FIP

FONDO DE INVESTIGACION PESQUERA

INFORMES TECNICOS F I P

FIP - IT / 94 - 18

INFORME FINAL : UNIDADES DE STOCK EN EL RECURSO MERLUZA COMUN DE LA ZONA CENTRO-SUR

UNIDAD EJECUTORA : INSTITUTO DE FOMENTO PESQUERO, DIRECCION ZONAL V, VI, VII, VIII Y IX REGIONES E ISLAS OCEANICAS

Bellavista 168 Piso 21 ■ Teléfono 212187 ■ Fax 250763 ■ Valparaíso

REQUIRENTE:

CONSEJO DE INVESTIGACION PESQUERA - CIP
Presidente del Consejo: JUAN MANUEL CRUZ SANCHEZ

EJECUTOR:

INSTITUTO DE FOMENTO PESQUERO - IFOP
Director Ejecutivo: PABLO ALVAREZ TUZA

JEFE DE PROYECTO:

IGNACIO PAYA C.

AUTORES:

Analisis Morfométrico
CIRO OYARZUN

Talla de Primera Madurez
IGNACIO PAYA

Marcadores Genéticos
RICARDO GALLEGILLOS

Análisis Parasitológico
MARCELO OLIVA

• Mayo de 1997 •

ABSTRACT

Stock identification of Chilean hake (Merluccius gayi) was made by electrophoretical, morphological, sexual maturity and parasitological methods. Hake from Coquimbo (29-32°S), San Antonio (32-35°S), Talcahuano (35-38°S) and Puerto Montt harbor(38-41°S) were collected during April/95 to July/95; August/95 to November/95 and December/95 to March/96.

A total of 27 morphological nested variables of 1504 individuals were analyzed by Principal Component Analysis (PCA), MANOVA and Discriminant Analysis (DA). PCA showed high overlapping between zones and periods, MANOVA found significant differences but DA showed that only 50% of individuals are classified correctly.

The length of the first maturity was estimated for individuals collected from 1983 to 1993 in the northern (<37°S) and southern areas (>37°S). The estimates was obtained by a maximun likelihood technique. No difference was found at the level of 5% of plausibility.

Analysis of 6 polymorfic loci were done through electrophoresis techniques. Hardy-Weinberg equilibrium was found so no genetical differences exist.

No differences on the species composition of the parasitological fauna was found. PCA of infection rate based on 9 taxa of metazoa parasites showed that the hake of Puerto Montt harbor has different infection rate than the other zones.

The hake spawns through the year with a main spawning season in spring and a second spawning in fall. Spawning is concentrated in four areas, from which the morphological and parasitological differences seems to arise. Adult individuals from these zones are mixed by migration process, which produce no genetical differences and the same length of first maturity.

Results show that Chilean hake has only one stock, i.e. it is composed by a group of individuals that randomly mix to reproduce and have genetical integrity that persist in the time.

RESUMEN EJECUTIVO

Para determinar la presencia de unidades de stock del recurso merluza común se realizaron estudios morfológicos, de la talla de primera madurez sexual, genéticos y parasitológicos.

Se muestrearon ejemplares provenientes de las zonas de: 1) Coquimbo (29°S a 32°S); 2) San Antonio (32°S a 35°S); 3) Talcahuano (35°S a 38°S) y 4) Corral-Pto. Montt (38°S a 41°S). Los muestreos se realizaron en 3 períodos: 1) Abril 1995 - Julio 1995; 2) Agosto 1995 - Noviembre 1995 y 3) Diciembre 1995 - Marzo 1996.

En el estudio de la morfología de los peces se aplicó un diseño de entramado, cuyas medidas posteriormente se analizaron mediante técnicas multivariadas. Se midieron 27 distancias corporales (variables) a cada uno de los 1504 peces muestreados. Luego de las transformaciones que la metodología requiere, los datos fueron usados para un Análisis de Componentes Principales (ACP), como técnica exploratoria. Posteriormente, se efectuó un MANOVA para verificar la significancia de las diferencias encontradas. Finalmente, se realizó un Análisis Discriminante (complementado con la estimación de la Distancia de Mahalonobis) sobre las muestras agrupadas por zonas. El ACP en algunos muestreos mostró algún grado de separación entre las muestras, pero en la mayoría de los casos el patrón predominante fue la sobreposición de los puntos que representan a los individuos de distintas zonas. Por su parte, el MANOVA encontró diferencias en todos los muestreos, siendo particularmente notable al comparar las muestras de lugares extremos (Coquimbo-Pto. Montt). Coincidiendo con el ACP, el Análisis Discriminante indica que en promedio sólo poco más del 50% de los individuos es reasignado a las muestras originales y el resto puede ser asignado a cualquiera de las otras tres zonas. La

conclusión en el aspecto morfológico es que no existe un patrón permanente de diferenciación, sino que por el contrario, ejemplares de distinta procedencia se están mezclando, y que las diferencias encontradas serian el reflejo de efectos que pueden estarse produciendo a escala ecológica, en donde condiciones temporales, que afectan a una cohorte zona-específica, se manifiestan también como una respuesta zona-específica de la morfología corporal.

Desde el punto de vista de la dinámica reproductiva del recurso se analizó las variaciones espacio-temporales de la talla de 1° madurez sexual (L50%). Para esto, se utilizaron los muestreos realizados en el crucero de evaluación directa de merluza común efectuado en agosto de 1993 y la información histórica de los muestreos biológicos que IFOP realizó desde 1983 a 1993.

De los datos de madurez obtenidos en el crucero de investigación de 1993, se identificaron 5 áreas de concentración reproductiva. Mediante la estimación de L50% y su intervalo de plausibilidad al 5%, se determinó que en 1993 los ejemplares de la zona ubicada al norte de los 37°S, maduraron a menor talla que los individuos al sur de esta latitud.

Para evaluar la consistencia interanual de estas diferencias, se estimaron desde 1983 a 1993 para la zona norte (<37°S) y sur (>37°S), las tallas de 1° madurez para cada sexo por separado y sus respectivos intervalos de plausibilidad al 5%. Se encontraron escasas diferencias plausibles entre años y zonas, mostrando una estabilidad histórica en la talla de 1° madurez, que indica la presencia de un solo gran stock de merluza común.

Desde el punto de vista de los marcadores genéticos, analizados mediante las técnicas de electroforesis en gel de almidón, se

destacaron 6 loci polimórficos, los cuales se examinaron en las cuatro localidades de muestreo: Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Cada lugar fue muestreado en 3 oportunidades. Para cada muestra se calcularon las frecuencias génicas y genotípicas. Dentro de los parámetros poblacionales, se observó que la heterocigosidad es muy poco variable en sus rangos en las cuatro localidades y que al mismo tiempo la mayoría de las muestras se encuentran dentro del equilibrio de Hardy - Weinberg.

Se aplicaron una serie de pruebas con los datos de frecuencias génicas sin resultados contradictorios, lo que indicaría que hasta el momento, con la aplicación de esta técnica específica que analiza la información genética, no es posible discriminar stock, considerados como grupo intraespecífico de individuos que se cruzan al azar y que tienen una integridad temporal o espacial.

El análisis parasitológico de 782 ejemplares provenientes de 4 localidades : Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt reveló la presencia de 10920 parásitos metazoos, pertenecientes al menos a 21 taxa. De estos, 9 presentan prevalencias de infección superiores al 5% y fueron utilizados en análisis multivariado (Análisis de Componentes Principales ACP) para evaluar la posible existencia de subunidades poblacionales.

Los resultados de ACP permiten discriminar con claridad una unidad independiente que está asociada a la zona de pesca de Puerto Montt. Un segundo núcleo corresponde a los especímenes provenientes de San Antonio y Talcahuano, con un nivel de sobreposición que permite considerarlos como una unidad. Finalmente, es aparente un núcleo asociado a la zona de Coquimbo. Este último núcleo, si bien no se sobrepone al grupo San Antonio-Talcahuano, no presenta una discriminación tan clara como Puerto Montt, al menos en el eje 1. El análisis de material proveniente de áreas

pesqueras más al norte de Coquimbo, podría confirmar la existencia de esta tercera subunidad poblacional.

La distribución de la carga parasitaria de las merluzas de Puerto Montt resulta mucho más homogénea que la de las otras localidades, lo que gráficamente se expresa como una zona con poca dispersión, al contrario de San Antonio en que la dispersión de la información es más acentuada.

Considerando los resultados del presente proyecto e integrándolos con los principales antecedentes de la biología del recurso se postula la siguiente síntesis:

La merluza común desova durante todo el año, presentando un desove principal en primavera y otro secundario en otoño. El desove se realiza a lo largo de toda la distribución del recurso, no obstante se presentan cuatro zonas de mayor concentración: 1) Papudo-Valparaíso; 2) Constitución-Talcahuano; 3) Lebu y 4) Bahía San pedro, lo que determinaría en los primeros estados de vida, la generación de las diferencias morfológicas detectadas. Las principales zonas de reclutamiento a la pesquería se corresponden con las zonas de desove, sugiriendo un cierto grado de residencia en ejemplares menores de 37 cm. Los individuos reproductivos (> 37 cm) realizan extensas (más de 200 mn) migraciones estacionales relacionadas con el desove y probablemente con aspectos tróficos, lo que explicaría: la gran homogeneidad genética; la estabilidad en la talla de primera madurez sexual en las diferentes zonas de desove; la gran mezcla de los distintos morfos y la falta de diferencias cualitativas en la fauna parasitaria. No obstante, parece razonable pensar, que hacia los extremos geográficos de la distribución del stock (Coquimbo y Pto. Montt), puedan existir fracciones con diferencias cuantitativas en sus faunas parasitarias, las cuales pueden denominarse stocks ecológicos.

Finalmente, según la definición pesquera de stock adoptada en este proyecto, que considera a una unidad de stock como un conjunto de peces que se entrecruzan al azar para reproducirse y que poseen una integridad genética que persiste en el tiempo, se concluye que existe una sola unidad de stock del recurso merluza común.

INDICE GENERAL

	Páginas
RESUMEN EJECUTIVO	i
INDICE GENERAL	vi
INDICE DE FIGURAS	vii
INDICE DE TABLAS	ix
1. OBJETIVO GENERAL	1
2. OBJETIVOS ESPECIFICOS	1
3. ANTECEDENTES	2
4. METODOLOGIA	4
4.1 Area y época de estudio	4
4.2 Análisis morfométrico	5
4.3 Talla media de primera madurez	14
4.3.1 Estimación de los parámetros de madurez	16
4.3.2 Regiones de plausibilidad	18
4.4 Marcadores genéticos	19
4.5 Análisis parasitológico	21
5. RESULTADOS	29
5.1 Análisis morfométrico	29
5.2 Talla media de primera madurez	33
5.3 Análisis de marcadores genéticos	35
5.4 Análisis parasitológico	38
6. DISCUSION	45
6.1 Análisis morfométrico	45
6.2 Talla media de primera madurez	46
6.3 Análisis de marcadores genéticos	48
6.4 Análisis parasitológico	50
6.5 Análisis integrado	52
7. CONCLUSIONES	56
8. REFERENCIAS CITADAS	58
FIGURAS	
TABLAS	

INDICE DE FIGURAS

Figura 1 Puntos o "hitos morfológicos" usados en la estimación de variables merísticas en la metodología del entramado, de acuerdo a Strauss y Bookstein (1982).

Figura 2 Morfometría corporal de Merluccius en las cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) en el primer muestreo. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 69,76% de la varianza total.

Figura 3 Morfometría corporal de Merluccius en cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) en el segundo muestreo. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 70,7% de la varianza total.

Figura 4 Morfometría corporal de Merluccius en cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) en el tercer muestreo. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 80,9% de la varianza total.

Figura 5 Distribución de probabilidades estadístico T^2 de Hotelling. 500 iteraciones para comparación entre Coquimbo y Sur. La flecha indica la ubicación del valor calculado (692,16).

Figura 6 Morfometría corporal de Merluccius gayi en las cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) considerando todos los muestreos. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 77,8% de la varianza total.

Figura 7 Longitud de primera madurez en hembras (cuadrado lleno) y machos (cuadrado vacío) de merluza común en el crucero de investigación de 1993. La barra vertical corresponde a la región de 5% de plausibilidad.

Figura 8 Modelo logístico de madurez e intervalo de 5% de plausibilidad del crucero de investigación de 1993.(A) Hembras zona norte, (B) Machos zona norte, (C) Hembras zona sur, (D) Machos zona sur.

Figura 9 Talla de 1° madurez de machos por años y áreas (N=Norte de 37°S y S= Sur de 37°S). La barra vertical corresponde al intervalo de 5% de plausibilidad y el número debajo de la barra indica los ejemplares analizados.

Figura 10 Talla de 1° madurez de hembras por años y áreas (N=Norte de 37°S y S= Sur de 37°S). La barra vertical corresponde al intervalo de 5% de plausibilidad y el número debajo de la barra indica los ejemplares analizados.

Figura 11 Gráfico de desviación estandarizada en el locus PGI-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

Figura 12 Gráfico de la desviación estandarizada en el locus PGI-2 para todas las muestras agrupadas por localidad.

Figura 13 Gráfico de la desviación estandarizada en el locus PGM-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

Figura 14 Gráfico de la desviación estandarizada en el locus IDH-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

Figura 15 Gráfico de la desviación estandarizada en el locus IDH-2 para todas las muestras agrupadas por localidad.

Figura 16 Gráfico de la desviación estandarizada en el locus AAT-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

Figura 17 Tendencias latitudinales en prevalencia

Figura 18 Tendencias latitudinales en abundancia

Figura 19 Análisis de componentes principales por zonas

INDICE DE TABLAS

Tabla 1a. Número de individuos y tallas (media, mínimo, máximo y desviación estándar) por zonas y muestreos (1-3), empleados en los análisis morfométricos.

Tabla 1b. Proporciones sexuales en las muestras de merluzas utilizadas para el análisis morfométrico.

Tabla 1c. Pruebas de normalidad para las variables morfométricas estudiadas en merluza (V= variable morfométrica; W= valor estadístico Shapiro-Wilk; p= valor de probabilidad).

Tabla 2. Morfometría del cuerpo del pez, Merluccius gayi. Prueba de significancia del contraste de los vectores morfométricos entre las localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur). Primera muestra.

Tabla 3. Morfometría del cuerpo del pez, Merluccius gayi. Prueba de significancia del contraste de los vectores morfométricos entre las localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur). Segunda muestra.

Tabla 4. Morfometría del cuerpo del pez, Merluccius gayi. Prueba de significancia del contraste de los vectores morfométricos entre las localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur). Tercera muestra.

Tabla 5. Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo y Puerto Montt. Considerando los tres muestreos.

Tabla 6. Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Considerando los tres muestreos.

Tabla 7 Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo y San Antonio. Todas las muestras.

Tabla 8 Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de San Antonio y Talcahuano. Todas las muestras.

Tabla 9 Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Talcahuano y Pto. Montt. Todas las muestras.

Tabla 10 Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando las tres muestras de Talcahuano mezcladas al azar y separadas arbitrariamente en dos grupos.

Tabla 11 Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando las tres muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Pto. Montt, mezcladas al azar y separadas arbitrariamente en cuatro grupos aleatorios, conservando el tamaño de muestra original.

Tabla 12 Resultados del análisis de discriminante de la morfometría por zonas (G1=Coquimbo, G2=San Antonio, G3=Talcahuano y G4=Pto. Montt)

Tabla 13 Distancias de Mahalanobis por zonas (G1=Coquimbo, G2=San Antonio, G3=Talcahuano y G4=Pto. Montt)

Tabal 14 Resultados del análisis de discriminante por variable morfométrica.

Tabla 15. Talla de 1° madurez (L50%) por sexo de los datos del crucero de investigación de 1993.

Tabla 16. Talla de 1° madurez (L50%) de machos

Tabla 17. Diferencias plausibles (SI=1 y NO=0) en la talla de 1° madurez de machos.

Tabla 18. Talla de 1° madurez (L50%) de hembras.

Tabla 19. Diferencias plausibles (SI=1 y NO=0) en la talla de 1° madurez de hembras.

Tabla 20. Frecuencias alélicas en doce muestras de Merluza común (Merluccius gayi) para seis loci (A=Coquimbo 1; B= San Antonio 1; C= Talcahuano 1; D= Puerto Montt 1; E= Coquimbo 2; F= San Antonio 2; G= Talcahuano 2; H= Puerto Montt 2; I= Coquimbo 3; J= San Antonio 3; K= Talcahuano 3; L= Puerto Montt 3).

Tabla 21. Frecuencias alélicas en doce muestras de Merluza común (Merluccius gayi) para seis loci (A=Coquimbo 1; B= Coquimbo 2; C= Coquimbo 3; D= San Antonio 1; E= San Antonio 2; F= San Antonio 3; G= Talcahuano 1; H= Talcahuano 2; I= Talcahuano 3; J= Puerto Montt 1; K= Puerto Montt 2; L= Puerto Montt 3).

Tabla 22. Variabilidad genética para los 6 loci totales en las 12 muestras de Merluza común. (error estándar entre paréntesis).

Tabla 23. Valores de Chi-cuadrado y probabilidad para el ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg para cada uno de los loci en las doce muestras. (A=Coquimbo 1; B= Coquimbo 2; C= Coquimbo 3; D= San Antonio 1; E= San Antonio 2; F= San Antonio 3; G= Talcahuano 1; H= Talcahuano 2; I= Talcahuano 3; J= Puerto Montt 1; K= Puerto Montt 2; L= Puerto Montt 3).

Tabla 24. Matriz de Identidad y Distancia Genética según los coeficientes de Nei (1978) calculados para las doce muestras de Merluza común. Bajo la diagonal: Identidad genética insesgada de Nei (1978). Sobre la diagonal: Distancia genética de Nei (1978).

Tabla 25. Resumen de los estadísticos F en cada uno de los loci en las doce muestras analizadas de Merluza común.

Tabla 26. Valores test de G para los seis loci, para cada uno de los muestreos dentro de las diferentes localidades.

Tabla 27. Valores test de G para los seis loci entre localidades para cada uno de los tiempos de muestreo.

Tabla 28. Composición de tallas de las muestras.

Tabla 29. Prevalencia de infección.

Tabla 30. Intensidad media de infección.

Tabla 31. Talla media por localidad.

1. OBJETIVO GENERAL

Identificar unidades de stock en el recurso merluza común explotado en el litoral de las regiones IV a X.

2. OBJETIVOS ESPECIFICOS

1. Determinar la variabilidad de las variables y/o caracteres y/o marcas biológicas y/o atributos para el recurso merluza común.

2. Identificar las variables y/o caracteres y/o marcas biológicas que aporten mayor variabilidad entre localidades, a través de muestras simultáneas obtenidas para la merluza común.

3. Determinar el grado de variación intralocal de las variables y/o caracteres y/o marcas biológicas para la merluza común.

4. Determinar la estabilidad temporal de las variables y/o caracteres y/o marcas biológicas para la merluza común.

5. Determinar la existencia de diferentes unidades de stock para el recurso merluza común dentro del área de estudio.

3. ANTECEDENTES

Desde el año 1940 y por tres décadas consecutivas, la merluza común (Merluccius gayi gayi) fue el recurso que sustentó la pesquería de arrastre más importante del país. Esta pesquería operó sobre la plataforma continental y el talud de la zona central, entre Punta Gruesa (31°S) y Corral (40°S). Durante los últimos quince años de este período de explotación intensa, sus capturas oscilaron alrededor de las 80 mil toneladas. Posteriormente, a partir de 1971, se inicia una rápida disminución de las capturas, estabilizándose desde 1975 en el nivel de las 30 mil toneladas, tendencia en que se mantuvo hasta la actualidad, exceptuando los dos últimos años de la serie que muestran signos evidentes de una nueva etapa de crecimiento de las capturas (Aguayo y Young 1982; Bustos et al. 1990; Payá et al. 1993).

En la pesquería de merluza común actúan dos flotas, una industrial y otra artesanal localizadas principalmente en la VIII y V Regiones, respectivamente. La flota artesanal esta formada por embarcaciones de bajo tonelaje y autonomía, siendo la principal abastecedora del recurso para consumo humano directo. Por otra parte, la flota industrial está compuesta por embarcaciones de gran autonomía y capacidad (Payá et al. 1993).

Dada la importancia de este recurso tanto para el subsector industrial como artesanal y a su categorización en régimen de explotación plena, es fundamental contar con investigaciones básicas y aplicadas que contribuyan con antecedentes relevantes para su adecuado manejo.

Un requisito primario en el ordenamiento pesquero es la identificación de las unidades de stock sobre los que ejerce su

acción la pesquería (Tyler 1988), lo que permite la regulación de las tasas de captura de stocks individuales o compartidos (Wood et al. 1989). Sin embargo, la definición de "unidad de stock" es bastante diversa pudiendo, en algunos casos, incluso involucrar pesquerías de carácter multiespecífico (Gulland 1975).

Una variedad de métodos han sido desarrollados para la identificación de unidades stock, tales como: marcaje-recaptura (Stevenson 1954), genético mediante electroforesis (Richardson, et al. 1986), genético mediante DNA mitocondrial (Smith 1990; Ovenden, 1990), morfométricos (Winans 1987), parasitofauna (Lester 1990; MacKenzie 1983; Moser 1991) y talla de primera madurez sexual (Welch y Foucher 1988). Todos los métodos utilizados para discriminar unidades de stock presentan ventajas y desventajas, ante lo cual existe consenso general que un enfoque integrado de estos métodos proporciona un mejor resultado (Schweigert 1991).

Una serie de estudios de la biología reproductiva (Balbontín y Fisher 1981), distribución espacial de las capturas (Payá et al. 1993) y composición de la fauna parasitaria (George-Nascimento 1996), realizados en la merluza común, sugieren la existencia de al menos dos stocks de esta especie en su distribución latitudinal.

Considerando que un enfoque integrado de varios métodos independientes puede resolver con mayor claridad la problemática de definir el número de stocks que están siendo objeto de la pesquería (Schweigert 1991), en este proyecto se combinan análisis morfométricos (Winans 1987), genéticos (Richardson et al. 1986), de parasitofauna (Lester 1990; MacKenzie 1983; Moser 1991) y de tallas medias de primera madurez sexual (Welch y Foucher 1988).

4. METODOLOGIA

Para este estudio la unidad de stock de merluza común fue definida como aquella población que comparte un pool común de genes y que es suficientemente discreta para garantizar la condición de un sistema autosustentado que puede ser manejado.

