

Toro JE, Castro GC, Ojeda JA & AM Vergara (2006) Allozymic variation and differentiation in the chilean blue mussel, *Mytilus chilensis*, along its natural distribution. Genetics and Molecular Biology 29 (1): 174-179.

OTRAS REFERENCIAS

Zagal C y C Hermosilla (2001) Guía de invertebrados marinos del litoral valdiviano. Impreso por Quebecor Wild Chile S.A., Santiago de Chile. 217 págs.

1. **Nombre científico** (común) *Ostrea chilensis* (Philippi,1845) (ostra chilena).

2. **Distribución** desde Chiloé en Chile y costas de Ecuador (Osorio, 2002).

3. **Biología/ historia de vida**

La concha bivalva es oval, con valvas desiguales, la inferior o izquierda que está adherida al sustrato es profunda y rugosa, mientras que la superior o derecha es casi plana y más pequeña. Presenta color blanco parduzco en su parte externa. La longitud máxima controlada es de 8.7 cm. Vive adherida a fondos rocosos o fangosos duros desde el intermareal hasta los 8 m, en bahías cerradas o en áreas protegidas del oleaje (Osorio, 2002).

Es una especie filtradora con alternancia de sexos. Los espermios son liberados al medio, mientras que los óvulos son liberados a la cavidad del manto, donde se produce la fecundación y la incubación (8 semanas) de los embriones hasta pedivéliger. Luego las larvas son liberadas al medio, su vida libre dura desde unos minutos hasta 24 horas, para luego fijarse a un sustrato (Osorio, 2002).

Se consume solo fresco enfriado. Debido al colapso de los bancos naturales y al éxito de su cultivo, se cosecharon 200 t en el año 2000 y se extrajeron 9 t desde bancos naturales. Su talla mínima de extracción es de 5 cm de diámetro (Osorio, 2002).

6. **Objetivos genéticos**

Los primeros trabajos en el área de genética realizados en *Ostrea chilensis* se llevaron a cabo por Guiñez et al. (1982) quiénes analizaron genéticamente 4 poblaciones de esta especie y por Ladrón de Guevara et al. (1984) quienes describieron su cariotipo.

En la primera mitad de la década de los 90, se realizan los primeros reportes sobre selección artificial y estimación de heredabilidad para el crecimiento en ostra chilena, considerando el carácter de la longitud de la valva y peso vivo en ostras adultas y juveniles y además considerando la variación espacial (Toro, 1991, 1995; Toro and Newkirk, 1991; Toro et al, 1992, 1994, 1995, 1996, 2004).

Estudios de variabilidad fenotípica para esta especie se realizaron por Toro y Newkirk (1990), Toro y Águila (1995) y Toro (1996).

La deficiencia de heterocigotos y sus posibles causas, relaciones de crecimiento y heterocigosidad fueron observadas por Toro et al. (1995, 1996) Toro y Vergara (1995, 1998).

Estudios sobre diferenciación genética poblacional se han realizado por Toro y Águila (1996) y González (2005).

5. **Marcadores genéticos**

En el estudio realizado por González (2005) se estandarizaron 4 primers, con un número de bandas Rapd generadas que varió de 10 a 12, obteniéndose un total de 43 bandas reproducibles (loci) los cuales presentaron un 100% de polimorfismo.

6. **Principales resultados**

La selección individual para la longitud de la concha fue aplicada a ostras de 30 meses de edad, provenientes de la población natural del estuario del Río Quempillén (sur de Chile). Tres grupos fueron elegidos (alto, medio y bajo) respecto a la talla de la concha. Se obtuvieron juveniles de los grupos medio y bajo. Una diferencia estadísticamente significativa ($P < 0.05$) fue detectada en la longitud de la concha luego de 30 meses entre la descendencia de ambos grupos, sugiriendo la presencia de efectos de genes aditivos para la tasa de crecimiento. La