4.1 Area y época de estudio

Se procesó información obtenida de 3 períodos de muestreos cuatrimestrales, realizados a partir de las actividades de pesca comercial en cuatro zonas:

1) Zona Coquimbo (29°S a 32°S)
2) Zona San Antonio (32°S a 35°S)
3) Zona Talcahuano (35°S a 38°S)
4) Zona Corral-Pto. Montt (38°S a 41°S)

Estas zonas fueron elegidas basadas en estudios biológico-reproductivos que identifican tres zonas de desove: 1) Papudo; 2) Sur del golfo de Arauco e Isla Mocha; 3) Bahía San Pedro (40°S) (Avilés et al. 1979). Al mismo tiempo, estudios biológico-pesqueros muestran distintas frecuencia de longuitud y proporción sexual entre los 33-36°S y entre los 40-41°S (Payá et al. 1993). Finalmente, George-Nascimento (1996) distingue diferencias entre la fauna de parásitos desde merluzas desembarcadas en San Antonio y Talcahuano.

Los períodos de muestreo considerados fueron:

1) Abril 1995 - Julio 1995
2) Agosto 1995 - Noviembre 1995
3) Diciembre 1995 - Marzo 1996

Adicionalmente, para el estudio reproductivo se utilizó la información histórica de estados de madurez que IFOP ha obtenido de los muestreos de la pesca industrial desde 1983 a 1993 y la información de un crucero de evaluación directa de merluza común realizado en agosto de 1993, en toda el área de la pesquería.

4.2 Análisis morfométrico

Los caracteres morfológicos representan el sinergismo entre forma y tamaño, reduciendo la forma del organismo a una serie de variables medibles. Considerando que los niveles de diferenciación entre stocks probablemente son mucho más sutiles que las diferencias comúnmente observadas entre las especies de peces, y que estas también son fuertemente afectadas por la alometría (Gould, 1966), los métodos de análisis utilizados cobran especial relevancia (Ihssen et al. 1981).

El análisis multivariado de set de datos morfométricos se efectúan con el propósito de identificar diferencias en tamaño y forma entre individuos y grupos . Pero en esta aproximación, tamaño y forma son considerados factores, es decir combinaciones lineales de variables. El tamaño está definido aquí no como un carácter individual, sino como un factor que podría predecir cualquier medida de distancia (Humphries et al., 1981). Por su lado la forma, está definida como una relación específica entre caracteres que se describen por correlaciones específicas, sean estas positivas, negativas o neutras. Desgraciadamente, las medidas de la forma no son independientes de la talla debido a las relaciones alométricas y los estimadores libres del efecto talla son difíciles de conseguir (Winans, 1987).

Existen tres aproximaciones generales para remover la influencia de la talla en los análisis de la forma: relaciones, regresiones

y el análisis multivariado. Se ha creído que la división de un carácter (su medida) por la medida de la talla (por ejemplo la longitud estándar o la longitud total) producirá una medida libre de la talla de ese carácter. En forma similar, si una medida es regresionada por ejemplo contra la longitud total, reemplazando la medida original por sus residuos luego de la regresión, producirá una medida libre de la talla (Thorpe, 1976). El principal argumento contrario a las dos aproximaciones anteriores, es que en el mejor de los casos, esas relaciones o regresiones, sólo removerán los efectos de una variable (longitud total o la estándar) de todo el conjunto. La tercera aproximación para remover el efecto de la talla (que es la que se ha ocupado en esta investigación) es el análisis multivariado (Humphries et al., 1981, Winans, 1987).

Para la Merluza común (Merluccius gayi), se han efectuado varios estudios morfométricos con la finalidad de determinar la existencia de grupos discretos, ya sea a lo largo de la costa de Chile o en todo el rango de distribución de la especie. Leible y Martínez (1974) y Leible (1979), utilizando la metodología tradicional, concluyen que no es posible diferenciar subespecies entre Chile y Perú y que en las poblaciones de la costa de Chile los caracteres merísticos no presentan diferencias significativas en sus medias aritméticas.

Los estudios morfológicos deben considerar partes específicas del cuerpo y medir las distancias entre puntos específicos. Durante varias décadas, estos estudios se basaron en el conjunto de medidas propuestas por Hubbs y Laggler (1947). Estas medidas tradicionales, aparte de los recuentos de los elementos discretos, comprendían estimaciones de longitud, altura, y ancho del pez, con énfasis en la zona cefálica y en la zona caudal. En la última década, se ha cuestionado la capacidad discriminatoria de las medidas tradicionales (Bookstein et al., 1985), ya que estas se

concentran a lo largo del eje antero-posterior del cuerpo, en la cabeza y en la región caudal, produciéndose una cobertura desigual y sesgada de la forma corporal del pez; por lo tanto, cambios localizados en la forma del pez no serían detectados. La nueva metodología propuesta (e. g. Strauss y Bookstein, 1982) considera cubrir la forma o el contorno del pez en forma uniforme con una red o tramado de medidas de distancias. Teóricamente, esta caracterización sistemática de la geometría de la forma de un pez aumenta las probabilidades de extraer las diferencias morfométricas con significado biológico dentro y entre especies. Para establecer el entramado, se deben identificar algunos "hitos morfológicos" ("landmarks") en el contorno (o en la superficie) del pez. Los hitos mas adecuados son aquellos relacionados con alguna estructura anatómica que no estén identificados con las extremidades. De ese modo, los hitos anatómicos son verdaderos puntos homólogos identificados por algún carácter consistente de la morfología local (Strauss y Bookstein, 1982).

Por todo lo anterior, en el presente Proyecto se utilizó la metodología del entramado.

a) Toma de datos

Se midieron 27 variables morfométricas en la merluza común de las localidades de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Pto. Montt (Corral) en tres fechas de muestreo en 1995 y 1996. Las variables no fueron estandarizadas por el tamaño de los peces, puesto que fueron definidas de manera que se minimiza el efecto del tamaño. Siguiendo la metodología de medidas entrelazadas de Strauss y BooKstein (1982), a cada ejemplar se le registraron 27 distancias, las cuales se ilustran en la figura 1.

Acrónimo	Medida
1. 1-2.	Longitud Mandíbula superior
2. 1-3.	Longitud inicio mandíbula-inserción aleta pélvica
3. 1-4.	Longitud cabeza (al extremo del supraoccipital)
4. 2-3.	Longitud final mandíbula- inserción aleta pélvica
5. 2-4.	Longitud final mandíbula- extremo del supraoccipital
6. 3-4.	Longitud inserción aleta pélvica-extremo del supraoccipital.
7.3-5.	Longitud inserción aleta pélvica-inicio aleta dorsal I
8.3-6.	Longitud inserción aleta pélvica-final aleta dorsal I
9.3-7.	Longitud inserción aleta pélvica-inicio aleta dorsal II
10.3-8.	Longitud inserción aleta pélvica-inicio aleta anal
11.4-5.	Longitud extremo del supraoccipital-inicio aleta dorsal I
12.4-8.	Longitud extremo del supraoccipital-inicio aleta anal
13.5-6.	Longitud base aleta dorsal I
14.5-8.	Longitud extremo del supraoccipital-inicio aleta anal
15.6-7.	Longitud final aleta dorsal I-inicio aleta dorsal II
16.6-8.	Longitud final aleta dorsal I-inicio aleta anal
17.7-8.	Longitud inicio aleta dorsal II- inicio aleta anal
18.7-9.	Longitud base aleta dorsal II
19.7-10.	Longitud inicio aleta dorsal II-final aleta anal
20.8-9.	Longitud inicio aleta anal- final aleta dorsal II
21.8-10.	Longitud base aleta anal
22.9-10.	Longitud final aleta dorsal II-final aleta anal
23.9-11.	Longitud final aleta dorsal II-inicio aleta caudal dorsal).
24. 9-12.	Longitud final aleta dorsal II-inicio aleta caudal (ventral)

25.10-11. Longitud final aleta anal-inicio aleta caudal (dorsal).
26.10-12. Longitud final aleta anal-inicio aleta caudal(ventral)
27.11-12. Longitud inicio aleta caudal (dorsal)- inicio aleta caudal (ventral).

Además, en cada ejemplar se registró el sexo y la longitud total.

b) Análisis de los Datos

Las variables morfométricas están altamente correlacionadas, debido a que todas están regidas por el proceso de crecimiento del organismo. Por esto, la comparación de la morfometría de cada especie entre localidades se realizó utilizando análisis multivariado. En primer lugar, se utilizó un Análisis de Componentes Principales (ACP, Morrison 1967) como técnica exploratoria. El despliegue de cada organismo en base a su puntaje en los primeros componentes principales permite identificar grupos de individuos de diferente morfometría. Además, este despliegue permite identificar individuos de características anómalas o mediciones erróneas, pues aparecen distanciadas de los grupos principales. Por último, el ACP permite corroborar de manera tentativa la validez de los supuestos de las posteriores pruebas de hipótesis.

Posteriormente, se utilizó un Análisis de Varianza Multivariado (MANOVA, Morrison 1967), para probar la hipótesis que la morfometría de las merluzas era diferente en cada una de las cuatro localidades de muestreo. En este análisis se realizó un contraste sólo para el efecto de la localidad, y no de las medias globales

(constantes) de cada variable, para asegurar de mejor manera que el tamaño no afectara la prueba de hipótesis.

Las pruebas de hipótesis se realizaron separadamente con evidencia de tres muestreos en cada localidad, puesto que los tamaños de muestra fueron suficientes. Se incluyen en los resultados las pruebas F univariadas para cada variable morfométrica por separado, para sugerir algunas variables específicas que pudieran provocar la diferencia a nivel multivariado.

Tanto el ACP como el MANOVA se realizaron en el programa computacional SYSTAT 5.0, módulos FACTOR y MGLH (Wilkinson 1988). Como se decía antes, las observaciones morfométricas están altamente correlacionadas, con coeficientes lineales de correlación simple frecuentemente por sobre 0,9. Esto hace a las observaciones morfométricas candidatas ideales para el análisis multivariado lineal. De hecho, los análisis univariados no son recomendables en estos casos, puesto que mucha de la varianza de las observaciones se encuentra a la forma de covarianza entre variables, y por lo tanto al analizar a cada variable por separado se pierde una enorme cantidad de información útil para el análisis. En otras palabras, mucha de la covarianza va a formar parte de la varianza del error cuando la varianza total sea particionada entre error y tratamientos en un análisis univariado. El análisis multivariado, toma en cuenta las covarianzas entre variables y tiene entonces una mayor capacidad de detectar diferencias donde realmente existen.

Si la hipótesis biológica es que un par previamente definido de poblaciones geográficamente separadas, como único criterio de cla-

sificación, difieren en el conjunto de variables que definen la forma del organismo, entonces la técnica posiblemente más apropiada es la prueba de Hotelling de 2 muestras (Morrison, 1967), en que el estadístico de prueba (T^2 de Hotelling) tiene la forma:

$$H_0 = \begin{bmatrix} \mu_{1,1} \\ \vdots \\ \mu_{p,1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_{1,2} \\ \vdots \\ \mu_{p,2} \end{bmatrix}$$

$$T^2 = \frac{N_1 N_2}{N_1 + N_2} (\bar{X}_1 - \bar{X}_2)' S^{-1} (\bar{X}_1 - \bar{X}_2)$$

donde N_1 y N_2 son el número de observaciones de la primera y segunda muestras, x barra corresponde al vector de medias de cada muestra, y S^{-1} es la matriz muestral de varianza-covarianza agregada. La cantidad se distribuye F con p y $N_1 + N_2 - p - 1$ grados de libertad.

$$F = \frac{N_1 + N_2 - p - 1}{(N_1 + N_2 - 2)\, p} T^2$$

La prueba anterior permitió decidir si existen diferencias morfométricas significativas entre los 4 grupos geográficos de merluzas. Sin embargo, la prueba no informa acerca de cuáles variables son las responsables de eventuales diferencias significativas globales entre los 4 grupos. Para realizar esta tarea, se

construyen los intervalos de confianza simultáneos, que para el caso de una comparación entre 2 muestras corresponde a

$$a'(\overline{x}_1-\overline{x}_2) \pm \sqrt{a'Sa\frac{N_1+N_2}{N_1N_2}}\ T_{\alpha;p,N_1+N_2-p-1}$$

donde el vector a es un vector de 0 excepto en la celda correspondiente a la variable cuyo intervalo de confianza simultáneo se quiere construir, donde es 1. Todos aquellos intervalos de confianza que no contengan a cero, identifican a variables responsables de la eventual diferencia significativa global en el estadístico T^2 de Hotelling.

La prueba anterior se realizó en el módulo MGLH de SYSTAT (Wilkinson, 1988), excepto la construcción de intervalos de confianza simultáneos, que no está implementada en ese programa estadístico, y que fue realizada por los propios investigadores.

La prueba indicada pertenece a la familia de las pruebas paramétricas, y específicamente requiere que las matrices de errores de cada una de las dos muestras sean idéntica e independientemente distribuidas normal multivariado. Esto se traduce en una necesidad de independencia en la colección de ambas muestra, normalidad multivariada de los vectores observacionales medios, y homogeneidad de las matrices de varianza-covarianza. Este es un requerimiento bastante fuerte, y para confirmar la validez de nuestros resultados, se utilizó adicionalmente una prueba de remuestreo

computacional, específicamente una prueba de aleatorización, para construir una prueba empírica de las diferencias entre los cuatro grupos geográficos de merluza, si éstas existen. Para ello, se utilizó el método multivariado robusto desarrollado por Somerton (1989), que utiliza las matrices morfométricas observacionales, mediante un programa computacional escrito por Somerton, y que se encuentra disponible para el grupo de investigación.

El programa calcula el estadístico T^2 de Hotelling de 2 muestras a partir de las 2 matrices observacionales, y luego calcula una distribución empírica de probabilidad para el estadístico T^2 usando una técnica conocida como aleatorización (Crowley, 1992). Para ello, el programa mezcla las 2 matrices originales y construye al azar 2 nuevas matrices del mismo tamaño que las originales, volviendo a calcular el estadístico T^2. El proceso de mezcla al azar de las 2 matrices y cálculo del estadístico se repite muchas veces por un procedimiento iterativo (tantas veces como requiera el analista, aunque Somerton recomienda al menos 100, y un número de iteraciones superior a 1000 puede ser perfectamente necesario), construyendo así la distribución empírica de probabilidad. En seguida, el nivel de significancia de haber obtenido el estadístico T^2 original con las matrices reales sin mezclar, es estimado como la proporción de los valores aleatorios absolutos del estadístico que son iguales o mayores que el original.

Para el problema de qué variables causan un eventual rechazo de la hipótesis nula, el programa calcula un vector de estadísticos univariados t a partir de las matrices reales sin mezclar usando la expresión

$$t = D.^{-1}(\bar{X}_1 - \bar{X}_2)$$

donde $D.^{-1}$ es la inversa de la matriz formada por los componentes diagonales de S. El programa entonces calcula la significancia de cada estadístico t de cada ítem considerado usando el mismo procedimiento indicado para el estadístico T^2. Además, el programa utiliza un ajuste de Bonferroni para corregir el nivel de significancia a debido a comparaciones a posteriori. Este tratamiento univariado sin embargo, pierde la estructura de covarianzas entre las variables, por lo que sólo proporciona una aproximación (que puede ser muy buena). Sin embargo, este resultado fue comparado con el obtenido a través de los intervalos de confianza simultáneos, lo que permite arribar a conclusiones consistentes al respecto.

4.3 Talla media de primera madurez

El empleo de la talla de primera madurez para diferenciar stock, se basa en que ésta depende de la dinámica reproductiva de la población. Desde el punto de vista de una unidad de stock, el grupo de peces que durante la reproducción se extremezcla y mantiene un mismo pool genético, debería presentar la misma talla de primera madurez, mientras, que distintos stocks deberían mostrar diferencias, como se ha encontrado en los distintos stocks de bacalao del Pacífico (Welch y Foucher, 1988) y del bacalao del Atlántico (Beachman 1983).

Sin embargo, existe abundante literatura de cambios denso-dependientes en la talla de 1° madurez sexual, que sólo se evidencian con análisis históricos. Para el arenque (Clupea harengus harengus) del suroeste de Nueva Escocia, en un análisis de diez años, la longitud de primera madurez y de reclutamiento apareció inversamente relacionada con la abundancia poblacional experimentada durante el crecimiento juvenil (Sinclair et al. 1982). También, en el arenque del Mar del Norte se han observado disminución de la longitud de primera madurez sexual frente a disminuciones de la abundancia (Hubold 1978). En el "haddock" (Melanogrammus aeglefinus) la disminución de la edad de primera madurez se atribuye al aumento del crecimiento y coincide con la disminución del tamaño del stock (Templeman y Bishop, 1979). En el bacalao del Atlántico (Gadus morhua) la disminución de la longitud de madurez sexual entre 1959 y 1979 se produjo por la remoción de los individuos inmaduros más grandes y más viejos y/o por una disminución del stock (Beachman 1983). En el bacalao de la misma especie, pero del noreste del Artico, se encontró que entre 1950 y 1976 la longitud de madurez disminuyó en 2,5 años (Jorgensen 1990). En el bacalao del Pacifico (Gadus macrocephalus), se detectó una gran disminución en la longitud de primera madurez entre 1961 y 1975 (Welch y Foucher, 1988). En la merluza de sudáfrica (Merluccius capensis), la disminución de longitud de primera madurez, entre otros procesos, permitió la recuperación de su abundancia (Payne, 1991).

Por lo tanto, para analizar las diferencias en la talla de primera madurez entre distintas zonas, también se debe considerar la consistencia temporal de estas diferencias, ya que pueden ser afectadas por procesos denso-dependientes.

Para el caso de merluza común se utilizó la información histórica de estados de madurez que IFOP ha obtenido de los muestreos de la pesca industrial de 1983 a 1993 y la información de un crucero de evaluación directa de merluza común realizado en agosto de 1993, en toda el área de la pesquería. Los individuos fueron medidos, pesados y sexados. El estado de madurez de las gónadas, se estableció en base a la escala de madurez macroscópica de Balbontín y Fisher (1981), la cual ha sido histológicamente caracterizada por Herrera et al. (1988). Los ejemplares se consideraron maduros cuando presentaron actividad gonadal o desove (Estados III y superiores).

4.3.1 Estimación de los parámetros de madurez

Los datos de madurez tienen una distribución binomial, ya que un individuo puede estar maduro o inmaduro, y no presentar un rango contínuo de valores. Debido a esto, el uso del análisis "probit" basado en estimaciones de mínimos cuadrados ha sido cuestionado por Welch y Foucher (1988), en base a tres características indeseables de los residuos: 1) Los residuos mayores son aquellos que tienen menor tamaño de muestra; 2) La asimetría no es tomada fácilmente en consideración y 3) Los residuos no se distribuyen normalmente. Estos problemas no están presentes cuando se utiliza el método de máxima verosimilitud para ajustar un modelo logístico de madurez, ya que el tamaño de muestra de cada grupo de talla es considerado explícitamente en la función de máxima verosimilitud (Welch y Foucher 1988). Por lo tanto, se utilizó esta metodología para ajustar el siguiente modelo logístico de madurez:

$$P(L) = \frac{b}{1+\exp(a_1+a_2L)}$$

donde P(L) es la fracción de individuos maduros en función de la talla, L es la talla (longitud total) y b, a_1, a_2 son los parámetros que representan la asíntota, la posición y la pendiente, respectivamente. El parámetro b fue fijado en 1, basándose en los análisis preliminares que indican que a medida que los ejemplares crecen la fracción de individuos maduros se aproxima a 1.

La función log de máxima verosimilitud es:

$$L(b,a_1,a_2) = \sum [(h)\ln(P(L)) + (1-h)\ln(1-P(L))]$$

donde h es la variable dicotómica que representa la condición de madurez (h=1) o inmadurez (h=0) y la sumatoria es a través de todas las longitudes. Esta función fue maximizada utilizando el algoritmo de quasi-Newton del modulo NONLIN del programa SYSTAT (Wilkinson 1988).

La longitud de madurez al 50% ($L_{50\%}$), que corresponde a la longitud promedio a la cual los ejemplares maduran, se estimó como:

$$L_{50\%} = -\frac{a_1}{a_2}$$

4.3.2 Regiones de plausibilidad

La incerteza de $L_{50\%}$ fue estimada mediante las regiones de plausibilidad. Este método es una alternativa a los intervalos de confianza de 95%, ya que éstos presentan problemas con el comportamiento de los residuos, especialmente cuando las muestras son pequeñas (Welch y Foucher 1988).

La plausibilidad se relaciona con un set alternativo de parámetros estimados que pueden representar razonablemente los datos. Los parámetros estimados por máxima verosimilitud corresponden a aquellos parámetros que más probablemente representan los datos y tienen asociado un valor específico de la función log de máxima verosimilitud, $L(b,a_1,a_2)^*$. Aquellos parámetros estimados que tienen un rango de 3 unidades del máximo ($L(b,a_1,a_2)^*$), representan los datos con un 5% de plausibilidad (Welch y Foucher 1988).

Los valores máximos y mínimos de $L_{50\%}$ con un 5% de plausibilidad, se encuentran fácilmente empleando una hoja de cálculo. Para esto, se debe implementar la función log verosimilitud y encontrar la $L_{50\%}$. Luego, se aplica el comando de optimización considerando como variable a maximizar (o minimizar) la $L_{50\%}$; las variables a cambiar

son los parámetros a_1 y a_2, bajo las restricciones que el valor de la función log de verosimilitud sea igual a 3 unidades más que el valor máximo de la función de verosimilitud ($L(b,a_1,a_2)^*$).

4.4 Marcadores genéticos

Uno de los métodos más recurridos para obtener información en relación a la variabilidad genética, es someter las diferentes enzimas de un organismo a las técnicas de electroforesis. La información final resultante se puede traducir en establecer el genotipo por enzima para cada uno de los individuos analizados, lo que a su vez permite establecer las frecuencias génicas para un determinado locus. También es posible identificar aquellos loci que son monomórficos y polimórficos, además de establecer el grado de heterocigosidad para cada uno de los locus polimórficos.

La metodología básica utilizada consiste en homogenizar un trozo de tejido (músculo o hígado), someterlo a un centrifugado a 5000 rpm durante diez minutos y obtener un sobrenadante que posteriormente se recoge en un trozo de papel filtro grueso. Este se coloca en una matriz de almidón, con una concentración al 12,5% y una solución tampón específica ya estandarizada. La matriz con las muestras de sobrenadante se coloca en una cámara de electroforesis y se aplica corriente eléctrica al sistema durante 4 a 5 horas. Posteriormente, se procede a teñir de acuerdo con las recetas específicas para cada una de las enzimas.

Para el posterior análisis estadístico de los resultados, se utilizó el programa BIOSYS-1, donde se obtienen los cálculos de frecuencias génicas, genotípicas, equilibrio de Hardy-Weinberg, valores de Fst, y cálculos de similitud y distancia genética.

Prueba G. Las técnicas utilizadas en los datos de frecuencia alélica fueron del tipo locus único, es decir que cada método fue aplicado sobre cada locus por separado. El problema consistió en determinar si los individuos de las cuatro áreas geográficas son homogeneos respecto de cada uno de sus loci polimórficos por separado. El estadístico utilizado para la hipótesis de homogeneidad de composición genética fue el estadístico G, que tiene la forma

$$G=2\,[\,(\sum_{h=1}^{k} C\ln C)-(\sum_{j=1}^{g} f\ln f)+n\ln n]$$

donde C es el número de cada genotipo en un locus en un grupo en particular (K grupos), y f es el número en cada grupo en un genotipo en particular (n genotipos). Este estadístico se distribuye Chi-cuadrado con K-1 y n-1 grados de libertad. La propiedad de aditividad de este estadístico permite hacer una prueba inicial con todos los grupos y luego hacer pruebas agregando grupos para distinguir que grupos son los que más contribuyen a una eventual significancia del estadístico global.

Valores de Similitud. Es muy posible que al analizar un cierto número de muestras o poblaciones, estas pueden mostrar frecuencias

alélicas similares en un locus y otras en diferentes locus. Para analizar cuales muestras comparten más alelos en común y cuales están más relacionadas unas a otras al comparar todos los loci, se utilizó la Distancia Genética estandarizada de Nei (1978):

$$D=-\ln\left[\frac{\frac{\sum\sum x_i y_i}{L}}{\frac{\sum\sum x_i^2 \sum\sum y_i^2}{L^2}}\right]$$

donde x_i y y_i son las frecuencias del alelo i en las poblaciones x y y, L es el número de Loci, y las sumas se realizan sobre los alelos y los loci.

4.5 Análisis parasitológico

El uso de la fauna de parásitos que albergan distintos tipos de hospedadores, fue considerada por primera vez como una valiosa herramienta en estudios zoogeográficos, por von Ihering en 1902 (Szidat, 1955). Sin embargo, su aplicabilidad práctica en terminos de auxiliares en estudios ecológicos, sistemáticos y pesqueros de sus hospedadores es mucho más reciente (Manter, 1955; Szidat, 1960; Polyanski, 1961). La utilidad de la fauna de parásitos como marcadores biológicos, en estudios de separación de unidades poblacionales, queda claramente explicitada en los postulados de Noble y Noble (1982) al indicar que "Cuando una especie de huésped se divide en dos o más grupos geográficamente separados en diferentes ambientes, (entonces) sus respectivas faunas de parásitos exhibirán diferencias". Intentos por develar problemas en estudios

de poblaciones de peces, tales como separación de stock, rutas migratorias y reclutamiento han sido realizados entre otros por Margolis (1965), quién utiliza el conjunto de parásitos de salmones del género Oncorhynchus como fuente de información sobre dieta y distribución oceánica, Pippy (1969), utiliza el acantocéfalo Pomporhynchus laevis como marcador en Salmo salar, Scott (1969) analiza sin éxito la fauna de digeneos para determinar poblaciones aisladas de Argentina silus y Leaman y Kabata (1987) utilizan el copépodo Neobrachiella robusta en identificación de stock de Sebastes alutus. Para las costas de América suroccidental, se han desarrollado muy pocos estudios que plantean el uso de parásitos como marcadores biológicos: George-Nascimento y Arancibia (1992) intentan caracterizar stock ecológicos de jurel (Trachurus symmetricus murphyi) en la costa chilena, Mackenzie (1989) discrimina stock de sardinas (Sardinops sagax) en aguas costeras de Perú y Ecuador y Oliva et al.(1992) definen una relación entre reclutamiento e infección parasitaria en la cabrilla Paralabrax humeralis. Recientemente (Oliva en preparación) ha concluido un estudio que determinó la existencia de dos unidades poblacionales del jurel en las costas de Chile y Perú, en base a información parasitológica.

Se han propuesto una serie de criterios que deben considerarse al definir parásitos como indicadores biológicos (Kabata, 1963; MacKenzie, 1983; Moser, 1983, 1991; Lester, 1990). Integrando los diveros criterios, estos pueden resumirse en:

1. El parásito debe ser común en una población y raro o estar ausente en otra (s).

2. Debe tener un ciclo de vida corto (directo), infectando un sólo huésped en su ciclo vital.

3. La infección debe ser de relativamente larga duración y cubrir al menos la escala de tiempo del estudio.

4. La incidencia (prevalencia) de infección debe permanecer relativamente constante.

5. Condiciones ambientales a través de toda el área de estudio deben corresponderse con los límites de tolerancia del parásito.

6. No se deben considerar ectoparásitos que sean facilmente desprendibles o que no dejen evidencias de su presencia, ya que pueden perderse en la captura o durante el manipuleo.

7. El método de examen debe considerar un mínimo de disección y preferible un alto nivel de especificidad por un hábitat definido.

8. El parásito debe ser fácilmente detectable e identificable.

9. El parásito no debe tener marcados efectos patológicos, ya que de lo contrario originará mortalidades selectivas o cambios conductuales en el huésped, afectando su valor como marcador.

Estos criterios han sido aceptados en su globalidad. Sin embargo estos no son estrictos, y dependerán fundamentalmente del tipo de estudio poblacional a realizar. De esta manera, Mackenzie (1983) indica que en trabajos de separación de stock deben utilizarse de preferencia parásitos con ciclo de vida simple, ya que el uso de aquellos con ciclos complejos, requieren una gran cantidad de información sobre su biología. Para efectos de este estudio, en el que resulta de interés determinar marcadores biológicos de unidades poblacionales discretas, se enfatizó la búsqueda de parásitos metazoos marcadores que reúnan las siguientes condiciones:

1. Que sean fácilmente identificables y con una alta especificidad por un hábitat.

2. Que su recolección requiera un mínimo de disección.

3. Que su presencia sea común en una zona y escasa o ausente en otras.

4. Que idealmente tenga un ciclo de vida directo, lo que implica que su transmisión ocurra al interior de la unidad y no se transmita a unidades discretas diferentes.

El uso de parásitos como marcadores biológicos en peces del género Merluccius, ha sido enfocado básicamente a la solución de problemas biogeográficos del género, intentando caracterizar el centro de origen, distribución y procesos de especiación en base a la fauna parasitaria (Szidat, 1955; Kabata y Ho, 1981; Fernández, 1985). Sankurathri et al. (1983) utilizan los parásitos de Merluccius productus del Estrecho de Georgia, logrando caracterizar en base a presencia y ausencia de determinados taxa, la existencia de dos stock discretos del recurso, sugiriéndose la prácticamente ausencia de contacto extensivo entre ambas poblaciones. Estudios parasitológicos sobre las dos subespecies de Merluccius gayi son escasos y corresponden a los realizados por Carvajal y Cattan (1978) y Carvajal et al. (1979) referidos a la presencia de helmintos en M. gayi gayi. Oliva (1982) cita la presencia de protozoos y helmintos en "merluzas" capturadas en la zona de Antofagasta. Para la subespecie que se encuentra en las costas del Perú, (Merluccius gayi peruanus) se ha determinado la presencia de un Mixosporidio (Kudoa peruviana) que causa lisis muscular (milkness) (Mateo, 1972) y se ha descrito una especie de Argúlido (Oliva et al. 1980). El único estudio publicado que caracteriza la fauna de parásitos de Merluccius gayi es el de Durán y Oliva (1980), en el que se determina la presencia de 18 especies de parásitos, en base a una muestra de 140 ejemplares de "merluza" obtenidos de la zona del Callao (Perú).

Para el presente estudio, los peces fueron obtenidos directamente desde los desembarques de pesca industrial y/o artesanal en los Puertos de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Los peces una vez obtenidos, fueron colocados en bolsas plásticas (para evitar la pérdida de ectoparásitos) congelados y transportados a la brevedad al laboratorio de parasitología marina del Instituto de Investigaciones Oceanológicas de la Universidad de Antofagasta. Una vez en Antofagasta, los peces fueron almacenados a -18°C, hasta el momento de su análisis.

Previo al estudio parasitológico, cada pez convenientemente individualizado, fue medido (longitud a la horquilla) con un ictiómetro (0,1 cm precisión). Posteriormente, se practicó una incisión ventral, se determinó macroscópicamente el sexo y se retiraron las vísceras así como el aparato branquial. Las branquias fueron aisladas y agitadas en agua, revisándose con un microscopio estereoscópico la presencia de parásitos en el agua de agitación así como en las branquias. Las vísceras fueron revisadas externamente y el contenido estomacal e intestinal fue lavado en filtros confeccionados con red de zooplancton (0,3 mm). El material retenido en el filtro fue analizado con ayuda de un microscopio estereoscópico. La presencia y cantidad de parásitos en cada hábitat, fue registrada en una ficha confeccionada para tal efecto.

La identificación de los parásitos, se realizó con ayuda de bibliografía especializada disponible. En el caso de Nematoda (Anisakidae) se siguieron los criterios planteados por MacKenzie y Longshaw (1995) en términos de discriminar sólo entre el género Anisakis por un lado y los géneros Hysterothylacium, Pseudoterranova y Contracaecum (considerados en su conjunto como

Anisakidae) por otro, dado la cantidad de tiempo que origina la correcta identificación de estos grupos, más aún al considerar que se recolectó más de 4000 ejemplares de Anisakidae.

Una vez concluida la fase de toma de muestras, se realizaron los siguientes análisis:

a.- Análisis de varianza para determinar si la talla media de los peces, así como intensidad de infección de las parásitos más importantes para cada localidad, diferían significativamente.

b.- Análisis de independencia (Estadístico "G" de bondad de ajuste logarítmico) para determinar si la prevalencia de infección de las parasitosis mayores, varian significativamente entre localidad.

c.- Análisis discriminante múltiple (Componentes Principales), para determinar si existen unidades poblacionales discretas en base a características cuali y cuantitativas de la fauna de parásitos.

La graficación de este análisis se realizó considerando un límite de confianza del 95% en ambos ejes.

Dado que se pretende determinar especies marcadoras y que caractericen a la población huésped, se trabajó en base a especies de parásitos metazoos que se pueden definir como propias de las especies objetivo y que corresponden a aquellas con prevalencia de infección superior al 5%. De acuerdo con McDaniel (1979) el tamaño mínimo de muestra que asegura con un 95% de confianza, la aparición de especies con prevalencias iguales o superiores al 5% es de 58 ejemplares, a partir de poblaciones de tamaño superior a 2000 individuos. En base a estos antecedentes, se muestrearon temporalmente (tres oportunidades) lotes superiores a 58 especímenes.

Los análisis estadísticos indicados siguieron la metodología indicada por Zar (1984) y Wilkinson (1988) y la terminología ecológica empleada, sigue las recomendaciones de Margolis et al. (1982)

5. RESULTADOS

5.1 Análisis morfométrico

Se analizaron un total de 1504 individuos, cuyas tallas medias y número por zonas y muestreo se entregan en la tabla 1a. En todas las muestras predominaron las hembras (Tabla 1b). Todos los muestreos se realizaron en forma aleatoria. Las muestras uno y tres se obtuvieron desde las capturas de barcos industriales para el caso de Corral-Pto. Montt y Talcahuano y desde los desembarques artesanales para San Antonio y Coquimbo. El segundo muestreo para las cuatro zonas se obtuvo durante el crucero de evaluación directa de merluza común realizado con el B/I Abate Molina.

La normalidad de los datos transformados (log10(x)) se evaluó mediante el estadístico W de Shapiro-Wilk, el cual es más robusto que la prueba de Kolmogorov-Smirnov. Si resulta significativo, es decir con $p<0,05$ entonces se rechaza la hipótesis de normalidad. En la tabla 1c, se incluyen los valores de W y p para cada variable en cada muestreo. En la gran mayoría de los casos la data tiene una distribución normal.

La prueba de normalidad para los datos agrupados no fue realizda, ya que no tiene mayor sentido, debido a que por puro azar podría encontrarse normalidad, en tanto que si las muestras individualmente fueran normales, al agregarse también se agregan sus sesgos provocando con ello la pérdida de normalidad.

En los tres muestreos analizados se encontró que existían diferencias significativas entre localidades en la morfometría de los peces (Tablas 2, 3 y 4). Para el primer muestreo, en la tabla 2, se pueden observar cuales son las variables que permitirían explicar las diferencias morfométricas detectadas por el MANOVA. Estas se concentran desde la parte media del pez hacia atrás (de la variable 18 hasta la variable 27). Por su parte, la representación gráfica de los ACP muestra que existe un alta sobreposición en los individuos de las distintas zonas (Fig. 2).

En el segundo muestreo (Tabla 3. y Fig. 3), el MANOVA de nuevo indica diferencias significativas al interior del conjunto de las cuatro localidades, repitiendo a las mismas variables nombradas antes como aquellas con capacidad separatoria (exceptuando la variable 25). El ACP en tanto, muestra que la muestra de Coquimbo presenta la mayor variabilidad y que la muestra Puerto Montt 1 aparece concentrada en la misma zona del gráfico que la muestra de San Antonio, mezclándose además con aquellos de Talcahuano.

En el tercer muestreo (Tabla 4) también el MANOVA indica diferencias significativas, con la particularidad que todas las variables (excepto la 22) explicarían la separación. Como en las muestras anteriores el ACP presenta una gran sobreposición de puntos, indicando un alto grado de mezcla (Fig. 4).

Dada la alta sobreposición morfológica mostrada por el ACP, se ensayó un nuevo MANOVA considerando sólo las muestras de los lugares extremos de la distribución considerada en el presente Proyecto, es decir las muestras provenientes de Coquimbo y Puerto

Montt. El resultado se presenta en la tabla 5, indicando que las diferencias son significativas incluso considerando pruebas univariadas de la mayoría de las variables. Para verificar la significancia de la diferencia encontrada por el MANOVA, se calculó el estadístico t, para el T^2 de Hotelling. Luego de 500 iteraciones para conocer la distribución de probabilidades del T^2 de Hotelling se encontró un valor igual a 692,16, altamente significativo (Fig. 5).

Al analizar las doce muestras conjuntamente, el MANOVA encuentra diferencias zonales (Tabla 6), pero el ACP de nuevo muestra una gran sobreposición de los puntos (Fig. 6). Para discernir si existen diferencias significativas entre de zonas vecinas, se realizaron pruebas MANOVA considerando pares de zonas vecinas (Coquimbo versus San Antonio, San Antonio versus Talcahuano, Talcahuano versus Pto. Montt) con las tres muestras al mismo tiempo. Estas pruebas de a pares deben interpretarse con precaución, puesto que se incurre en mayor probabilidad de cometer error tipo I (rechazar una hipótesis nula que es correcta) que el prescrito nivel alfa de la prueba. Las pruebas indican que existen diferecias significativas en la morfología entre todos los pares de zonas probados (Tablas 7 a 9).

Para confirmar los resultados de los MANOVA se realizaron dos pruebas simples de aleatorización. En primer lugar, se tomaron todas las muestras simúltaneamente de Talcahuano y se dividieron al azar en dos grupos arbitrarios de igual tamaño y se aplicó un MANOVA a estos dos grupos. El MANOVA indica que no existen diferencias significativas entre los dos grupos arbitrarios, como era de esperar (Tabla 10). En segundo lugar, se aplicó un

aleatorización a la matriz de datos completa, es decir a las cuatro zonas y a las tres muestras de manera simultánea. Esta prueba consistió en asociar a cada individuo de la matriz completa un número aleatorio, luego se ordenó la matriz completa en base a este número aleatorio, quedando las cuatro muestras mezcladas al azar. Luego se añadió el índice de la zona a cada individuo de la matriz de datos completa "ordenada" al azar, con lo que se produjo una nueva matriz en que las cuatro zonas originales (las verdaderas) estuvieron aleatoriamente representadas en las cuatro nuevas zonas. Como en esta nueva matriz aleatoria, los individuos de las cuatro zonas originales estuvieron aleatoriamente representados en cada una de las zonas nuevas, no debería registrarse diferencia significativa entre las nuevas cuatro zonas. Esto es lo que precisamente se obtuvo cuando se aplicó el MANOVA a la matriz aleatoria (Tabla 11). En consecuencia, se concluye que efectivamente existen diferencias significativas en la morfometría de los individuos entre las cuatro localidades.

Como una manera de contrastar los resultados del MANOVA, se efectuó un análisis discriminante para verificar en que medida ese análisis se correspondía o no con el MANOVA. El resultado se presenta en la Tabla 12. Se agruparon las muestras por zonas (Coquimbo como G1, San Antonio G2, Talcahuano G3 y Sur como G4). Tal como se podía esperar a partir del ACP (pero no necesariamente del MANOVA), la clasificación a los grupos originales es de media a baja, en el mejor de los casos algo mas de un 56% en las muestras de Pto. Montt y menos de un 45% en las muestras de San Antonio.

En la tabla 13, dentro del Análisis Discriminante, se estimó la distancia Mahalanobis entre las 4 zonas. Se constata que a medida que se aleja de Coquimbo (G1) la distancia calculada también aumenta. San Antonio presenta distancias semejantes con Coquimbo y Talcahuano y mayor con Puerto Montt. Talcahuano muestra su menor distancia con San Antonio, y valores cercanos con Puerto Montt y Coquimbo, apareciendo en todo caso este último como el de mayor distancia. Estas dos tablas, se complementan muy bien y ayudan a entender la mezcla de individuos entre zonas más cercanas a lo largo del área muestreada.

La tabla 14 muestra el comportamiento de las distintas variables y sus respectivos aportes al Análisis Discriminante. Tal como se había comentado en lo referente al MANOVA, las medidas que harían algún aporte a la posible diferenciación, corresponden a aquellas de la región caudal.

5.2 Talla media de primera madurez

a) Datos del crucero de investigación de 1993

El análisis exploratorio de los datos de madurez del crucero de investigación realizado en agosto de 1993, permitió identificar cinco áreas, en las cuales se aprecian concentraciones de ejemplares maduros. Para cada área y sexo se estimó la longitud de primera madurez y sus valores máximos y mínimos con un 5% de plausibilidad (Tabla 15 y Figura 7). En ambos sexos, se aprecia

que no existen diferencias (sobreposición de las regiones de plausibilidad) entre las áreas 1 a 3 y entre las áreas 4 y 5. En consecuencia, la data se reorganizó en una zona al norte (áreas 1 a 3) y otra al sur de los 37°S (áreas 4 y 5).

El análisis de las regiones de plausibilidad de la longitud de primera madurez por zona, indica que las hembras del norte maduran a los 37,59 cm, mientras que las del sur maduran a los 42,33 cm, produciéndose una diferencia en la talla de primera madurez de 4,74 cm (Figura 8). En el caso de los machos (Figura 8), también se encontraron diferencias significativas (plausibles); los machos de la zona norte alcanzan su madurez a los 27,63 cm y los del sur a los 32,50 cm.

b) Datos históricos de la flota industrial

La información de madurez obtenida por IFOP en muestreos realizados a bordo de embarcaciones industriales entre los años 1983 y 1993, se analizó considerando las zonas norte y sur, identificadas en los análisis de los datos del crucero de investigación realizado en 1993.

En el caso de los machos la talla de 1° madurez estimada para el año 1993 en ambas zonas presenta el mismo patrón que los datos del crucero de investigación, es decir, los individuos de la zona norte maduran a menor talla que los de la zona sur, siendo esta diferencia plausible (Fig. 9 y Tabla 16). Sin embargo, el análi-

sis de toda la serie histórica revela una alta variabilidad en el estimado de máxima verosimiliutd de la longitud de primera madurez y una alta sobreposición de los intervalos de plausibilidad entre las zonas y años. Para indicar entre que años y zonas se encontraron diferencias plausibles, se construyó la tabla 17, en la cual se indica si (1) existe o no (0) diferencias en los intervalos de plausibilidad. Se aprecia que existen escasas diferencias plausibles entre años y zonas, mostrando una estabilidad histórica en la talla de 1° madurez, que indica la presencia de un solo gran stock de machos de merluza común. Esta conclusión también es válida para las hembras como se aprecia en la figura 10 y en las tablas 18 y 19.

5.3 Análisis de marcadores genéticos

Los sistemas polimórficos analizados para la merluza común Merluccius gayi corresponden a los siguientes loci: PGI-1, PGI-2, PGM-1, IDH-1, IDH-2, AAT-2. Las Tablas 20 y 21 resumen las frecuencias alélicas para cada uno de los loci polimórficos y para cada una de las muestras obtenidas de la pesca en las áreas de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt, además, se indica el tamaño de la muestra para cada uno de los loci. En la Tabla 20, las muestras se encuentran ordenadas por períodos de muestreo y en la Tabla 21 se encuentran agrupadas por área de pesca.

Los parámetros de variabilidad genética se presentan en la Tabla 22, donde se observan los valores de tamaño medio de muestra por locus, número medio de alelos por locus, Heterocigosidad media observada y esperada y el valor de D. Entre estos, la Hetero-

cigosidad media observada, estimada por conteo directo, mostró rangos entre 0,21 y 0,16. Como una observación, se puede decir, que para las diferentes muestras obtenidas de una misma localidad, sus valores no presentan grandes diferencias, además los rangos de fluctuación entre estos son mínimos. Lo anterior demuestra no solamente una alta homogeneidad intralocalidad, sino que también interlocalidad. Por otro lado, los valores de D, que representan la deficiencia de heterocigotos, son muy bajos, indicando que la mayoría de las muestras presentan un ajuste entre la heterocigosidad observada y la esperada de acuerdo al equilibrio de Hardy-Weinberg, tal como lo corrobora la Tabla 23, donde se observan los valores de Chi-cuadrado y su probabilidad para el ajuste a Hardy-Weinberg para cada uno de los loci en las doce muestras obtenidas, donde solamente dos muestras (Puerto Montt-2 y San Antonio-2) presentan un valor significativo de no ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg, solamente para los loci IDH-1 y AAT-1, respectivamente.