heredabilidad realizada estimada (h^2 = 0.34 ± 0.12) para una disminución en la altura de la concha, indica que la selección sobre este carácter pude ser efectiva en *Ostrea chilensis* (Toro, 1991; Toro and Newkirk, 1991). El siguiente estudio sobre selección (Toro, 1995; Toro et al., 1992, 1994, 1995) es similar al anterior, pero además se aplica una intensidad de selección de ± 1.755 SD para el carácter de peso vivo. Una correlación altamente significativa (r = 0.94, N = 5.030) fue encontrada entre "peso vivo" y la "longitud de la concha". Los resultados muestran diferencias significativas en ambos caracteres, entre grupos altos y bajos, a los 8, 14 y 27 meses de edad. La heredabilidad estimada para el aumento del carácter "peso vivo" varió entre 0.43 ± 0.18 y 0.69 ± 0.11, mientras que para la heredabilidad estimada para la disminución del mismo carácter varió entre 0.24 ± 0.06 y 0.35 ± 0.08. Además, se monitorearon 100 juveniles de cada grupo seleccionado después de 7 y 15 semanas, obteniéndose diferencias significativas entre ambos caracteres. Un trabajo sobre la respuesta a la selección en crecimiento de juveniles de *Ostrea chilensis* se realizó recientemente, con resultados similares (Toro et al., 2004). Toro et al. (1996) incluyen en los estudios de selección artificial la variación espacial. Los resultados mostraron una diferencia significativa en ambos caracteres, entre bajo y alto a los 14 y 27 meses de edad, en los 4 sitios de crecimiento usados. Interacciones genotipo-ambiente no son aparentes en ninguno de los caracteres, indicando que las presiones de selección similar resultaron en cambios fenotípicos similares para estos caracteres en los distintos ambientes.

En el estudio realizado por Toro y Newkirk sobre variabilidad fenotípica (1990), *Ostrea chilensis* mostró una alta variabilidad en la tasa de crecimiento dentro de la población. Se determinó la correlación entre peso vivo y longitud de la concha en diferentes etapas del ciclo de vida de una cohorte de la especie. Las relaciones para ostras adultas y juveniles fueron positivas a través del período de estudio. Para la longitud de la concha el coeficiente de determinación fue mayor en ostras de 2 años de edad (r^2=0.88) mas que la de 1 año de edad (r^2=0.09). Ambos caracteres estuvieron mejor correlacionados a etapas más tardías del ciclo de vida. Por lo cual, a esa edad sería apropiado seleccionar progenitores pera los programas de mejoramiento de la tasa de crecimiento.

Posteriormente Toro (1996), probó la presencia de interacción genotipo-ambiente para la tasa de crecimiento y el efecto de variables ambientales sobre el crecimiento de la concha. Para ello juveniles provenientes de una cohorte de Quempillén, fueron puestos en tres localidades, dos profundidades y tres densidades diferentes a lo largo de la costa de Chiloé. Los efectos de las

tres variables y sus interacciones sobre la variación de la longitud de la concha a los 26 meses de edad fueron estadísticamente significativos. Es decir, ostras hermanas, crecen diferenciadamente en diferentes ambientes. La salinidad fue el factor más limitante para el crecimiento de la concha de *O. chilensis* en el estuario del río Quempillén.

Toro et al. (1995) observaron deficiencia de heterocigotos en una cohorte asentada sobre colectores artificiales en el estuario del río Quempillén. Fue usada para determinar la frecuencias genotípicas a los 6, 18 y 30 meses de edad, de las enzimas polimórficas: LAP, PGI y AC. Se encontró una deficiencia significativa de heterocigotos para los loci LAP (D=0.260) y AC (D=0.153) en los individuos de 18 meses de edad. En los adultos se observó valores negativos de D en todos los loci, siendo significativos para LAP y AC. Considerando mortalidades entre los 6 y 18 meses y entre los 18 y 30 meses estas fueron de 25% y 17% respectivamente, concluyéndose que en la cohorte existe un proceso de selección en contra de los heterocigotos en la etapa de juveniles, lo cual concuerda con lo registrado en la literatura para otras especies. Toro y Vergara (1995) discuten sobre el mecanismo que causa la deficiencia de heterocigotos en los ensayos electroforéticos llevados a cabo en bivalvos marinos, concluyendo que la más probable causa del aumento del grado de la deficiencia de heterocigotos con la edad es la selección en contra de los heterocigotos.

Toro et al. (1996) realizan un estudio sobre Heterocigosidad Multiple-locus (MLH), fisiología y crecimiento en dos etapas diferentes del ciclo de vida de la ostra chilena. En 150 individuos tomados al azar desde una cohorte producida en laboratorio, se estimaron variables fisiológicas y heterocigosidad individual usando 4 loci (Lap, Pgi, Pgm and Ca) a los 10 y 36 meses de edad. En juveniles de 10 meses hubo una correlación positiva entre el tamaño de la ostra y el MLH. También fue significativa la relación entre tasa de ingestión, tasa de absorción y MLH. El valor de la eficiencia de crecimiento neta estandarizada fue positivamente correlacionada al MLH. A los 36 meses a diferencia de los juveniles hubo una deficiencia de heterocigotos significativa. Las únicas relaciones significativas encontradas fueron la disminución de la tasa de ingestión y absorción con el aumento de la herocigocidad. Dentro de los individuos sexualmente inmaduros existe una correlación positiva entre tasa de crecimiento y MLH, sin embargo en los adultos La mayor asignación de energía para la reproducción se opone a la detección de esta relación.

Un análisis similar fue realizado en ostras de 12 meses por Toro y Vergara (1998). La mayoría de las relaciones fueron positivas y las base de las relaciones entre parámetros metabólicos y heterocigosidad puede ser debido a una sobredominancia en las ostras de 12 meses de edad.

Toro y Aguila (1995) realizaron cruzamientos factoriales con cinco poblaciones de ostra chilena aisladas geográficamente con el fin de evaluar la heterosis y la interacción genotipo-ambiente sobre caracteres de producción animal importantes económicamente. Luego de 24 meses se observó una ganancia inicial de 41.5% en longitud de la concha y 59.7% en peso vivo fue logrado usando la Bahía de Linao como sitio de crecimiento. Los más altos porcentajes de heterosis fueron encontrados entre las poblaciones de Pullinque y Rilán (44.6%). Los resultados apuntan a la presencia de efectos de genes no-aditivos (dominancia) sobre ambos caracteres pero no implica que los cruzamientos estén garantizados.

Toro y Aguila (1996) determinan el grado de subdivisión genética en la ostra chilena mediante el estudio de la distribución geográfica de las aloenzimas (Lap, Ca, Gpi y Pgm). Cuatro muestras fueron tomadas dentro de la Isla de Chiloé y una de Melinka (Islas Guaitecas). Los resultados concluyeron que existe relativamente poca variación genética dentro de las poblaciones y una relativamente gran cantidad de diversidad genética entre poblaciones (F_{IS}= 0.109 y F_{ST}= 0.138). Otro estudio más reciente (González, 2005) investigó la variabilidad genética en 5 poblaciones naturales situadas en el actual rango de distribución natural de esta especie (X^a y XI^a regiones). Para ello se utilizó la técnica de PCR y Rapds. Los valores de distancia genética de Nei (1972) encontrados no fueron significativos y se presentaron en un rango de (0.0713–0.1549). El test de Mantel evidenció una correlación significativa ($r=0.605$, $p<0.05$) entre la distancia geográfica y la distancia genética. La población de Melinka situada a una mayor distancia geográfica mostró ser la más diferente genéticamente con una escala de diferenciación de (0.8842-0.1549). Los niveles de flujo génico registrados (Nm= 1.5877), indican que el flujo génico estaría actuando por sobre la deriva génica para diferenciar genéticamente las poblaciones. El flujo génico observado no permite una significativa diferenciación genética interpoblacional. Según los resultados, no es posible identificar claramente la conformación de una sola unidad reproductiva, ya que la población de Melinka posiblemente pudiese estar formando un stock discreto.

7. **Información complementaria**

8. **Secuencias**

En el Genbank existen 11 secuencias parciales para esta especie: una para el gen act1, una para el gen act 2, 3 para el ITS, 2 para el gen 28S rRNA, 3 para el gen COI y una para el gen 16SrRNA.

9. **Estudios filogenéticos**

10. **Investigaciones Prioritarias**

REFERENCIAS GENÉTICAS

González C. (2005). Estructura genético-poblacional y flujo génico en *Ostrea chilensis*, utilizando marcadores moleculares RAPds. Tesis para optar al grado de Licenciado en Biología Marina. Universidad Austral de Chile, Valdivia.

Guiñez R, Galleguillos R & J Henríquez (1982) Genetical analysis of four *Ostrea chilensis* populations. Archivos de Biología y Medicina Experimentales, 15(2): 129.