La Tabla 24 muestra una matriz de Identidad y Distancia Genética, según Nei (1978). Los resultados de Identidad genética obtenidos alcanzan valores de 1 o muy cercanos a 1 para todas las muestras, siendo imposible poder diferenciar grupos a nivel de un análisis de UPGMA. Por su parte, los valores de Distancia genética se encuentran muy cercanos a 0 para todas las muestras.

Los valores de Fst, que corresponden al índice de Wright y que mide la diferenciación genética entre subpoblaciones, de acuerdo con Hartl (1980), se observan en la tabla 25. Estos valores, no muestran un grado de diferenciación genética entre las muestras analizadas para cada uno de los loci.

La Tabla 26 contrasta los valores de la prueba de G para cada uno de los loci, y para cada una de las localidades, se observa que para el locus IDH-2, en Coquimbo existe una diferencia significativa al comparar las tres muestras de esa localidad. Para la localidad de San Antonio el locus PGM mostró diferencias significativas. Eso demuestra que en algunas oportunidades se pueden dar diferencias significativas en muestras obtenidas en la misma zona.

Se aplicó otra prueba para observar si algún grupo de muestras se escapa del resto, al comparar el comportamiento de los alelos más comunes para los loci más polimorficos, la metodología empleada para esta prueba esta descrita en Christiansen et al., 1976. y consiste básicamente en sacar un promedio de las frecuencias génicas del alelo más común y estandarizar cada una de las frecuencias alélicas del locus respectivo en relación al promedio de todas las muestras. Posteriormente, analizar si los valores estandarizados de las frecuencias génicas se encuentran dentro del intervalo de entre +2 y -2 desviaciones estándar. Estos resultados se grafican en la Figuras 11 a la 16 para cada uno de los loci. De manera general se observa que ningún grupo específico de poblaciones está desviada de los límites de desviaciones estandarizadas antedichas. Algunas situaciones puntuales se observan para el locus PGI-1, donde una muestra de Talcahuano se desvía notablemente de la media. Lo mismo ocurre para una muestra de San Antonio en el locus IDH-1.

La tabla 26 muestra los valores del estadístico G al comparar los 6 loci para cada tiempo de muestreo y considerando las cuatro localidades. Los resultados indican que para cada una de las comparaciones no hay valores significativos que permitan establecer diferencias genéticas para cada uno de los muestreos en el tiempo

5.4 Análisis parasitológico

Se muestreó un total de 782 ejemplares, provenientes de cuatro localidades. Las características globales de las muestras se indican en la tabla 28. La talla media de los ejemplares, considerando el sexo y época de muestreo, demostró ausencia de un comportamiento homogéneo de la talla para los factores considerados.

Las tablas 29 y 30 (Prevalencia e Intensidad media de infección, respectivamente) indican características de los procesos infecciosos originados por las diversas especies de parásitos metazoos encontrados. Las figuras 17 y 18 muestran las tendencias latitudinales en prevalencia y abundancia (abundancia = prevalencia, expresada como proporción * intensidad media). Se indica entre paréntesis la sigla que los identifica en las diferentes tablas, aquellas especies subrayadas fueron consideradas como importantes dadas su prevalencia de infección.

Neobrachiella insidiosa forma pacifica. (NE) Parásito común a las merluzas de las costas de Chile, Perú, California y la Columbia Británica. La mención hecha por George-Nascimento (1996) de Neobrachiella lageniformis (= Neobrachiella insidiosa forma lageniformis) puede deberse al error de Kabata (1979) al equivocar el origen de diversas merluzas de sudamerica y considerar a Merluccius gayi como propia de aguas Argentinas y a Merluccius hubssi como habitante de las costas del pacífico. Este error fue enmendado posteriormente por Kabata y Ho (1981). Mayores niveles de prevalencia ocurren en una gradiente latitudinal hacia el sur.

Lernaeenicus tricerastes (LE). Este copépodo fue descrito por Sturado y Fagetti (1961) y desde entonces no había sido encontrado. Pese a su baja prevalencia es común en todas las localidades. La especie Trifur tortuosus citada (George Nascimento, 1996) para merluzas de Talcahuano y San Antonio (también con bajas prevalencias) puede ser un error de identificación inducido también por errores históricos en la bibliografía. Trifur tortuosus ha sido repetidamente registrado en Merluccius hubbsi de Argentina y Uruguay (Kabata y Ho, 1981). Sin embargo, Brian (1944) nominó la merluza argentina como Merluccius gayi generando posiblemente esta confusión. Trifur tortuosus ha sido indicado como parásito de Salilota australis (ver Kabata y Ho, 1981) y de Labrisomus phillippi (Oliva, 1982).

Caligus sp. Escasos ejemplares han sido encontrados sólo en San Antonio.

Chondracanthus palpifer (CP). Copépodo de muy escasa ocurrencia. Presente en un ejemplar de Puerto Montt.

Anthocotyle americanus (AA) Monogéneo típico de peces del género Merluccius. Mayores prevalencias y abundancia se presentan al norte (Coquimbo). Sin embargo, desde San Antonio al sur existe una tendencia al aumento en abundancia. En informe de avance se indicó la presencia de monogéneos Plectanocotylidae, es necesario aclarar que esta mención resultó errada y fue inducida por las notables diferencias morfológicas entre individuos juveniles y adultos de esta especie. La bibliografía no menciona estas dife-

rencias, las que fueron apreciadas al analizar en su conjunto, un gradiente de tallas de estos organismos.

Cymothoidae. (CY) Sólo dos ejemplarares obtenidos en San Antonio

Clestobothrium crassiceps (CC) Céstodo Pseudophyllideo que al estado adulto es común a peces del género Merluccius. Se encuentra en todas las localidades consideradas. Tanto la abundancia como prevalencia resultan menores en la zona de Puerto Montt. Ha sido utilizado como marcador por sus variaciones en abundancia. (George-Nascimento, 1996).

Grillotia sp. (GD) Plerocercos de este céstodo, parásito al estado adulto de elasmobranquios, han sido encontrados en todas las localidades analizadas, con notorias diferencias en sus valores de prevalencia de infección. Puede ser un buen indicador habiendo sido ya utilizado por George-Nascimento (1996)

Hepatoxylum trichiuri (HT) Céstodo que se encuentra al estado larval en diversos teleosteos marinos. Su mayor prevalencia se da en la zona sur, pudiendo convertirse en un buen discriminador.

Anisakis sp. (AS) Larvas de este nematodo son extraordinariamente comunes en peces marinos. Niveles de prevalencia y abundancia son relativamente constantes en las zonas de estudio.

Nybelinia surmenicola (NS). Céstodo larval cuya presencia es escasa y posiblemente accidental. Especie más propia de peces pelágicos.

Scolex pleuronectis (SC) formas larvales de cestodos tetraphyllideos no identificado. Conforma un complejo de especies cuya identificación es difícil. Son formas comunes en peces marinos y sus estadios adultos son propio de elasmobranquios. Su baja prevalencia les resta utilidad como marcadores.

Pseudophyllidae (CE) Formas larvales de un pseudophyllideo (posiblemente Diphyllobothrium sp.) han sido detectados, en baja proporción, sólo en Talcahuano y San Antonio.

Aporocotyle wilhelmi (AW). Digeneo parásito del sistema circulatorio (cono arterioso y arteria branquial). Parásitos de este género son comunes en las diversas especies de Merluccius. Al igual que C. crassiceps ha sido utilizada como marcador.

Derogenes varicus (DV) Digeneo cosmopolita, encontrado en una variedad de peces. Presenta bajos valores de prevalencia.

Helicometra sp. Digeneo común en peces de la zona de Antofagasta (Oliva y Muñoz, 1985). Su presencia resulta sorprendente en merluzas de Talcahuano. Su baja prevalencia puede indicar un parasitismo accidental.

Prosorhynchus sp. (PR) Digeneo presente en muy baja cantidad.

Metacercaria (ME) Estadios de metacercaria de un digeneo no identificado se encontraron sólo en San Antonio, con muy baja prevalencia.

Rhadinorhynchidae. (RA) Escasos ejemplares de un acantocefalo adulto fueron encontrados en mayor proporción en la zona norte. Su baja prevalencia los hace poco útiles. Presenta una mayor prevalencia en merluzas del Perú: 13,6% (Durán y Oliva, 1980) insinuando un gradiente latitudinal.

Corynosoma australis (CA) Cistacantos de este acantocefalo son comunes en peces marinos. Sin embargo su baja prevalencia le resta cualquier utilidad.

Bolbosoma sp. Sólo un ejemplar de este acantocefalo (larva cistacanto) se encontró en Coquimbo.

Anisakis sp. El estadío de Larva 3 de este nemátodo es muy común en peces marinos. Distintos valores de prevalencia y abundancia permiten su uso como marcador.

Anisakidae (AD) Engloba tres géneros de la familia, que en sus fases larvales (larva 3) se encuentran parasitando peces marinos.

La abundancia media de cada parásito para cada localidad, resultó ser significativamente diferente ($P < 0,001$) en todas las especies consideradas mayores, con excepción de Derogenes varicus con abundancias medias que no difieren significativamente ($F= 0,947$, $P = 0,417$ $GL = 3,778$) entre localidades. La prevalencia de infección resultó diferir significativamente para todos los parásitos considerados ($P< 0,001$)

De los taxa considerados, sólo resultan importantes para este análisis, aquellos con prevalencias de infección superiores al 5% en al menos alguna de las localidades consideradas.

La ausencia de claras diferencias cualitativas en la fauna parasitaria metazoa y que correspondan a aquellos parásitos que puedan considerarse propios de la merluza, impide discriminar stock en base a este criterio.

Análisis de Componentes principales se realizaron sobre un set normalizado de datos ya que las significativas diferencias en talla entre localidades generaron un "ruido" difícil de anular. Las tallas medias de merluzas fluctuaron fuertemente en localidades (época de muestreo) y entre localidades (Tabla 31). Estas fluctuaciones originaron que fuertes variaciones en los análisis multivariados fueran explicados más por la talla de las merluzas que por la carga parasitaria. De este modo, las raíces latentes (eigen value) para cada localidad, correspondiente a talla y al parásito con mayor raíz latente son:

	Talla	Parásito más importante
Coquimbo	17,178	90,9
San Antonio	24,515	88,5
Talcahuano	38,511	45,0
Puerto Montt	24,034	12,4
Muestra Total	29,084	66,1

Los datos fueron normalizados eliminando aquellos inferiores a la media menos una unidad de desviación estándar y aquellos mayores a la media más una unidad de desviación estándar. Este mecanismo no logró eliminar el efecto talla (eliminable sólo al trabajar con muestras de ejemplares de la misma talla) pero si reducirlo notablemente (eigen value de la talla = 627,4 y del parásito más importante = 65,4). La figura 19 muestra el resultado de este análisis, el que globalmente indica una clara discriminación de las merluzas provenientes de Puerto Montt, aquellas de Talcahuano y San Antonio no son discriminadas, y las de Coquimbo insinúan una separación del grupo anterior.

6. DISCUSION

6.1 Análisis morfométrico

El estudio de la variabilidad de la morfometría corporal de los peces se efectuó con una aproximación distinta a las medidas tradicionales. Las bondades de la nueva aproximación de entramado se han analizado con mayor extensión en la sección metodológica. En el presente Proyecto, esta aproximación mostró ciertos niveles de variabilidad que puede producirse en la morfología corporal, incluso al interior de una misma zona. La metodología

mostró ser una herramienta poderosa, particularmente para detectar efectos que pueden estarse produciendo a escala ecológica, en donde condiciones temporales, que afecten a una cohorte específicamente, se manifiestan también con una respuesta específica de la morfología corporal. Aun cuando en el análisis mediante ACP la distribución de los puntos se presenta sobrepuesta considerados individualmente los tiempos de muestreos, al comparar las muestras de las distintas zonas, mediante el MANOVA, las diferencias encontradas son altamente significativas. Por lo tanto, si bien no existiría una separación marcada de grupos poblacionales, estaríamos en presencia de grupos mezclados, con lugares de origen distintos a lo largo de una distribución latitudinal, pero que al estado adulto se mezclan. En términos genéticos eso significa que existiendo homogeneidad genética, las diferencias encontradas se explican como la natural reacción de los genotipos a las condiciones locales espcíficas que afectan principalemente los estados tempranos del desarrollo. Con ello se demostraría que las diferenciaciones morfológicas detectadas por el MANOVA no son más que el

reflejo de la variabilidad propia de una especie que se distribuye ampliamente en un gradiente ambiental. Si lo que se pretendía era encontrar variables cuyo comportamiento (en su variación latitudinal) fuera constante como para ser monitoreado, los análisis de ACP y Discriminante muestran que eso no es posible.

6.2 Talla de 1° madurez sexual

La evidencia de estudios previos en merluza común sugería que la talla de primera madurez podría cambiar latitudinalmente y a través de los años. Balbontín y Fisher (1981) estimaron para 1965 que la longitud de primera madurez sexual era 32,3 cm en Coquimbo, 36,2 cm en San Antonio y 39,4 cm en San Vicente. Balbontín y Bravo (1993) reanalizaron los datos de las merluzas muestreadas en el año 1965 por Balbontín y Fisher (1981), encontrando que la talla de primera madurez disminuyó desde 36,5 en 1965 a 33,5 en 1992 y desde 39,4 en 1965 a 36,6 cm en 1992, en las merluzas de Valparaíso y San Vicente, respectivamente. Sin embargo, en estos estudios, la estimación de la longitud de primera madurez se realizó mediante el método de mínimos cuadrados, el cual presenta problemas en la conducta de los residuales, por lo que no es recomendado para este tipo de análisis (Welch y Foucher 1988). Además, estos estudios carecen de intervalos de confianza que permitan evaluar la validez estadística de las diferencias en las tallas de 1° madurez.

Debido a que las limitaciones de los análisis estadísticos fueron superadas en el presente proyecto y a que se analizó un gran número de ejemplares (diez años y un crucero de evaluación), es

posible concluir que no existen diferencias en la talla de 1° madurez para las áreas y años analizados.

No obstante, el presente análisis se restringió a los últimos 10 años, por lo que se deberían invertir esfuerzos en investigar si se han producido cambios en la talla de primera madurez desde los inicios de la pesquería en los años cuarenta. Al respecto, para 1993 se estimó una talla de primera madurez de hembras que varía entre 37,59 y 42,33 cm (Tabla 9), mientras que Balbontín y Fisher (1981) estimaron para 1965 valores entre 32,3 y 39,4. Estos resultados, aunque obtenidos por métodos distintos, sugieren que la talla de primera madurez habría aumentado en la última década. Este aumento podría explicarse por que en 1965 la pesquería se encontraba sobreexplotada con desembarques de 100 mil t (en 1969 los desembarques caen dramáticamente), mientras que en 1993 el nivel de explotación es menor, con desembarques de 60 mil t.

Como se mencionó en la sección metodológica, en muchas especies son frecuentes los cambios denso-dependientes en la talla de primera madurez, producidos por una gran intensidad de pesca que disminuye la abundancia del stock y genera una disminución de la talla de primera madurez. Si consideramos que esta hipótesis es valida para la merluza de sudáfrica (Payne 1991) y suponemos que también se cumple en merluza común, es interesante analizar los resultados obtenidos en este contexto. Desde el inicio de la pesquería de merluza común en la década de los cuarenta, la mayor intensidad de pesca se ha aplicado entre San Antonio y Talcahuano, siendo mucho menor en Coquimbo y Corral-Pto. Montt (Avilés et al. 1979 y Payá et al. 1993). Por lo tanto, si existieran más de un stock, estos habrían estado sometidos a diferentes

intensidades de pesca, y habrían generado diferentes respuestas denso-dependientes, adoptando distintas tallas de 1° madurez. Sin embargo, los resultados muestran que a pesar de las diferencias en la intensidad de pesca por zonas, no existen variaciones plausibles en esta talla.

6.3 Análisis de marcadores genéticos

Los resultados encontrados en la merluza común, en el presente Proyecto, al aplicar un estudio en doce muestras provenientes de los puertos de desembarque de Coquimbo a Puerto Montt y para un total de 6 loci polimórficos, demuestran que prácticamente la especie presenta una alta homogeneidad genética. Se aplicaron una serie de pruebas con los datos de frecuencias génicas sin resultados contradictorios, lo que indicaría que hasta el momento, con la aplicación de esta técnica específica que analiza la información genética, no es posible discriminar stock, considerados como un grupo intraespecífico de individuos que se cruzan al azar y que tienen una integridad temporal o espacial.

De acuerdo a lo planteado por Sinclair e Iles (1989), la merluza podría ser una especie pobremente estructurada en poblaciones, tendencia que sigue un buen número de especies marinas en las cuales las barreras geográficas como uno de los tantos factores que permiten los procesos de especiación, no son suficientes para permitir aislados genéticos.

En el año 1988, Grant et al., estudiaron la variación geográfica usando aloenzimas en la especie Merluccius capensis, donde pudieron diferenciar de manera bastante débil dos poblaciones regionales. En la otra especie de merluza, M. paradoxus, no se detectaron diferencias geográficas.

En Merluccius merluccius, se analizó la frecuencia de la distribución de los genotipos en tres loci polimórficos, Mangaly y Jamieson (1978) y se demostró que dentro del rango de distribución la especie era homogénea.

Es importante hacer notar que según avanza la investigación en genética molecular, se van aplicando técnicas que son de gran utilidad en los estudios de procesos microevolutivos en peces y con aplicación directa al reconocimiento de stock. Los métodos con aplicación de endonucleasas de restricción en el análisis del ADN mitocondrial, están siendo aplicado de manera rutinaria en varios estudios; lo mismo que una técnica de reciente aparición (RAP-PCR), donde a través de las reacciones en cadena de la enzima polimerasa, permite la amplificación de trozos de ADN al azar, los cuales pueden compararse para diferentes poblaciones (Mayer, 1994). Está por verse aún, si existe una correspondencia entre las técnicas genéticas que emplean proteínas y las que utilizan directamente el ADN.

6.4 Análisis parasitológico

Indudablemente, el mejor criterio parasitológico para discriminar stocks en su acepción pesquera, será la existencia de diferencias cualitativas en la fauna parasitaria, criterio que ha sido empleado con éxito en Merluccius productus, especie en la que diferencias cualitativas sugieren ausencia de contacto extensivo entre dos localidades (Sankurathri et al., 1983). La ausencia de tales diferencias obligan a analizar cuantitativamente la información, siendo las técnicas multivariadas las que integran la información correspondiente a cada una de las especies que conforman las infracomunidades parasitarias.

Análisis multivariado han sido aplicados a la merluza común por George-Nascimento (1996), quien sugiere la existencia de dos stocks ecológicos basados en diferencias consistentes (abundancia de infección) en el parasitismo originado por Grillotia dollfusi, Hysterothylacium sp., Clestobothrium crassiceps y Aporocotyle wilhelmi. De estas especies, no se analizó en forma específica en este estudio, a Hysterothylacium sp. (ver materiales y métodos).

MacKenzie y Longshaw (1995) sugieren como promisorios marcadores a los metacestodes Grillotia sp. y Hepatoxylum trichiuri, para M. australis y M. hubbsi y sugiere las bondades de Clestobotrhium crassiceps para las merluzas del Pacífico sur. Las especies consideradas de importancia y utilizadas en este análisis muestran patrones no necesariamente concordantes con los indicado por George-Nascimento (1996). En todo caso, los datos presentados por este autor deben tomarse con precaución, ya que no existe una

clara consistencia al menos para Clestobothrium crassiceps, debido a que en el texto y en tabla III se indica que su mayor abundancia ocurre en San Antonio y la Tabla II indica que la mayor abundancia se da en Talcahuano (Talcahuano 2,49, San Antonio = 1,97). Similar situación ocurre con Aporocotyle wilhelmi, con mayores valores indicados para San Antonio (0,56), pero en Talcahuano se indica 0,63. Al mezclar Talcahuano con la zona Sur, aparece San Antonio como mayor. Nuestros datos sugieren firmemente la existencia de una agrupación discreta en Puerto Montt, caracterizada entre otras especies por una baja abundancia de este parásito. Adicionalmente, existen fuertes diferencias en los valores de abundancia para algunas parasitosis, siendo las observadas en este estudio mucho mayores. Nuestros datos sugieren claramente que las merluzas provenientes de Puerto Montt responden a un patrón distinto y fácilmente discriminables de aquellas provenientes de San Antonio y Talcahuano. En cambio las provenientes de Coquimbo, si bien son discriminables del grupo anterior, las separaciones en ambos ejes son mucho menores que las observadas para Puerto Montt. En resumen, los datos sugieren claramente la existencia de una subunidad asociada a la zona de pesca de Puerto Montt y una segunda asociada a la zona de Talcahuano - San Antonio. La zona de Coquimbo se insinúa como una tercera subunidad, la que se podría corroborar con el estudio de merluzas provenientes de zonas pesqueras al norte de Coquimbo (Tal Tal, por ejemplo).

Si bien el número de peces aquí analizados (782 peces) son notoriamente menores que los de George-Nascimento (1172 peces), la información parasitológica resulta ser mayor, la que registra la presencia de 21 taxa parasitarios (que aumentarían a 23 al considerar la potencial presencia de Hysterothylacium sp., Contracaecum sp. y Pseudoterranova decipiens considerados aquí

como Anisakidae) y un total de 10920 parásitos, contra 17 taxas y 8907 parásitos que conforman los datos de George-Nascimento.

6.5 Análisis integrado

Para poder analizar en forma integrada los resultados del presente proyecto es conveniente revisar los principales antecedentes disponibles de la biología de la merluza común:

Epoca y zonas de desove:

La merluza es un desovante parcial, es decir, desova por tandas a lo largo de todo el año, sin embargo, presenta dos períodos de desove, el principal en primavera y el secundario en otoño (Balbontín y Fisher, 1981). El desove se realiza a lo largo de toda el área de distribución, no obstante, Avilés et al. (1979) identifican tres zonas principales de desove: 1) Papudo; 2) Sur del Golfo de Arauco e Isla Mocha; 3) Bahía San Pedro (40°S).

Distribución espacial de huevos y larvas:

Rojas y Blanco (1981), analizando en forma acumulada la información generada en cruceros de investigación entre 1974 y 1979, encuentran que los huevos de merluza común se distribuyen en toda el área de estudio (32-40°S), concentrándose en dos zonas

principales, una ubicada entre los 32°15'S y 34°45'S (Valparaíso) y la otra entre los 35°15'S y 37°15'S (Talcahuano). Los mismos autores, encuentran que las larvas de merluza se concentran principalmente en tres zonas: Valparaíso; Constitución y Talcahuano. En estudios posteriores Rojas et al. (1983) confirman los resultados de Rojas y Blanco (1981), pero además, mencionan que el desove se extendería hasta los 42°S y describen una zona adicional de concentración de huevos y larvas en las inmediaciones de Corral (39°30'S).