Ladron de Guevara B, Winkler F & C Palma (1984) Karyotype description and the position of the nucleolar organizer region (NOR) in the Chilean oyster *Tiostrea chilensis* (Philippi) Chanley and Dinamani. Genetics and Evolution of Aaquatic Organisms 1(7): 399-405.

Toro JE (1991) Response to artificial selection and realized heritability estimation for shell height in the Chilean oyster *Ostrea chilensis* , Philippi 1845. Revista de Biología Marina, 26(2): 267-280.

Toro JE (1995) Response to artificial selection and realized heritability estimates for live weight and shell length for Chilean native oyster (*Ostrea chilensis* Philippi 1845). Aquaculture, 137: 271-272

Toro JE (1996) Phenotypic response of a cohort of *Ostrea chilensis* (Philippi, 1845) to differing environmental conditions in three oyster farms in southern Chile. Aquaculture Research 27: 1-7.

Toro JE, Alcapán AC, Ojeda JA & AM Vergara (2004) Respuesta a la selección genética para crecimiento en juveniles de *Ostrea chilensis* Philippi (Bivalvia: Ostreidae), mantenidos en condiciones de laboratorio. Revista de Biología Marina y Oceanografía, 39(2):53-59.

Toro JE, Aguila PR, Vergara AM & GF Newkirk (1994) Realized heritability estimates for growth from data on tagged Chilean native oyster (*Ostrea chilensis*). World Aquaculture, 25: 29-30.

Toro JE y PR Aguila (1995) Cruzamientos factoriales con cinco poblaciones de ostra chilena (*Ostrea chilensis* Philippi 1845) aisladas Geográficamente Arch. Med. Vet. 27: 69-80.

Toro JE & PR Aguila (1996) Genetic differentiation of populations of the oyster Ostrea chilensis in southern Chile. Aquatic Living Resources, 9(1): 75-78.

Toro JE, Aguila PR & AM Vergara (1996) Spatial variation in response to selection for live weight and shell length from data on individually tagged Chilean native oysters (*Ostrea chilensis* Philippi, 1845). Aquaculture 146: 27-36.

Toro JE & GF Newkirk (1990) Phenotypic analysis in the Chilean oyster, *Ostrea chilensis* Philippi 1845: relationship between juvenile and adult growth rates. Aquaculture and Fisheries Management, 21: 285-291.

Toro JE & GF Newkirk (1991) Response to artificial selection and realized heritability estimate for shell height in the Chilean oyster *Ostrea chilensis*. Aquatic Living Resources, 4 (2): 101-108.

Toro JE & AM Vergara (1995) Evidence for selection against heterozygotes: Post-settlement excess of allozyme homozygosity in a cohort of the Chilean oyster, *Ostrea chilensis* Philippi, 1845. Biol.BULL. 188: 117-119.

Toro JE, Vergara AM y R Galleguillos (1995) Deficiencia de heterocigotos en una cohorte de *Ostrea chilensis* (Philippi, 1845). Biología Pesquera, 24: 3-6.

Toro JE, Vergara AM & R Galleguillos (1996) Multiple-locus heterozygosity, physiology and growth at two different stages in the life cycle of the Chilean oyster *Ostrea chilensis.* Mar Ecol Prog Ser. 134: 151-158.

Toro JE & AM Vergara (1998) Growth and heterozygosity in a 12-month-old cohort of *Ostrea chilensis* obtained by mass spawning in the laboratory. Marine Ecology 19 (4): 311-323.

Toro JE, Sanhueza MA y JE Winter (1992) Respuesta a la selección genética divergente en juveniles de *Tiostrea chilensis* Philippi 1845 Invest. Pesq. 37: 89-96.

Toro JE, Sanhueza MA, Winter JE, Aguila PR y AM Vergara (1995) Selection response and heritability estimates for growth in the Chilean oyster *Ostrea chilensis* (Philippi, 1845). J. Shellf. Res. 14: 87-92.

OTRAS REFERENCIAS

Osorio C (2002) Moluscos marinos en Chile, especies de importancia económica. Guía para su identificación. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Pág. 52.

Fichas

- **ALGAS**

Fuente: www.algaspardas.cl

Nombre científico (común) ***Macrocystis pyrifera*** Linnaeus (HUIRO)

Descripción

Alga parda perteneciente a la familia *Lessoniaceae.* Esta especie se distribuye desde la VII región hasta el Canal Beagle en roquerío semiexpuestos al oleaje desde el intermareal inferior hasta el submareal, estructurando densas poblaciones (Alveal et al. 1990).