Zonas de reclutamiento a la pesquería:

Payá et al. (1995), analizando la distribución espacio-temporal de la proporción de reclutas (ejemplares de longitud < 37 cm) en las capturas comerciales, encuentran cuatro zonas principales de reclutamientos: Valparaíso (33,2°S); San Antonio (33,5°S); Constitución-Talcahuano (35,3°-36,5°S) y Lebu-norte de Isla Mocha (37,5-38,2°S). Estas zonas se corresponden con las zonas de desove, lo que sugiere un cierto grado de residencia de ejemplares menores de 37 cm.

Migraciones:

Villegas y Satersdal (1968), en experimentos de marcación de merluza común (> 37 cm de longitud total) con banderas de "lowestof", encontraron en 1964-1966 extensas migraciones a lo largo de la costa, con una migración hacia el norte a fines del

invierno o en la primavera y una migración hacia el sur en verano y otoño. La extensión de las migraciones superaron las 200 mn: peces liberados en Valparaíso fueron recuperados en Papudo y Coronel; merluzas marcadas en San Antonio fueron capturadas en Papudo y Constitución e individuos marcados en Coronel fueron recuperados en San Antonio. Según los autores, las migraciones estarían asociadas a la época del desove principal que ocurre en primavera.

En relación a estos estudios de marcación, llama la atención que las migraciones se restringieron a la zona entre Papudo y Coronel. Esto se debe a que en esa época las capturas comerciales de merluza se concentraban en esa zona, siendo imposible obtener recuperaciones donde no existía pesquería. Por lo tanto, se desconoce si los peces pueden migrar hacia el sur de Coronel, no obstante, considerando la gran extensión de las migraciones (Valparaíso-Coronel), es probable que ejemplares marcados en Coronel hayan migrado más de 200 mn hacia el sur. Esta hipótesis explicaría por que los porcentajes de recuperación (8-10%) en Valparaíso y San Antonio fueron mayores que en Coronel (3-7%).

Dado que en la actualidad la pesquería se desarrolla hasta los 41°S (Payá et al. 1993), sería importante realizar estudios de marcación que permitan conocer toda la extensión geográfica de las grandes migraciones que se han descrito para este recurso.

En síntesis, considerando los antecedentes anteriores y los resultados generados en el presente proyecto, se postula lo siguiente:

La merluza común desova durante todo el año, presentando un desove principal en primavera y otro secundario en otoño. El desove se realiza a lo largo de toda la distribución del recurso, no obstante se presentan cuatro zonas de mayor concentración: 1) Papudo-Valparaíso; 2) Constitución-Talcahuano; 3) Lebu y 4) Bahía San pedro, lo que determinaría en los primeros estados de vida, la generación de las diferencias morfológicas detectadas. Las principales zonas de reclutamiento a la pesquería se corresponden con las zonas de desove, sugiriendo un cierto grado de residencia en ejemplares menores de 37 cm. Los individuos reproductivos (> 37 cm) realizan extensas (más de 200 mn) migraciones estacionales relacionadas con el desove y probablemente con aspectos tróficos, lo que explicaría: la gran homogeneidad genética; la estabilidad en la talla de primera madurez sexual en las diferentes zonas de desove; la gran mezcla de las distintos morfos encontrados y la falta de diferencias cualitativas en la fauna parasitaria. No obstante, parece razonable pensar que hacia los extremos geográficos de la distribución del stock (Coquimbo y Pto. Montt), puedan existir fracciones que presenten diferencias cuantitativas en la fauna parasitaria, las cuales pueden ser stocks ecológicos (George-Nascimiento, 1996).

Finalmente, considerando la definición pesquera de stock adoptada en este proyecto, que considera a una unidad de stock como un conjunto de peces que se entrecruzan al azar para reproducirse y que poseen una integridad genética que persiste en el tiempo (Kutkun 1981), se concluye que existe una sola unidad de stock del recurso merluza común.

7. CONCLUSIONES

7.1 Existen diferencias significativas en la morfología de las merluzas de las diferentes zonas. Sin embargo, estos grupos morfológicos presentan un alto grado de mezcla.

7.2 La talla de primera madurez sexual presenta escasas diferencias plausibles entre zonas y años, mostrando una estabilidad espacial y temporal.

7.3 La especie presenta una alta homogeneidad genética, por lo que no es posible discriminar unidades de stocks.

7.4 La ausencia de claras diferencias cualitativas en la fauna parasitaria metazoa impide discriminar unidades de stock en base a este criterio.

7.5 Las diferencias cuantitativas en la parasitofauna indican la presencia de dos grupos de merluzas, uno proveniente de Puerto Montt y el otro de Talcahuano y San Antonio. Por otra parte, insinúan la separación del grupo de Coquimbo de las merluzas de Talcahuano y San Antonio. Estos grupos pueden considerarse como stocks ecológicos.

7.6 De la revisión de los principales antecedentes biológicos se concluye que la merluza común desova durante todo el año y a lo largo de toda su distribución geográfica. Sin embargo, existe un desove principal en primavera y otro secundario en otoño, los cuales se realizan principalmente en cuatro zonas. No obstante, existen extensas migraciones estacionales relacionadas con los procesos reproductivos y probablemente con aspectos tróficos, las cuales producirían la mezcla de los individuos del stock.

7.6 Bajo la definición pesquera de stock adoptada en este proyecto, que considera a un stock como un conjunto de peces que se entrecruzan al azar para reproducirse y que poseen una integridad genética que persiste en el tiempo (Kutkun 1981), se concluye que existe una sola unidad de stock del recurso merluza común.

8. REFERENCIAS CITADAS

Aguayo, M., y Z. Young. 1982. Determinación de los factores que han incidido en los cambios de la abundancia relativa del recurso merluza común (Merluccius gayi gayi) en el período 1968-1981. Instituto de Fomento Pesquero. 79 págs.

Avilés, S., M. Aguayo, F. Inostroza y J. Cañón. 1979. Merluza común, Merluccius gayi (Guichenot) Teleostomi, Gadiformes, Merluccidae. Estado actual de las principales pesquerías nacionales. Bases para un desarrollo pesquero (peces). AP 79-17. Inst. Fom. Pesq. Chile. 1-88.

Balbontín F. y R. Bravo. 1993. Variaciones temporales en la fecundidad y en la talla de la primera madurez sexual en la merluza común. Informes científicos y Técnicos. Inst. Oceanología. U. de Valparaíso. 12/93. 30 p.

Balbontín, F. y W. Fisher. 1981. Ciclo sexual y fecundidad de la merluza, Merluccius gayi gayi, en la costa de chile. Rev. Biol. Mar., Valparaíso. 17(3): 285-334.

Beachman, T.D. 1983. Variability in median size and age at sexual maturity of Atlantic cod, Gadus morhua, on the scothian shelf in the Northwest Atlantic Ocean. Fishery Bulletin 81(2): 303-321.

Bookstein, F. L., B. Chernoff, R.L. Elder, J.M. Humphries, G.R. Smith, y R. E. Strauss. 1985. Morphometrics in evolutionary biology. Acad. Nat. Sci. Phila., Spec. Publ. 15: 1-277.

Bustos, R. M. Aguayo, J. Sateler, y C. Vera. 1990. Estado de la situación y Perspectiva del Recurso. Diagnóstico de lasPrincipales Pesquerías Demersales (Peces) Zona Centro Sur,1989. Santiago, Chile, IFOP:94 pp. (AP 90/7).

Carvajal, J. y P. Cattan. 1978 Ocurrence of the plerocercus of Grillotia dollfusi Carvajal, 1971 (Cestoda: Trypanorhyncha) in the chilean hake Merluccius gayi (Guichenot, 1848). Jour. Parasitol. 64: 695-708.

Carvajal J., Cattan P., Castillo C. y P. Schatte. 1979 Larval anisakids and other helminths in the hake Merluccius gayi (Guichenot) from Chile. Jour. Fish Biol. 15: 671-677.

Christiansen, F.B., O. Frydenberg, J.P. Hjorth and V. Simonsen. 1976. Genetics of Zoarces populations. IX. Geographic variation at the three phosphoglucomutase loci. Hereditas 83:245-256.

Crowley, PH. 1992. Resampling methods for computation-intensive data analysis in ecology and evolution. Ann. Rev. Ecol. Syst. 23:405-447.

Durán L. E. y M. E. Oliva. 1980. Estudio parasitológico en Merluccius gayi peruanus Gingsburg 1954. Bol. Chile. Parasitol. 35:18-21

Fernández, J. 1985. Estudio parasitológico de Merluccius australis (Hutton, 1872) (Pisces: Merluccidae): aspectos sistemáticos. estadísticos y zoogeográficos. Bol. Soc. Biol. Concepción 56: 31-41.

George-Nascimento, M. 1992. Estudio de stocks de la merluza austral Merluccius autralis (Hutton) mediante análisis comparativo de su fauna parasitaria y morfometría. (Manuscrito).

George-Nascimento M. y H. Arancibia 1992 Stocks ecológicos del jurel (Trachurus symmetricus murphyi Nickols) en tres zonas de pesca frente a Chile, detectados mediante

comparación de su fauna parasitaria y morfometría. Rev. Chile. Hist. Nat. 65: 453

George-Nascimento, M. 1996. Populations and assemblages of parasites in hake from the southeastern Pacific Ocean: stock Implications. Jour. Fish. Biol. 48:557-588.

Gould, S. J. 1966. Allometry and size in ontogeny and phylogeny. Biol. Rev. Cambridge Philos. Soc., 41: 587-640.

Grant, W.S., R. Leslie y M. Becker. 1988. Evolutionary divergence between sympatric species of southern African hakes. Merluccius capensis and Merluccius paradoxus. Heredity, 61: 13-20

Gulland, J.A. 1975. Manual of methods for fisheries resources survey and appraisal. Part 5. Objectives and basic methods. FAO Fish. Tech. Pap., N° 145:29 pp.Hosmer, D. W. y S. Lemeshow. 1989. Applied logistic regresion. John Wiley and Sons, N.Y.

Hartl, D. 1980. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates, Inc. Publishers. Massachussetts. 488 pp.

Herrera, S., Bustos-Odregon e. y F. Balbontín. 1988. Morphological aspects of gonadal maturation in the hake, Merluccius gayi gayi. Rev. Biol. Mar., Valparaíso. 24(1):55-71.

Hubbs, C. L. y K. F. lagler. 1947. Fishes of the Great Lakes Region. Cranbrook Institute of Science, Bull. 26, 186 pp.

Hubold, H. 1978. Variations in growth rate and maturity of herring in the northern north sea in the years 1955-1973. Rapp. r.-V.Reun.Cons.Int. Explor. Mer. 172: 154-163.

Humphries, J.M., F.L. Bookstein, B. Chernoff, G.R. Smith, R.L. Elder, & S.G. Poss. 1981. Multivariate discrimination by shape in relation to size. Syst. Zool., 30: 291-308.

Ihssen, P. E., H. E. Booke, J. M. Casselman, J. M. Mc Glade, N.R. Payne y F. M. Utter. 1981. Stock identification: materials and methods. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 38: 1838-1855.

Jorgensen T. 1990. Long-term changes in age at sexual maturity of Northeast Artic cod (Gadus morhua L.). J. Cons. Int. Explr. Mer. 46:235-248.

Kabata, Z. 1963. Parasites as biological tags. Int. Comm. Northwest Atl. Fish., Spec. Publ. 4: 31-37.

Kabata, Z. 1979. Parasitic copepods of British fishes. The Ray Society 152:468 pp + 2031 figs.

Kabata, Z. y J. S. Ho. 1981. The origin and dispersal of hake (genus Merluccius : Pisecs: Teleostei) as indicat by its copepods parasites. Oceanogr. Mar. Biol. 19: 381-404.

Kutkun, J.H. 1981. Stock definition as a necesary basis for cooperative management of great lakes fish resources. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 38: 1476-1478.

Leaman B. M. y Z. Kabata. 1987. Neobrachiella robusta (Wilson, 1912) (Copepoda: Lernaeopodidae) as a tag for identification of stocks of its host, Sebastes alatus (Gilbert, 1890) (Pisces: Teleostei). Can J. Zool. 65: 2579-2582.

Lester, R. J. G. 1990. Reapraisal of the use of parasites for fish stock identification. Austral. Jour. Mar. Fresh. Res. 41: 855-864.

Leible, M. 1979. Análisis taxonómico de las subespecies de Merluccius gayi (Teleostomi, Gadiformes). Acta Zoológica Lilloana 35: 667-677.

Leible, M. y E. G. Martínez. 1974. Taxonomía de muestra compuesta de Merluccius gayi (Pisces: Merluccidae). Inv. Oceanol. Chil., 1(1): 3-13.

MacKenzie, K. 1983. Parasites as biological tags in fish population studies. Adv. Applied Biol. 7: 251-331.

Mackenzie, K. 1989. Parasites as biological tags for pacific sardines Sardinops sagax (Jennyns) in coastal waters of Ecuador and Perú Inf. DAFS Mar Lab. Abeerden Escocia

MacKenzie K. y Longshaw M. 1995. Parasites of the hakes Merluccius australis and Merluccius hubbsi in the waters around the Falkland Islands, Southern Chile and Argentina, with an assesment of their potential value as biological tags. Can. Jour. Fish. Aq. Sciences 52: 213-224.

Mangaly, G. y A. Jamieson. 1978. Genetic tags applied to the European kahe, Merluccius merluccius (L.). Anim.Blood Grps. Biochem. Genet., 9: 39-48.

Margolis, L 1965. Parasites as an auxiliary source of information about the biology of pacific salmons (Genus Oncorhynchus). J. Fish. Res. Bd. Canada 22: 1387-1395.

Margolis, L., Esch GW, Holmes, JC., Kuris AM, y GA Schad 1982 The use of ecological terms in parasitology (Report of an ad hoc committee of the American Society of Parasitologists). Jour. Parasit. 68:131-133.

Mateo CE. 1972. Investigación parasitológica de la merluza (Merluccius gayi peruanus). Inf. Inst. Mar Peru-Callao 40: 13 pp.

McDaniel D. 1979 Procedures for the detection and identification of certain fish pathogen. American Fisheries Society. Fish Health Section. Fish Health Blue Book 118 pp.

Meyer, A. 1994. Molecular phylogenetic studies of fish. in: A.R. Beaumont (Ed.) Genetics and Evolution of Aquatic Organisms. Chapman & Hall, London. : 219-248.

Morrison, DF. 1967. Multivariate Statistical Methods, McGraw-Hill, New York.

Moser, M. 1983. Parasites as biological tags for herring. Can. Manuscr. Rep. Fish. Aquat. Sci 1700: 125-127.

Moser, M. 1991. Parasites as biological tags. Parasitology Today. 7: 182-185.

Nei, M. 1978. Estimating of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. Genetics. 89: 583-590

Noble, E. y G. Noble. 1982 Parasitology. The biology of animal parasites. 5th Ed. Lea y Febiger Philadelphia. 522 pp.

Oliva, M. E. 1982. Parásitos en peces marinos de Antofagasta, CONA 6: 45-56.

Oliva, M. E, Durán L. E. y R. Verano. 1980. Argulus peruvianus nueva especie marina de Argulus Muller 1758. Rev. Ciencias UNMSM (Perú) 72 (1): 14-20.

Oliva M. E., Borquez A.S. y A. Olivares. 1992. Sexual status of Paralabrax humeralis (Serranidae) and infection by Philometra sp. (Nematoda: Dracunculoidea). Jour. Fis Biol. 40: 979-980.

Oliva M. y M. Muñoz. 1985 Helicometra fasciata y Helicometrina nimia (Trematoda: Opecoelidae) en peces marinos de la Segunda región-Chile, Parasitol. al Día 9:107-111.

Ovenden, J.R. 1990. Mitochondrial DNA and marine stock assesment: a review. Australian Jour. Mar. Freshwater Res. 41: 835-854.

Parrish, B y A. Saville 1965. The biology of hte northeast Atlantic herring populations.. Oceanogr.Mar.Biol.Ann.Rev. 3:323-373.

Payá, I., J. Sateler, J.M. Donoso y S. Mora. 1993. Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales 1992. Pesquerías demersales zona centro-sur. Estado de situación y perspectivas del recurso. SGI-IFOP 93/2. 41 pp.

Payá, I, S. Mora, H. Pool, H. Miranda, J. Ortega y R. Saldías. 1995. Sección I: Proporción de juveniles y distribución de longiutdes. En. Cuantificación del reclutamiento de merluza común en la zona centro-sur. FIP 94-21. Inst. Fom. Pesq.

Payne A.L. 1991. A remarkably robust resource. Hake south Africa´s biggest catch. S. Afr. Comml. Fisherman. 3(3):12-14.

Pippy, J. H. C. 1969. Pomphorhynchus laevis (Zoega) Muller, 1776 (Acanthocephala) in atlantic salmon (Salmo salar) and its use as a biological tag. J. Fish. Res. Bd. Canada 26: 909-919.

Polyanski, Y.I. 1961. Ecology of parasites of marine fishes. In: "Parasitology of fishes" (Dogiel, V. A, Petrushevsky G.K. y Y.I. Polyanski eds.) 48 - 83.

Richardson, B., P. R. Baverstock y M. Adams. 1986. Allozyme electrophoresis. A handbook for animal systematic and population studies. Academic Press. 410 pp.

Rojas, O. y J. Blanco. 1981. Determinación de área y época de desove de merluza común (Merluccius gayi) en el área de su pesquería. Inst.Fom.Pesq. 66 p.

Rojas, O, A. Mujica, M. Labra, G. Lederman y H. Miles. 1983. Estimación de la abundancia relativa de huevos y larvas de peces. Inst. Fom. Pesq. AP 83-31.

Sankurathri C, Z. Kabata y Whittaker DJ 1983. Parasites of the Pacific hake Merluccius productus (ayres, 1855) in the Strait of Georgia in 1974-1975. Syesis 16:5-22

Schweigert, J. F. 1991. Multivariate description of pacific herring (Clupea harengus pallasi) stocks fron size and age information. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 48: 2365-2376.

Scott, J. S. 1969. Trematode populations in the Atlantic Argentine Argentina silus and their use as biological indicators. J. Fish. Res. Bd. Canada 26: 879-891.

Shapiro, S.S., M.B. Wilk, & H.J. Chen. 1968. A comparative study of various tests for normality. J. Amer. Statist. Assoc., 63: 1343-1372.

Sinclair, M. y T.D. Iles. 1989. Population regulation and speciation in the oceans. J. Cons. int. Explor. Mer., 45: 165-175.

Sinclair, M., A. Sinclair, and T.D. Iles. 1982. Growth and maturation of southwest Nova Scotia Atlantic herring (Clupea harengus harengus). Can.J.Fish.Aquat.Sci. 39:288-295.

Smith, P. J. 1990 Protein electrophoresis for identification of Australian fish stock. Australian Jour. Mar. Freswater Res. 41: 823-834.

Somerton; D. A. 1989. Detecting differences in fish diet. Fish. Bull. U.S. 89: 167-169.

Stevenson, J.C. 1954. The movement of herring in British Columbia waters as determined by tegging with a description of tagging and recovery methods. Reun. Perm. Int. Explor. Mer. Spec. Sci. Meet. on Herring Tagging and Results. Doc. N° 56:39 p.

Strauss, R. E. y F. L. Bookstein. 1982. The truss: body form reconstruction in morphometrics. Syst. Zool. 31- 113-135.

Stuardo J. y Fagetti, E. 1961. Copepodos parásitos chilenos I. Una lista de las especies conocidas y descripción de tres nuevas especies, Rev. Chilena Hist. Nat. 55:55-82.

Szidat, L. 1955. La fauna de parásitos de Merluccius hubbsi como caracter auxiliar para la solución de problemas sistemáticos y zoogeográficos del género Merluccius L. Inst. Nac. Invest. Cs. Nat. Mus. Argentino Cs. Naturales "Berbardino Rivadavia" 3 (1): 53 pp.

Szidat, L. 1960. La parasitología como ciencia auxiliar para develar problemas hidrobiológicos, zoogeográficos y geofísicos del Atlántico Sur. Pags. 577-594, En: Libro Homenaje E. Caballero Caballero. UNAM-México.

Templeman, W. y C.A. Bishop. 1979. Sexual maturity and spawninig in haddock Melanogrammus aeglefinus, of St. Pierre Bank, Int. Comm. Northwest Atl.Fish.Res.Bull. 14:77-83.

Thorpe, R.S. 1976. Biometric analysis of geographic variation and racial affinities. Biol. Rev., 51: 407-452.

Tyler. A.V. 1988. Biological bases for management of groundfish resources of the West coast of Canada. in: W.S. Wooster (Eds.) Fishery Science and Management. Springer-Verlag: 216-234.

Villegas, L y G. Saetersdal, 1968. Informe preliminar sobre experimentos de marcación de merluza común (Merluccius gayi) en Chile. Inst. Fom. Pesq. Publicación N°37, 5 p. 6 figs. y 9 tablas.

Welch, D. W. y R. P. Foucher. 1988. A maximum likelihood methodology for estimating length-at-maturity with application to pacific cod (Gadus macrocephalus) population dynamics. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 45: 333-343.

Wilkinson, L. 1988. SYSTAT: The system for statistics. SYSTAT Inc., Evanston, Illinois, USA.

Winans, G. A. 1987. Using morphometric and meristic characters for identifying stocks of fish. In: H. E. Kumpfs, R. N. Vaught, C. B. Grimes, A G. Johnson y E. L. Nakamura (Eds.). Proceedings of the stock identification workshop. NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFC 199:25-62.

Wood, C.C., D.T. Rutherford y S. McKinnel. 1989. Identification of sockeye salmon (Oncorhynchus nerka) stocks in mixed-stock fisheries in British Columbia and southeast Alaska using biological markers. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 46: 2108-2120.

Zar, H 1984. Biostatistical analysis. Prentice Hall 718 pp.

FIGURAS

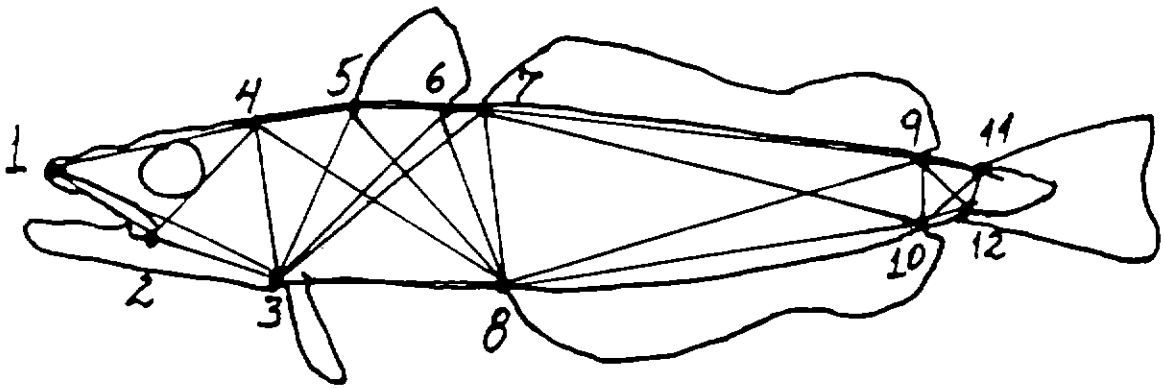


Figura 1 Puntos o "hitos morfológicos" usados en la estimación de variables merísticas en la metodología del entramado, de acuerdo a Strauss y Bookstein (1982).

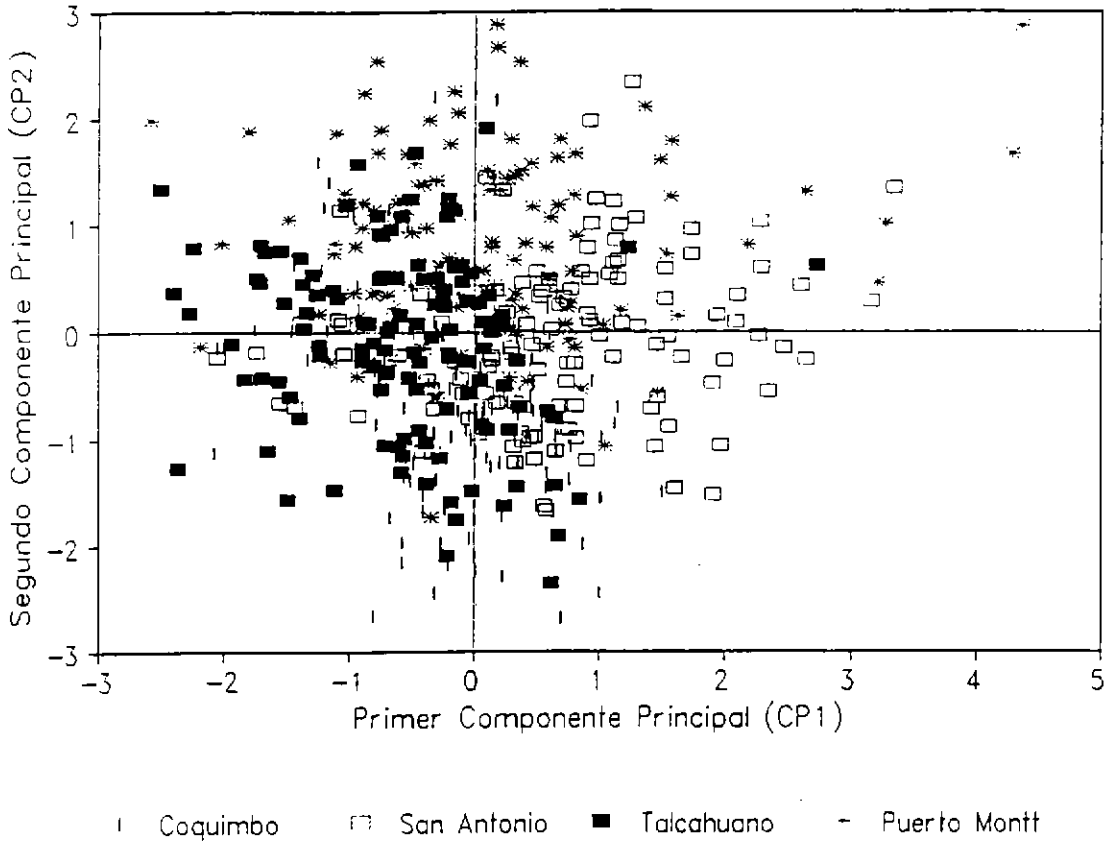


Figura 2 Morfometría corporal de <u>Merluccius</u> en las cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) en el primer muestreo. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 69,76% de la varianza total.

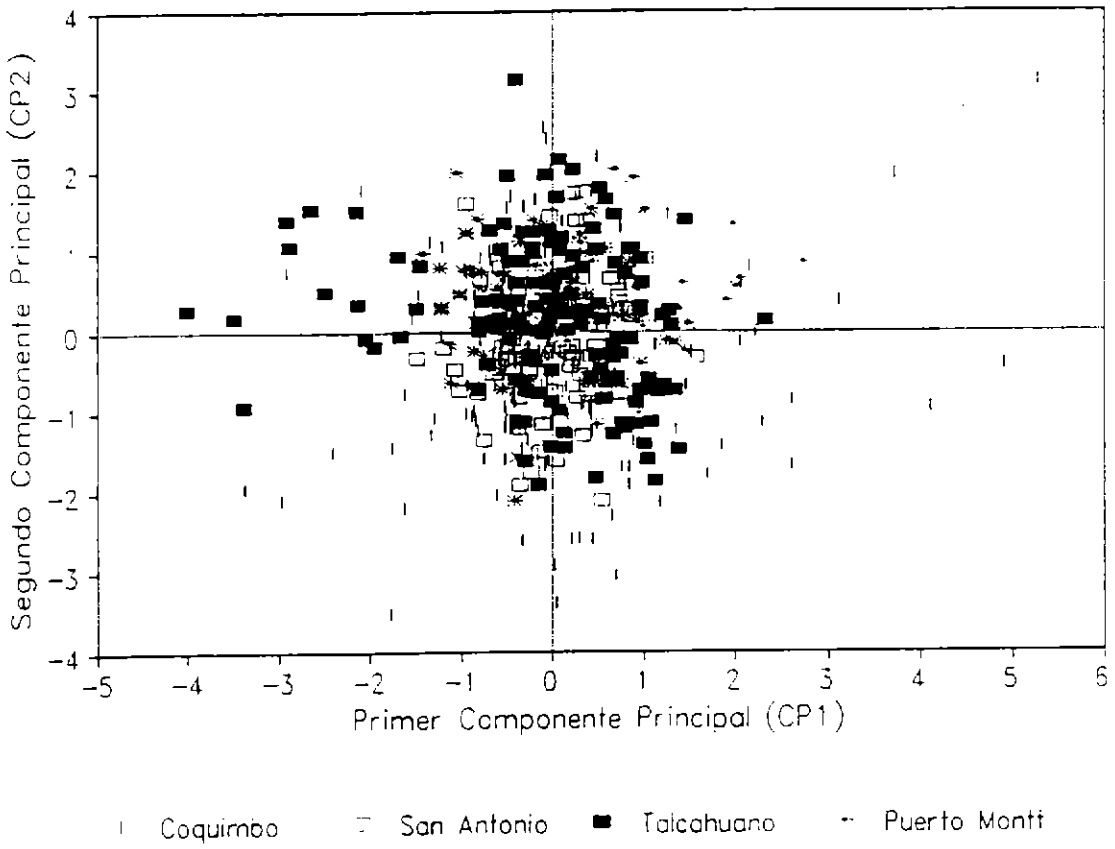


Figura 3 Morfometría corporal de Merluccius en cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) en el segundo muestreo. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 70,7% de la varianza total.

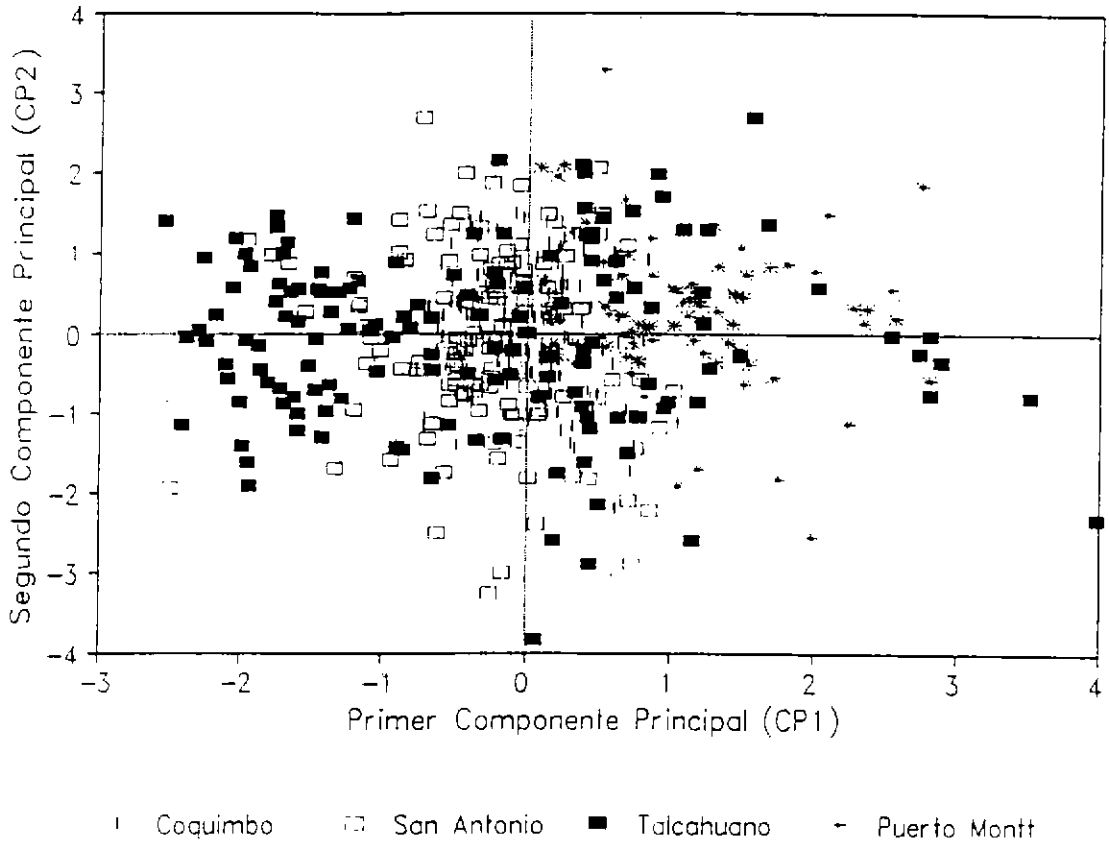


Figura 4 Morfometría corporal de Merluccius en cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) en el tercer muestreo. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 80,9% de la varianza total.

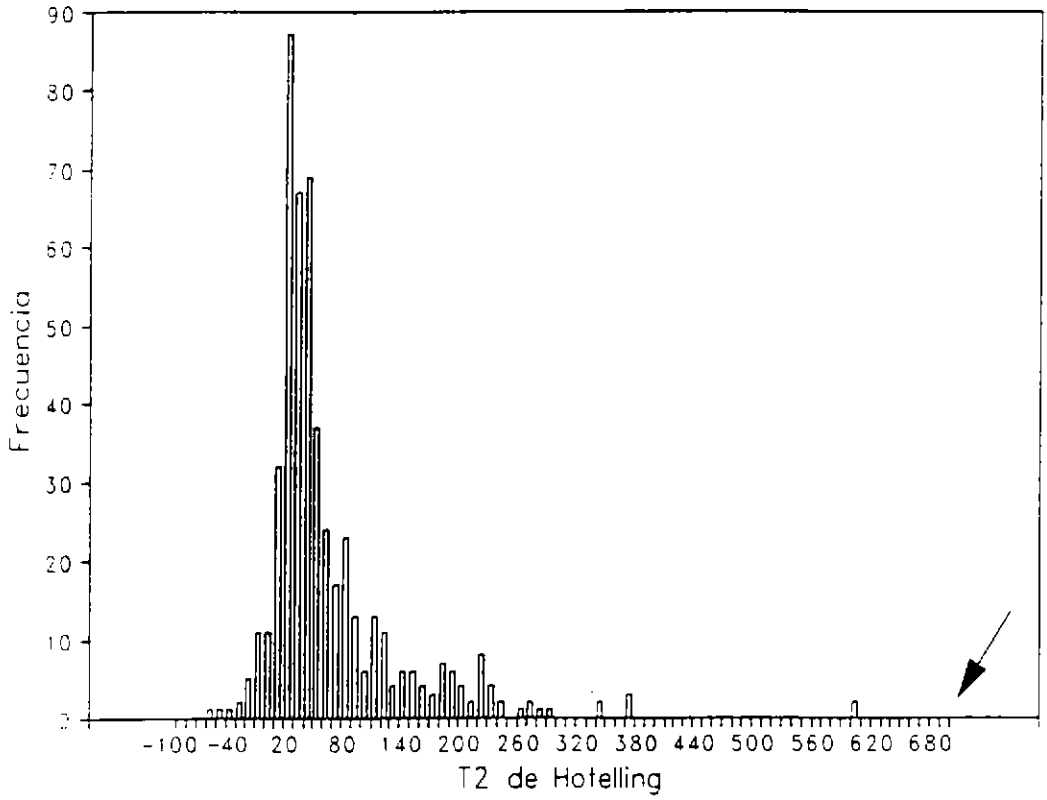


Figura 5 Distribución de probabilidades estadístico T^2 de Hotelling. 500 iteraciones para comparación entre Coquimbo y Sur. La flecha indica la ubicación del valor calculado (692,16).

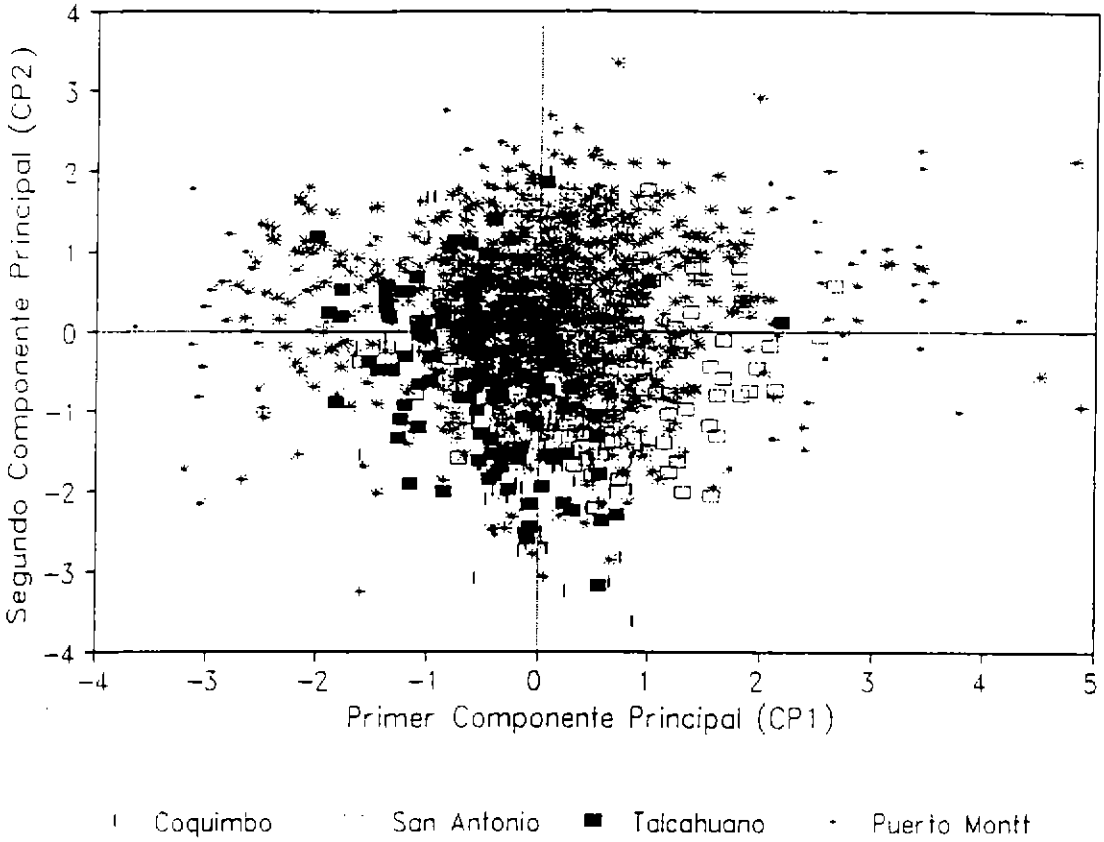


Figura 6 Morfometría corporal de Merluccius gayi en las cuatro localidades (Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Sur) considerando todos los muestreos. Las observaciones corresponden a los puntajes de cada pez en los dos primeros ejes principales, que explican un 77,8% de la varianza total.

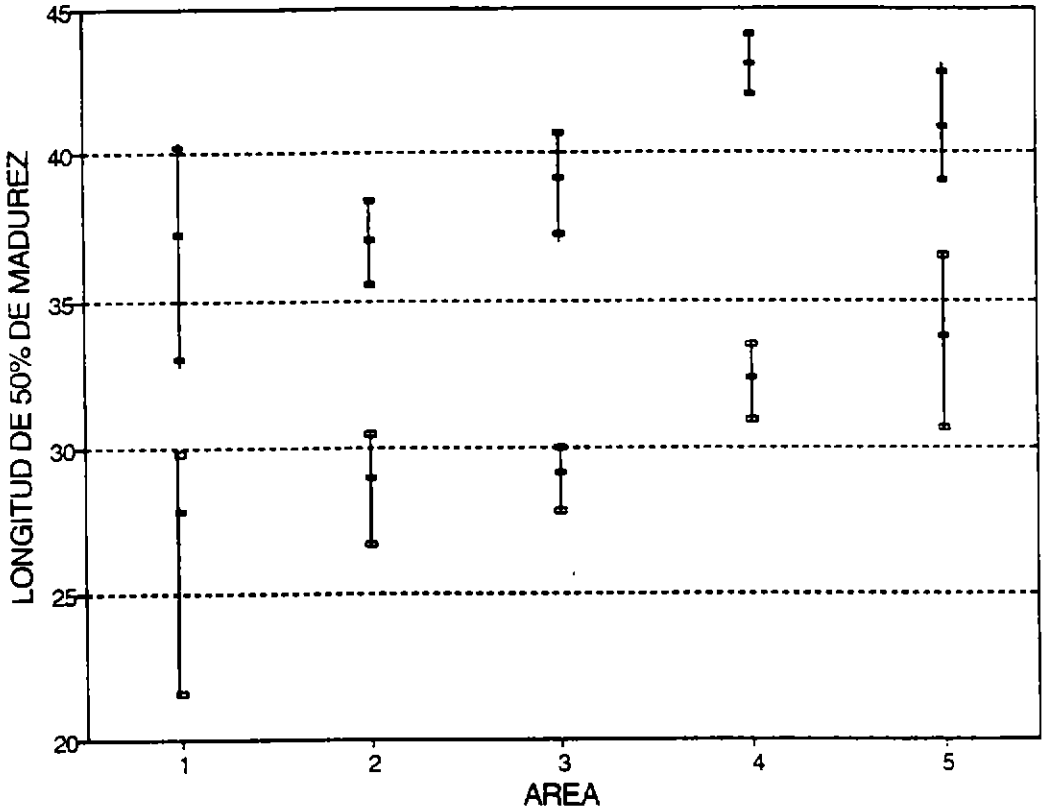


Fig. 7 Longitud de primera madurez en hembras (Cuadrado lleno) y machos (Cuadrado vacío) de merluza común en el crucero de investigación de 1993. La barra vertical corresponde a la región de 5% de plausibilidad.

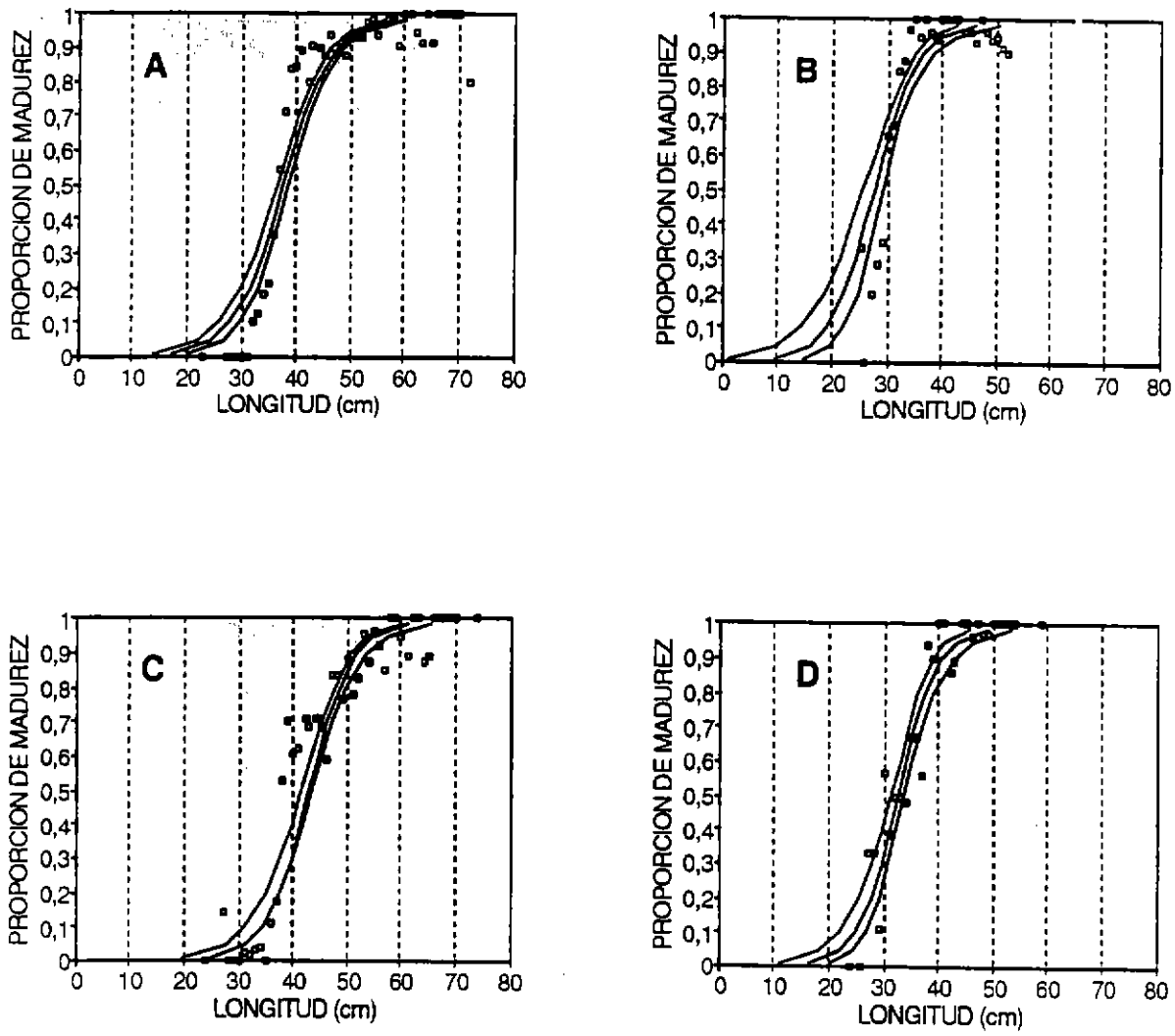


Fig. 8 Modelo logístico de madurez e intervalos de 5% de plausibilidad del crucero de investigación de 1993.(A) Hembras zona norte, (B) Machos zona norte, (C) Hembras zona sur, (D) Machos zona sur.