Marcadores genéticos

Existen marcadores genéticos del tipo alozimas y RFLP para esta especie en USA.

Principales resultados

Existe extremadamente bajo polimorfismo de alozimas entre y dentro de poblaciones.

Secuencias

En el gene bank existen 66 secuencias de ADN y 25 de proteínas. Entre las primeras se encuentran principalmente secuencias del gen nuclear 18s, del gen del cloroplasto rbcL (ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit) de clones de Chile, Nueva Zelandia, Tasmania y Bahía Monterrey.

Referencias Genetica

Apt Ke, Clendennen Sk, Powers Da, et al. (1995) The gene family encoding the fucoxanthin chlorophyll proteins from the brown alga *Macrocystis-pyrifera*. Molecular & General Genetics 246 (4): 455-464.

Billot C, Boury S, Benet H, et al (1999) Development of RAPD markers for parentage analysis in *Laminaria digitata.* Botanica Marina 42 (3): 307-314.

Caron L, Douady D, QuinetSzely M, et al. (1996) Gene structure of a chlorophyll a/c-binding protein from a brown alga: Presence of an intron and phylogenetic implications. Journal of Molecular Evolution 43 (3): 270-280.

Coyer Ja, Robertson Dl, Alberte RS. 1994. Genetic-variability within a population and between diploid/haploid tissue of *Macrocystis-pyrifera* (phaeophyceae). Journal of Phycology 30 (3): 545-552.

Coyer Ja, Robertson Dl, Alberte RS. 1995. Genetic-variability and parentage in *Macrocystis-pyrifera* (phaeophyceae) using multilocus DNA-fingerprinting. Journal of Phycology 31 (5): 819-823.

Coyer JA, Olsen JL & WT Stam (1997) Genetic variability and spatial separation in the sea palm kelp *Postelsia palmaeformis* (Phaeophyceae) as assessed with M13 fingerprints and RAPDs. Journal of Phycology 33 (4): 561-568.

Neefus Cd, Allen Bp, Baldwin Hp, et al. 1993. An examination of the population-genetics of laminaria and other brown-algae in the laminariales using starch-gel electrophoresis. Hydrobiologia 261: 67-79.

Procaccini G, Alberte RS & L Mazzella (1996) Genetic structure of the seagrass Posidonia oceanica in the western Mediterranean: Ecological implications. Marine Ecology-Progress Series 140 (1-3): 153-160

Referencias Genética

Alveal K. et al. 1990. Guía de algas marinas chilenas de importancia económica: red de algas marinas-Chile / editor Red de Algas Marinas-Chile. CIID.

Helmuth B, Veit Rr, Holberton R. 1994. Long-distance dispersal of a sub-antarctic brooding bivalve (*Gaimardia-trapesina*) by kelp-rafting. Marine Biology 120 (3): 421-426.

Fuente:www.guiamarina.com

1. Nombre científico (común) ***Gracilaria chilensis*** (Bird, McLachlan & Oliveira 1986) (PELILLO)

2. Descripción

Alga roja perteneciente a la familia Gracilariaceae. Esta alga representa uno de los mayores desembarques pesqueros y de cultivo de algas en Chile. Se utiliza principalmente para la producción de agar. Una de las principales características de esta especie es la notable variación intra-clonal. Se distribuye desde Coquimbo hasta Aysén en sustratos blandos y duros, su distribución batimétrica es desde los 0 a los 10 metros de profundidad en sectores marinos protegidos (IV y VIII región) como estuarinos (X y XI región) (Alveal et al. 1990).

3. Marcadores genéticos

Existe una amplia variedad de marcadores genéticos desarrollados para poblaciones en Chile entre los que se encuentran alozimas, RAPD, microsatélites y RFLP.

4. Principales resultados

Estudios de diversidad genética revelan bajos niveles de heterocigosidad fluctuando entre 0.00 a 0.51.

5. Secuencias

En el Genebank existen 48 secuencias de ADN y 77 de proteínas. Entre las primeras se encuentran principalmente microsatélites, el gen nuclear 18s, el gen del cloroplasto rbcL (ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit) y el gen cox2 (cytochrome oxidase subunit 2). Además, se encuentran dos secuencias completas del genoma plastidial de *G. chilensis* con un largo entre 3937 y 7220 nucleótidos.