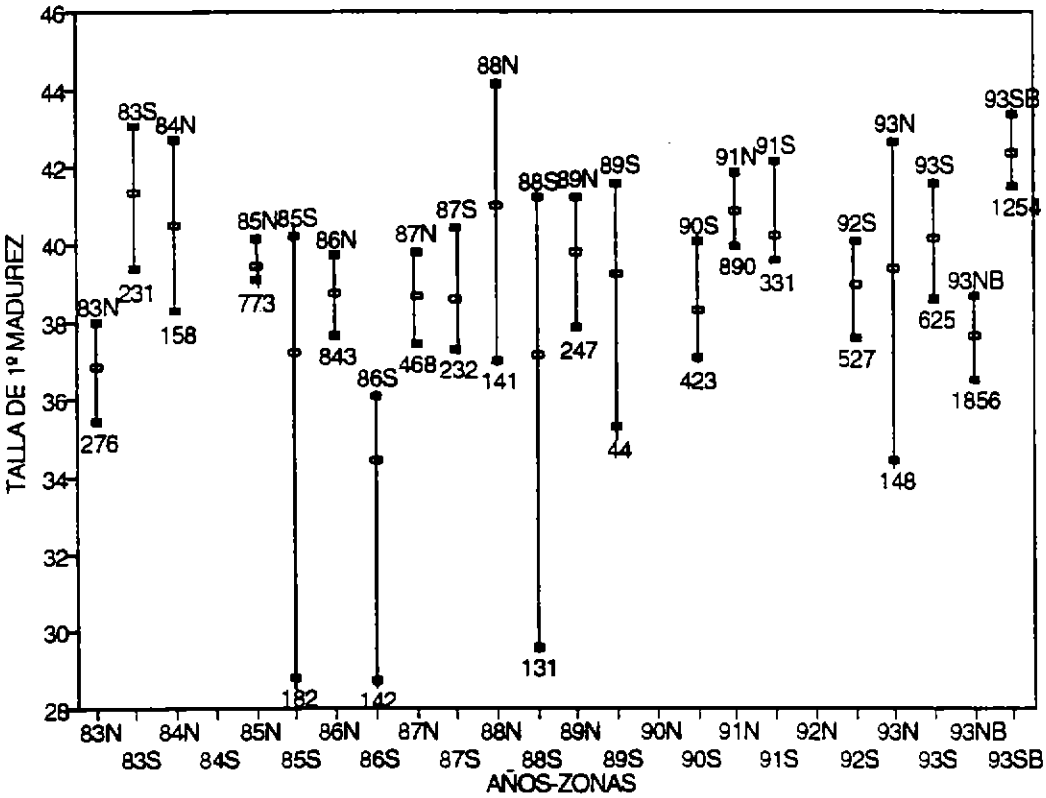


Fig. 9 Talla de primera madurez de machos por años y áreas (N=Norte de 37º y S=Sur 37º y S=Sur de 37ºS). La Barra vertical corresponde al intervalo de 5% de plausibilidad y el número debajo de la barra indica los ejemplares analizados.

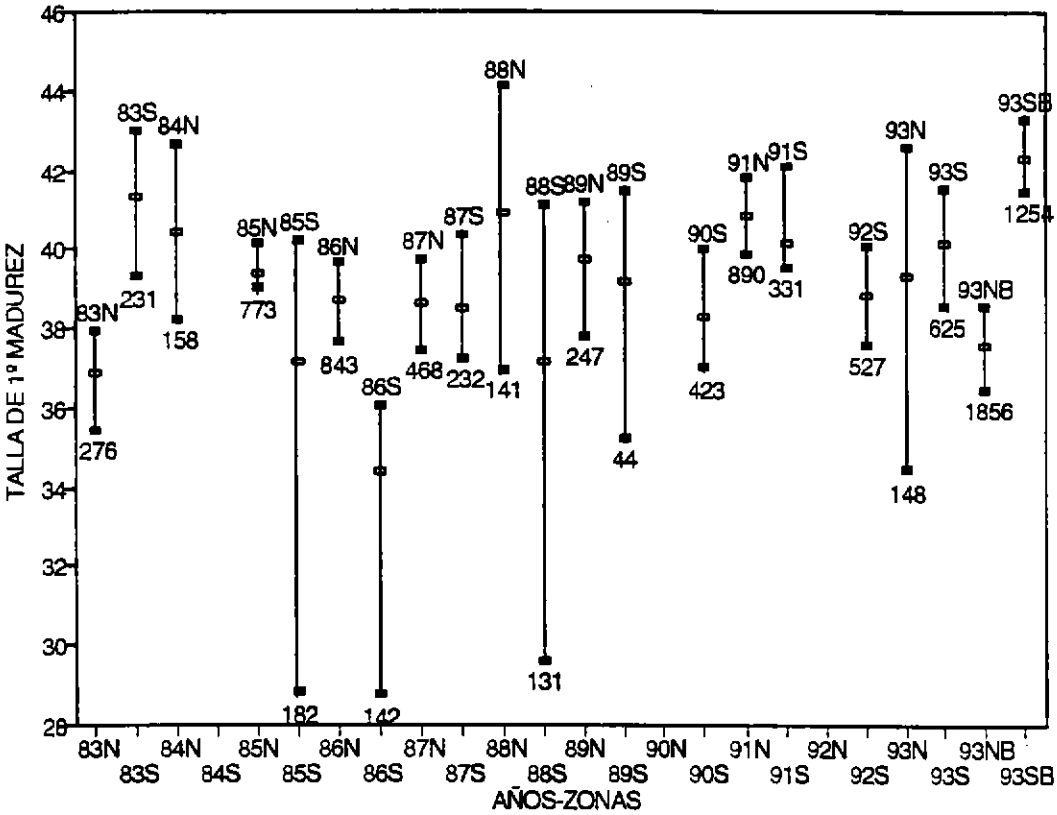


Fig. 10 Talla de 1º madurez de hembras por años y áreas (N=Norte de 37º y S=Sur de 37ºS). La barra vertical corresponde al intervalo de 5% de plausibilidad y el número debajo de la barra indica los ejemplares análizados.

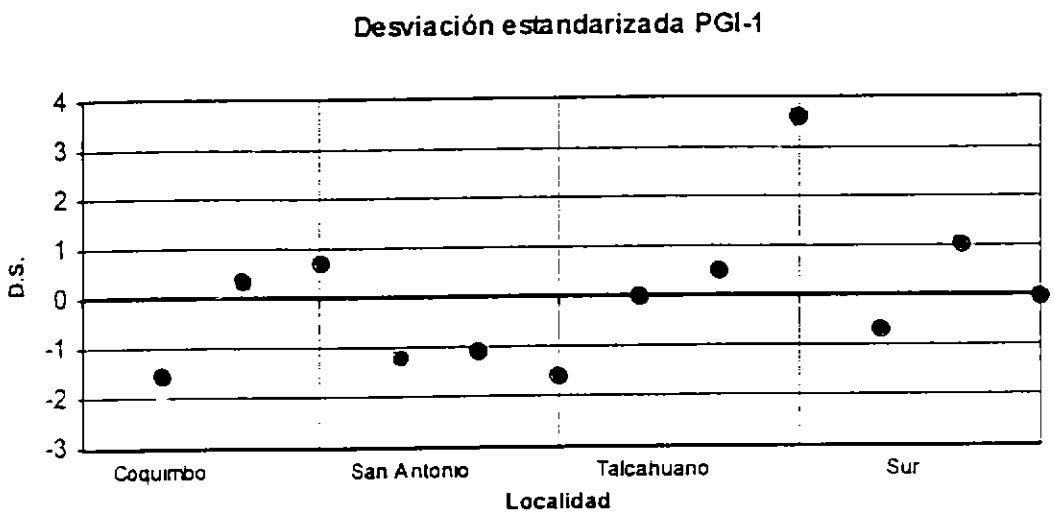


Fig. 11 Gráfico de desviación estandarizada en el locus PGI-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

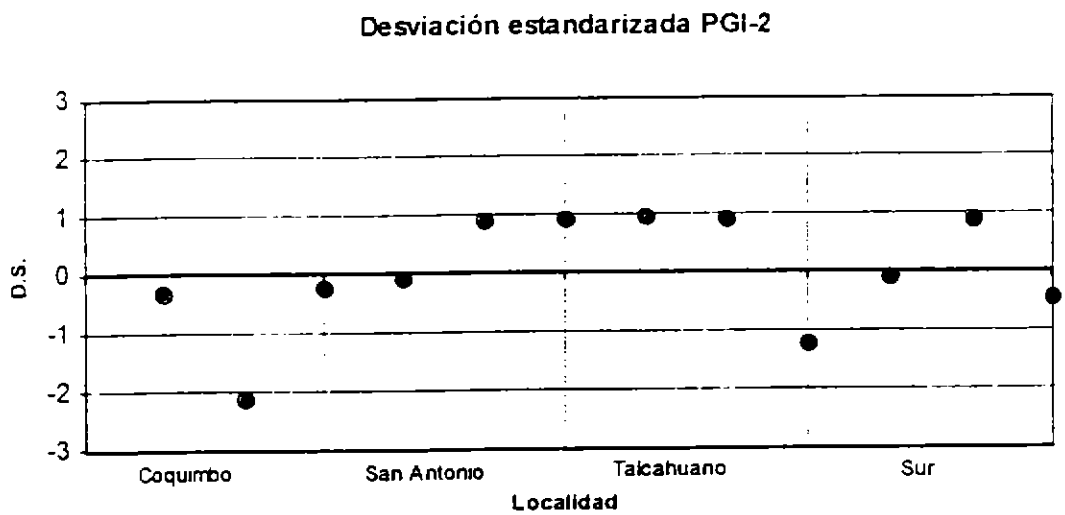


Fig. 12 Gráfico de la desviación estandarizada en el locus PGI-2 para todas las muestras agrupadas por localidad.

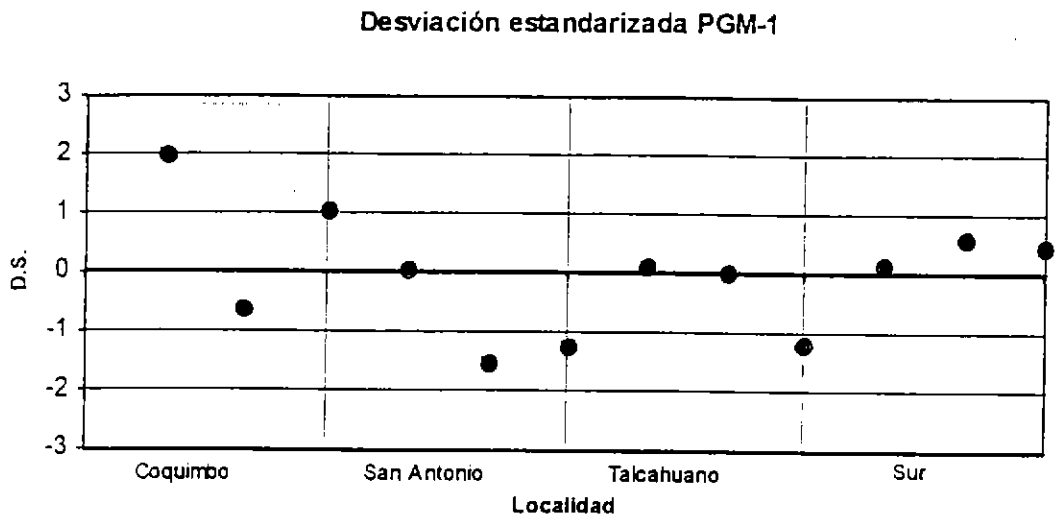


Fig. 13. Gráfico de la desviación estandarizada en el locus PGM-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

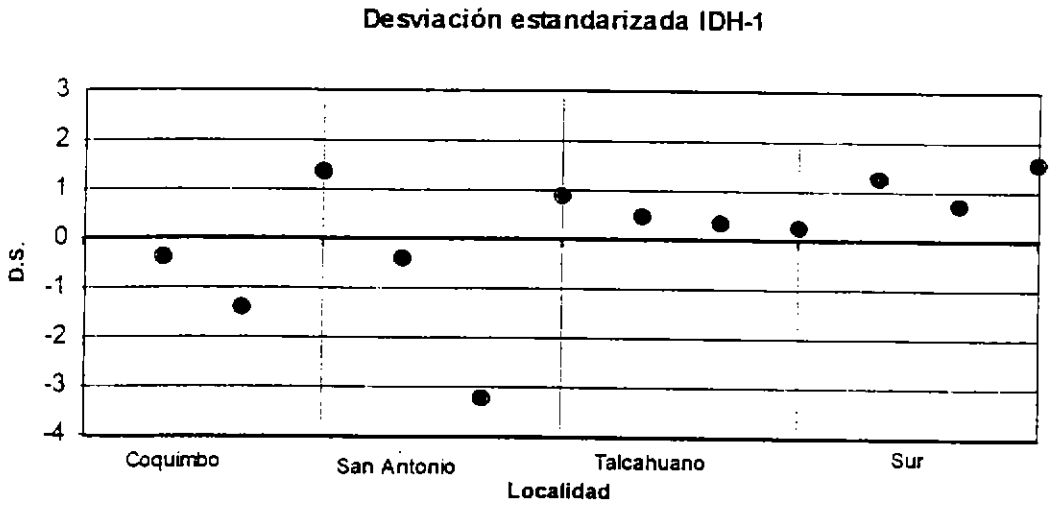


Fig. 14. Gráfico de la desviación estandarizada en el locus IDH-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

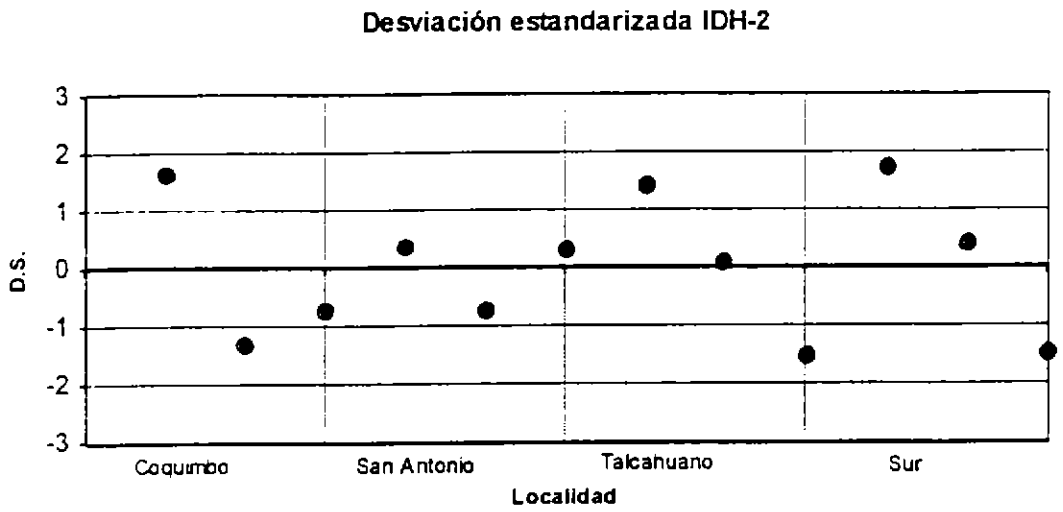


Fig. 15. Gráfico de la desviación estandarizada en el locus IDH-2 para todas las muestras agrupadas por localidad.

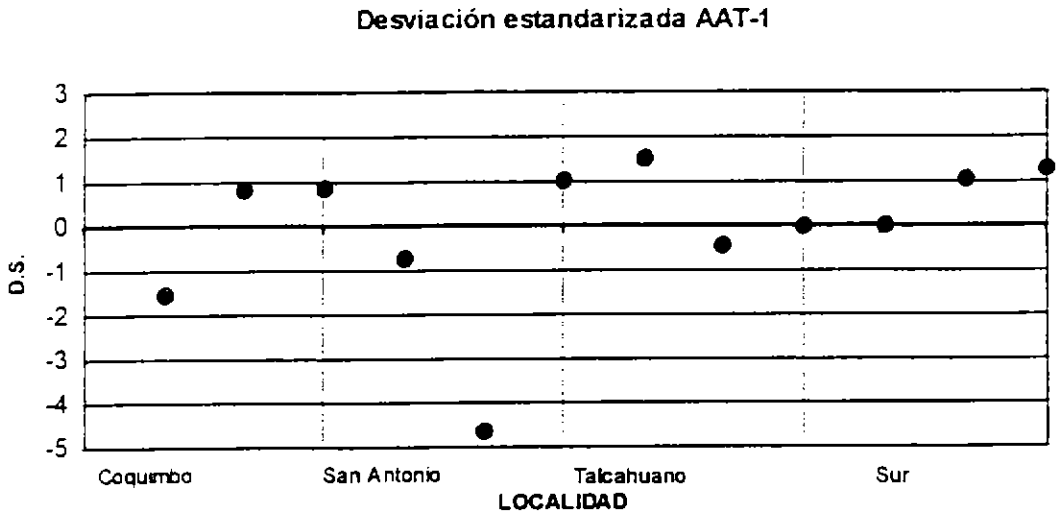
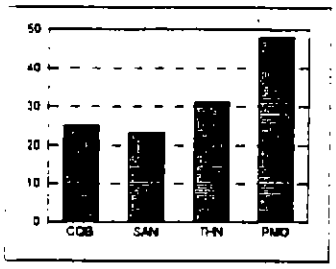
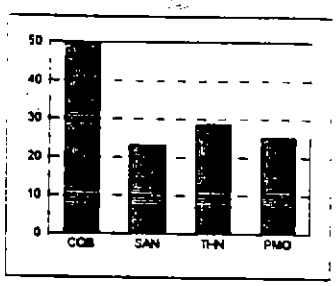


Fig. 16. Gráfico de la desviación estandarizada en el locus AAT-1 para todas las muestras agrupadas por localidad.

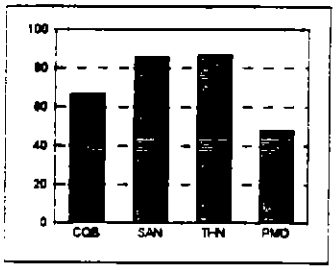
Neobrachiella insidiosa



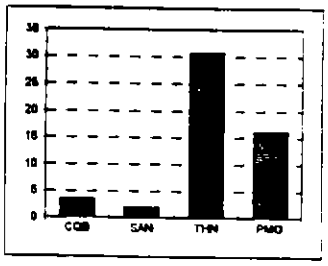
Anthocotyle americana



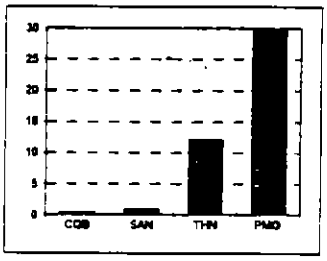
Clestobothrium crassiceps



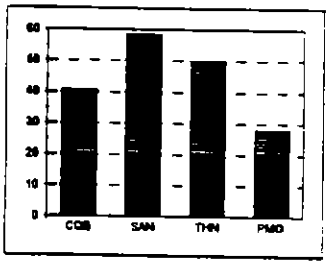
Grillotia sp.



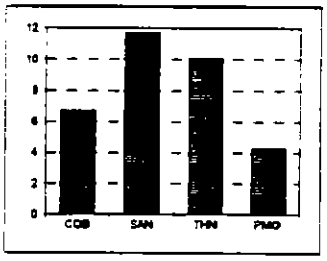
Hepatoxylon trichiuri



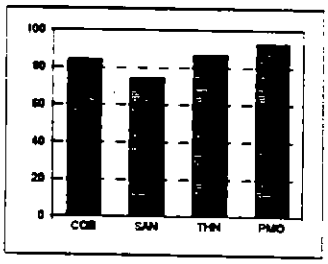
Aporocotyle wilhelmi



Derogenes varicus



Anisakis sp.