6. Estudios filogenéticos

Gurgel y Fredericq (2004) realizan un análisis filogenético con el gen rbcL codificado por el cloroplasto en 67 especímenes de la Familia Gracilariaceae, colectadas a nivel mundial. Los resultados confirman la monofilia de la familia e identifica tres grandes clados incluyendo a Gracilaria, el cual contiene 9 linajes independientes. La divergencia genética de RCBL entre géneros de la familia Gracilariaceae varían entre 8.46% y 16.41%, mostrando 2,5 veces mas variación que el gen nuclear 18S del ARN ribosomal.

REFERENCIAS GENÉTICA

Candia A, Gonzalez MA, Montoya R, Gomez P & W Nelson (1999) Comparison of ITS RFLP patterns of *Gracilaria* (Rhodophyceae, Gracilariales) populations from Chile and New Zealand and an examination of interfertility of Chilean morphotypes. Journal of Applied Phycology 11 (2): 185-193.

González M, Montoya R, Candia A, Gomez P & M Cisternas (1996) Organellar DNA restriction fragment length polymorphism (RFLP) and nuclear random amplified polymorphic DNA (RAPD) analyses of morphotypes of Gracilaria (Gracilariales, Rhodophyta) from Chile. Hydrobiologia 327: 229-234.

Guillemin ML, Destombe C, Faugeron S, Correa JA & M Valero (2005) Development of microsatellites DNA markers in the cultivated seaweed, *Gracilaria chilensis* (Gracilariales, Rhodophyta). Molecular Ecology Notes 5 (1): 155-157.

Gurgel CFD & S Fredericq (2004) Systematics of the gracilariaceae (Gracilariales, rhodophyta): A critical assessment based on rbcL sequence analyses. Journal of Phycology 40 (1): 138-159.

Intasuwan S, Gordon ME, Daugherty Ch & GC Lindsay (1993) Assessment of allozyme variation among new-zealand populations of *Gracilaria chilensis* (Gracialiares, Rhodophyta) using starch-gel electrophoresis. Hydrobiologia 261:159-165.

Meneses, I. 1996. Assessment of populations of *Gracilaria chilensis* (Gracilariales, Rhodophyta) utilizing RAPDs. Journal of Applied Phycology 8 (3): 185-192.

Meneses I & B Santelices (1999) Strain selection and genetic variation in *Gracilaria chilensis* (Gracilariales, Rhodophyta). Journal of Applied Phycology 11 (3): 241-246.

Meneses I, Santelices B & P Sanchez (1999) Growth-related intraclonal genetic changes in *Gracilaria chilensis* (Gracilariales : Rhodophyta). Marine Biology 135 (3): 391-397.

Meneses I (2001) Insights on the biology of *Gracilaria chilensis* using molecular techniques. Cahiers de Biologie Marine 42 (1_2) 45-51.

Santelices B, Aedo D & D Varela (1995) Causes and implications of intra-clonal variation in *Gracilaria chilensis* (Rhodophyta). Journal of Applied Phycology 7 (3): 283-290.

Santelices B (2001) Advances in the study of intraclonal variation in *Gracilaria chilensis* (Rhodophyta). Cahiers de Biologie Marine 42 (1_2): 39-44.

Wattier R, Dallas JF, Destombe C, SaumitouLaprade P & M Valero (1997) Single locus microsatellites in Gracilariales (Rhodophyta): High level of genetic variability within *Gracilaria gracilis* and conservation in related species. Journal of Phycology 33 (5): 868-880.

Kapraun DF. 1993. Karyology and cytophotometric estimation of nuclear-dna content variation in gracilaria, gracilariopsis and hydropuntia (Gracilariales, Rhodophyta). European Journal Of Phycology 28 (4): 253-260.

OTRAS REFERENCIAS

Alveal K. et al. 1990. Guía de algas marinas chilenas de importancia económica: red de algas marinas-Chile / editor Red de Algas Marinas-Chile. CIID.

Santelices, B. 1999. How many kinds of individual are there?. Trends in Ecology & Evolution 14 (4): 152-155.

Meneses, I. 1996. Sources of morphological variation in populations of *Gracilaria chilensis* Bird, McLachlan & Oliveira of Chile. Revista Chilena de Historia Natural 69 (1): 35-64.