Anisakidae

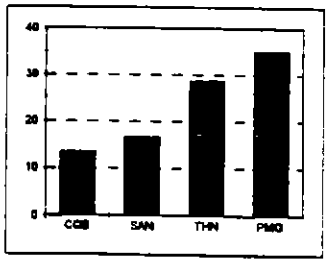
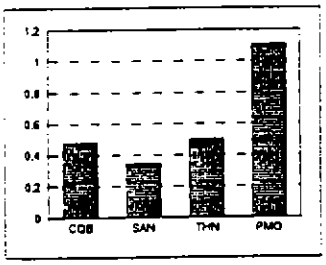
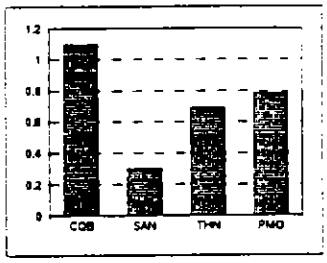


Fig. 17. Tendencias latitudinales en prevalencia

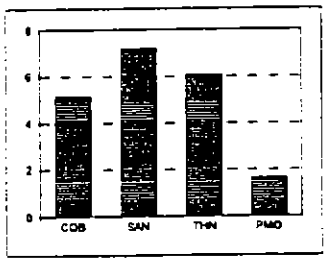
Neobrachiella insidiosa



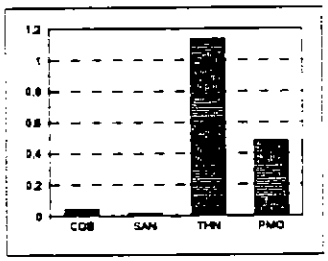
Anthocotyle americana



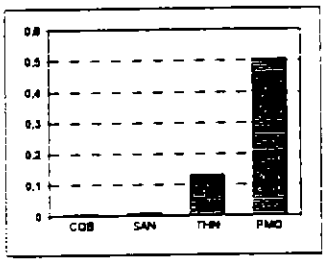
Clestobothrium crassiceps



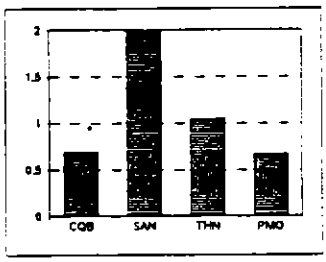
Grillotia sp.



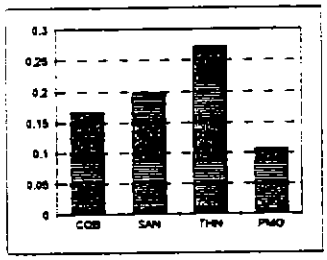
Hepatoxylon trichiuri



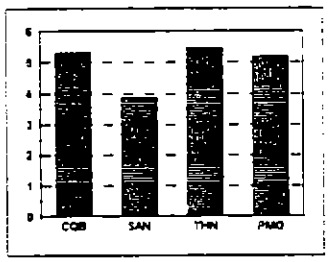
Aporocotyle wilhelmi



Derogenes varicus



Anisakis sp.



Anisakidae

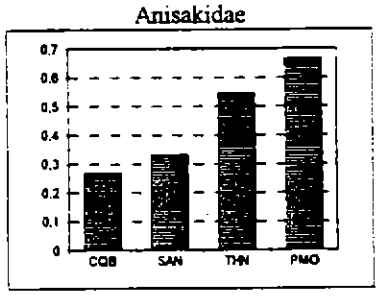
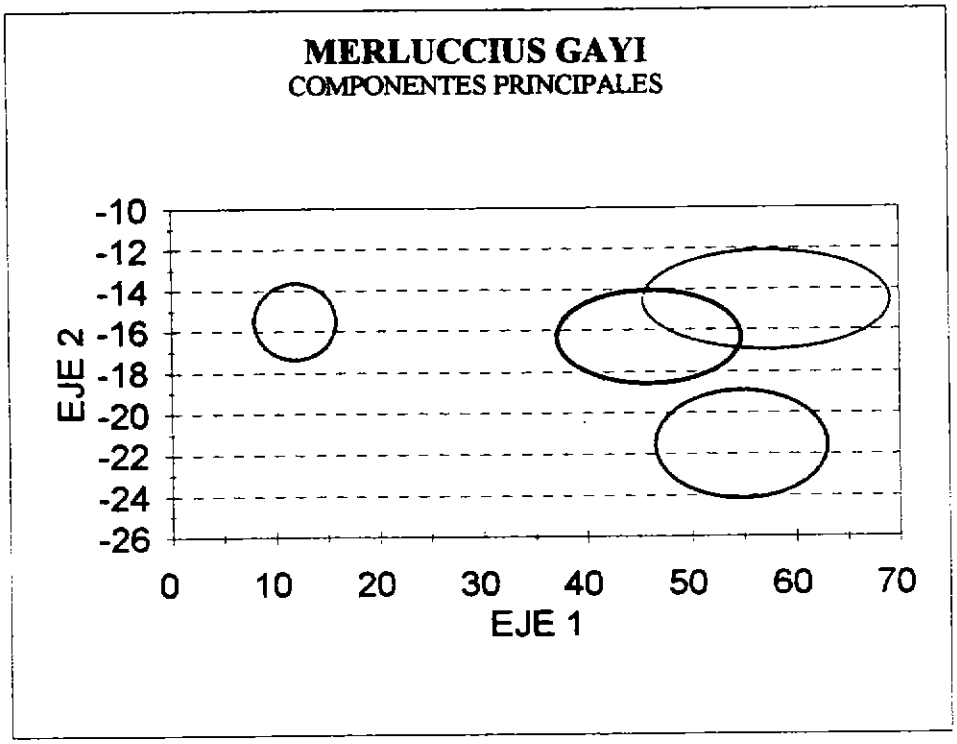


Fig. 18. Tendencias latitudinales en abundancia



PUERTO MONTT
TALCAHUANO

SAN ANTONIO
COQUIMBO

Fig. 19. Análisis de componentes principales por zonas

TABLAS

Tabla 1a

Número de individuos y tallas (medias, mínimas, máximas y desviación estándar) por zonas y muestreos (1-3) empleados en los análisis morfométricos.

Muestreo		N	Promedio	Mínimo	Máximo	Des. Est.
Coquimbo	1	109	39,54	34,5	44,9	2,31
Coquimbo	2	139	41,43	28,1	68,9	6,15
Coquimbo	3	125	40,97	35,2	46,2	2,22
San Antonio	1	134	42,39	33,3	53,6	3,87
San Antonio	2	111	40,94	36,2	46,9	2,29
San Antonio	3	135	39,36	27,1	48,8	3,31
Talcahuano	1	125	39,41	31,9	52,5	2,81
Talcahuano	2	140	41,10	25,4	51,7	4,15
Talcahuano	3	144	39,41	24,4	69,7	8
Puerto Montt	1	138	41,90	33,5	60,2	4,4
Puerto Montt	2	114	42,01	35,2	54,8	3,93
Puerto Montt	3	90	47,08	38,7	58,6	4,47

Tabal 1b

Proporciones sexuales en las muestras de merluzas utilizadas para el análisis morfométrico.

	n	Hembras	Machos	Indet.	Proporción H/M
Cqbo1	109	74	35	0	1:0,47
Cqbo2	139	77	59	3	1:0,77
Cqbo3	125	58	50	17	1:0,86
Sananto1	134	95	29	10	1:0,31
Sananto2	111	59	52	0	1:0,88
Sananto3	135	88	46	1	1:0,52
Thno1	125	72	50	3	1:0,69
Thno2	140	82	53	5	1:0,65
Thno3	144	63	48	33	1:0,76
Sur 1	138	107	30	1	1:0,28
Sur 2	112	63	47	2	1:0,75
Sur 3	89	46	37	6	1:0,80
Total	**1501**	**884**	**536**	**81**	**1:0,61**

Tabla 1c

Pruebas de normalidad para las variables morfométricas estudiadas en merluza
(V= variable morfométrica; W= valor estadístico Shapiro-Wilk; p= valor de probabilidad)

	Cqbo1		Cqbo2		Cqbo3		SanAnt1		SanAnt2		SantAnt3		Thno1		Thno2		Thno3		Sur1		Sur2		Sur3	
V	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p	W	p
1	0,976	0,331	0,914	0,000	0,980	0,482	0,984	0,655	0,976	0,318	0,982	0,568	0,978	0,359	0,951	0,000	0,940	0,000	0,915	0,000	0,973	0,194	0,967	0,114
2	0,981	0,577	0,919	0,000	0,987	0,840	0,980	0,463	0,976	0,285	0,918	0,000	0,982	0,586	0,858	0,002	0,926	0,000	0,958	0,002	0,960	0,013	0,964	0,073
3	0,988	0,909	0,901	0,000	0,976	0,274	0,982	0,556	0,968	0,081	0,957	0,002	0,495	0,000	0,899	0,000	0,940	0,000	0,945	0,000	0,978	0,412	0,944	0,001
4	0,979	0,163	0,941	0,000	0,975	0,227	0,966	0,026	0,980	0,501	0,904	0,000	0,982	0,593	0,978	0,294	0,914	0,000	0,979	0,366	0,983	0,673	0,973	0,266
5	0,974	0,222	0,917	0,000	0,982	0,606	0,973	0,125	0,977	0,342	0,981	0,519	0,976	0,252	0,922	0,000	0,947	0,000	0,959	0,004	0,989	0,922	0,951	0,006
6	0,983	0,647	0,981	0,469	0,975	0,225	0,977	0,290	0,980	0,480	0,984	0,711	0,993	0,992	0,918	0,000	0,972	0,095	0,940	0,000	0,985	0,758	0,959	0,031
7	0,979	0,472	0,967	0,302	0,985	0,740	0,979	0,405	0,986	0,820	0,988	0,890	0,985	0,767	0,922	0,000	0,957	0,001	0,954	0,001	0,977	0,355	0,953	0,009
8	0,978	0,392	0,939	0,000	0,981	0,548	0,985	0,755	0,985	0,788	0,985	0,748	0,978	0,402	0,876	0,000	0,959	0,002	0,942	0,000	0,978	0,367	0,955	0,014
9	0,933	0,000	0,928	0,000	0,982	0,564	0,991	0,965	0,980	0,442	0,966	0,028	0,972	0,134	0,898	0,000	0,842	0,000	0,945	0,000	0,989	0,937	0,958	0,026
10	0,981	0,541	0,962	0,082	0,988	0,887	0,985	0,732	0,975	0,250	0,954	0,001	0,972	0,121	0,908	0,000	0,949	0,000	0,958	0,003	0,980	0,470	0,945	0,002
11	0,973	0,204	0,977	0,297	0,977	0,314	0,986	0,813	0,975	0,270	0,979	0,403	0,960	0,008	0,986	0,802	0,967	0,025	0,961	0,006	0,986	0,827	0,969	0,148
12	0,977	0,333	0,962	0,007	0,971	0,104	0,982	0,587	0,813	0,000	0,951	0,000	0,981	0,513	0,911	0,000	0,958	0,002	0,957	0,002	0,974	0,207	0,983	0,695
13	0,962	0,023	0,903	0,000	0,984	0,683	0,992	0,977	0,983	0,669	0,970	0,064	0,976	0,274	0,927	0,000	0,951	0,000	0,970	0,074	0,981	0,556	0,978	0,450
14	0,972	0,179	0,978	0,311	0,978	0,334	0,971	0,086	0,988	0,884	0,944	0,000	0,981	0,547	0,902	0,000	0,963	0,010	0,963	0,013	0,964	0,032	0,957	0,022
15	0,922	0,000	0,965	0,016	0,972	0,141	0,967	0,035	0,965	0,047	0,963	0,013	0,972	0,133	0,977	0,254	0,966	0,021	0,969	0,055	0,963	0,028	0,962	0,509
16	0,989	0,926	0,978	0,306	0,989	0,931	0,979	0,382	0,982	0,618	0,982	0,559	0,983	0,645	0,916	0,000	0,965	0,017	0,971	0,090	0,975	0,260	0,976	0,372
17	0,932	0,000	0,984	0,665	0,990	0,940	0,976	0,232	0,987	0,860	0,982	0,551	0,902	0,000	0,925	0,000	0,964	0,013	0,969	0,535	0,980	0,485	0,962	0,046
18	0,978	0,415	0,919	0,000	0,971	0,100	0,986	0,818	0,973	0,201	0,923	0,000	0,969	0,072	0,911	0,000	0,944	0,000	0,901	0,000	0,956	0,006	0,985	0,794
19	0,979	0,446	0,855	0,000	0,978	0,331	0,981	0,510	0,975	0,277	0,917	0,000	0,963	0,016	0,906	0,000	0,944	0,000	0,893	0,000	0,961	0,018	0,977	0,410
20	0,969	0,101	0,919	0,000	0,975	0,219	0,983	0,631	0,968	0,075	0,879	0,000	0,977	0,310	0,911	0,000	0,941	0,000	0,919	0,000	0,943	0,000	0,983	0,692
21	0,977	0,374	0,913	0,000	0,977	0,312	0,981	0,478	0,972	0,163	0,881	0,000	0,977	0,288	0,906	0,000	0,942	0,000	0,914	0,000	,9480	0,001	0,979	0,511
22	0,955	0,050	0,977	0,254	0,967	0,045	0,962	0,010	0,958	0,008	0,968	0,042	0,965	0,026	0,970	0,064	0,961	0,004	0,975	0,210	0,966	0,047	0,960	0,037
23	0,974	0,229	0,976	0,227	0,971	0,106	0,949	0,000	0,954	0,003	0,961	0,007	0,975	0,229	0,961	0,006	0,971	0,074	0,982	0,546	0,970	0,103	0,956	0,017
24	0,941	0,000	0,985	0,755	0,952	0,001	0,971	0,087	0,956	0,006	0,965	0,019	0,987	0,855	0,946	0,000	0,965	0,017	0,918	0,000	0,971	0,127	0,968	0,124
25	0,972	0,157	0,973	0,135	0,969	0,070	0,978	0,347	0,940	0,000	0,959	0,004	0,982	0,582	0,959	0,003	0,983	0,593	0,971	0,087	0,955	0,004	0,933	0,000
26	0,982	0,592	0,964	0,050	0,971	0,108	0,968	0,049	0,969	0,088	0,983	0,600	0,982	0,598	0,974	0,161	0,950	0,000	0,980	0,424	0,973	0,193	0,957	0,019
27	0,949	0,001	0,985	0,720	0,953	0,001	0,977	0,269	0,933	0,000	0,961	0,008	0,966	0,038	0,958	0,003	0,973	0,124	0,980	0,430	0,962	0,022	0,943	0,001

Tabla 2

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Primera muestra.

Estadístico Multivariado

T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p
0,786	13,924	27; 478	<0,001

Estadísticos Univariados

	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,001	1	0,001	0,771	0,380
Error	0,708	504	0,001		
Variable 2	0,000	1	0,000	0,158	0,691
Error	0,686	504	0,001		
Variable 3	0,003	1	0,003	1,332	0,249
Error	0,998	504	0,002		
Variable 4	0,009	1	0,009	6,049	<0,05
Error	0,791	504	0,002		
Variable 5	0,004	1	0,004	2,403	0,122
Error	0,824	504	0,002		
Variable 6	0,004	1	0,004	1,821	0,178
Error	1,004	504	0,002		
Variable 7	0,005	1	0,005	2,789	0,096
Error	0,981	504	0,002		
Variable 8	0,002	1	0,002	1,188	0,276
Error	0,937	504	0,002		
Variable 9	0,000	1	0,000	0,256	0,613
Error	0,945	504	0,002		
Variable 10	0,003	1	0,003	1,393	0,238
Error	1,085	504	0,002		
Variable 11	0,004	1	0,004	1,717	0,191
Error	1,067	504	0,002		
Variable 12	0,002	1	0,002	0,958	0,328
Error	0,941	504	0,002		
Variable 13	0,000	1	0,000	0,220	0,639
Error	1,087	504	0,002		
Variable 14	0,000	1	0,000	0,208	0,649
Error	1,025	504	0,002		
Variable 15	0,016	1	0,016	6,459	<0,05
Error	1,240	504	0,002		
Variable 16	0,008	1	0,008	3,588	0,059
Error	1,087	504	0,002		
Variable 17	0,004	1	0,004	1,723	0,190
Error	1,221	504	0,002		
Variable 18	0,017	1	0,017	10,988	<0,01
Error	0,760	504	0,002		
Variable 19	0,015	1	0,015	10,644	<0,001
Error	0,732	504	0,001		
Variable 20	0,033	1	0,033	24,722	<0,001
Error	0,677	504	0,001		
Variable 21	0,038	1	0,038	28,064	<0,001
Error	0,688	504	0,001		
Variable 22	0,083	1	0,083	60,337	<0,001
Error	0,692	504	0,001		
Variable 23	0,059	1	0,059	20,531	<0,001
Error	1,436	504	0,003		
Variable 24	0,115	1	0,115	61,749	<0,001
Error	0,941	504	0,002		
Variable 25	0,099	1	0,099	55,988	<0,001
Error	0,894	504	0,002		
Variable 26	0,134	1	0,134	60,623	<0,001
Error	1,117	504	0,002		
Variable 27	0,121	1	0,121	99,266	<0,001
Error	0,621	504	0,001		

Tabla 3

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Segunda muestra.

Estadístico Multivariado

T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p
0,443	7,801	27; 45	<0,001

Estadísticos Univariados

	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,001	1	0,001	0,519	0,471
Error	0,971	501	0,002		
Variable 2	0,002	1	0,002	0,768	0,381
Error	1,132	501	0,002		
Variable 3	0,000	1	0,000	0,101	0,750
Error	0,999	501	0,002		
Variable 4	0,021	1	0,021	7,652	<0,01
Error	1,399	501	0,003		
Variable 5	0,004	1	0,004	1,994	0,159
Error	1,026	501	0,002		
Variable 6	0,000	1	0,000	0,000	0,983
Error	1,076	501	0,002		
Variable 7	0,000	1	0,000	0,013	0,910
Error	1,043	501	0,002		
Variable 8	0,005	1	0,005	2,371	0,124
Error	1,068	501	0,002		
Variable 9	0,004	1	0,004	1,558	0,213
Error	1,169	501	0,002		
Variable 10	0,000	1	0,000	0,087	0,768
Error	1,459	501	0,003		
Variable 11	0,011	1	0,011	4,578	<0,05
Error	1,255	501	0,003		
Variable 12	0,000	1	0,000	0,006	0,938
Error	1,270	501	0,003		
Variable 13	0,027	1	0,027	10,364	<0,01
Error	1,324	501	0,003		
Variable 14	0,000	1	0,000	0,202	0,653
Error	1,122	501	0,002		
Variable 15	0,027	1	0,027	9,169	<0,01
Error	1,451	501	0,003		
Variable 16	0,001	1	0,001	0,467	0,495
Error	1,198	501	0,002		
Variable 17	0,000	1	0,000	0,014	0,906
Error	1,190	501	0,002		
Variable 18	0,017	1	0,017	8,530	<0,01
Error	1,020	501	0,002		
Variable 19	0,024	1	0,024	10,118	<0,01
Error	1,189	501	0,002		
Variable 20	0,021	1	0,021	11,463	<0,01
Error	0,938	501	0,002		
Variable 21	0,024	1	0,024	12,330	<0,001
Error	0,955	501	0,002		
Variable 22	0,017	1	0,017	10,882	<0,01
Error	0,770	501	0,002		
Variable 23	0,030	1	0,030	11,459	<0,01
Error	1,309	501	0,003		
Variable 24	0,022	1	0,022	10,602	<0,01
Error	1,038	501	0,002		
Variable 25	0,006	1	0,006	3,521	0,061
Error	0,909	501	0,002		
Variable 26	0,036	1	0,036	15,550	<0,001
Error	1,174	501	0,002		
Variable 27	0,008	1	0,008	6,920	<0,01
Error	0,563	501	0,001		

Tabla 4

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Tercera muestra.

Estadístico Multivariado

T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p
0,596	10,282	27; 466	<0,001

Estadísticos Univariados

	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,058	1	0,058	21,699	<0,001
Error	1,308	492	0,003		
Variable 2	0,045	1	0,045	14,447	<0,001
Error	1,540	492	0,003		
Variable 3	0,139	1	0,139	48,332	<0,001
Error	1,412	492	0,003		
Variable 4	0,026	1	0,026	7,714	<0,01
Error	1,661	492	0,003		
Variable 5	0,123	1	0,123	45,495	<0,001
Error	1,328	492	0,003		
Variable 6	0,133	1	0,133	37,978	<0,001
Error	1,728	492	0,004		
Variable 7	0,153	1	0,153	43,873	<0,001
Error	1,711	492	0,003		
Variable 8	0,172	1	0,172	48,116	<0,001
Error	1,762	492	0,004		
Variable 9	0,212	1	0,212	58,995	<0,001
Error	1,769	492	0,004		
Variable 10	0,143	1	0,143	32,156	<0,001
Error	2,195	492	0,004		
Variable 11	0,029	1	0,029	8,168	<0,01
Error	1,738	492	0,004		
Variable 12	0,077	1	0,077	18,897	<0,001
Error	1,998	492	0,004		
Variable 13	0,068	1	0,068	20,197	<0,001
Error	1,648	492	0,003		
Variable 14	0,106	1	0,106	25,135	<0,001
Error	2,083	492	0,004		
Variable 15	0,151	1	0,151	47,326	<0,001
Error	1,572	492	0,003		
Variable 16	0,118	1	0,118	27,855	<0,001
Error	2,082	492	0,004		
Variable 17	0,162	1	0,162	38,771	<0,001
Error	2,059	492	0,004		
Variable 18	0,108	1	0,108	31,744	<0,001
Error	1,680	492	0,003		
Variable 19	0,114	1	0,114	32,957	<0,001
Error	1,699	492	0,003		
Variable 20	0,124	1	0,124	41,730	<0,001
Error	1,462	492	0,003		
Variable 21	0,129	1	0,129	43,660	<0,001
Error	1,457	492	0,003		
Variable 22	0,000	1	0,000	0,022	0,881
Error	1,113	492	0,002		
Variable 23	0,080	1	0,080	26,032	<0,001
Error	1,509	492	0,003		
Variable 24	0,015	1	0,015	6,645	<0,05
Error	1,076	492	0,002		
Variable 25	0,017	1	0,017	7,244	<0,01
Error	1,187	492	0,002		
Variable 26	0,024	1	0,024	7,727	<0,01
Error	1,543	492	0,003		
Variable 27	0,018	1	0,018	13,584	<0,001
Error	0,669	492	0,001		

Tabla 5

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo y Puerto Montt. Todas las muestras.

Estadístico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,535	13,608	27; 687	<0,001		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,060	1	0,060	35,545	<0,001
Error	1,203	713	0,002		
Variable 2	0,035	1	0,035	18,916	<0,001
Error	1,318	713	0,002		
Variable 3	0,078	1	0,078	41,964	<0,001
Error	1,327	713	0,002		
Variable 4	0,002	1	0,002	1,010	0,315
Error	1,648	713	0,002		
Variable 5	0,079	1	0,079	40,508	<0,001
Error	1,390	713	0,002		
Variable 6	0,078	1	0,078	35,206	<0,001
Error	1,580	713	0,002		
Variable 7	0,081	1	0,081	36,759	<0,001
Error	1,563	713	0,002		
Variable 8	0,115	1	0,115	51,264	<0,001
Error	1,594	713	0,002		
Variable 9	0,151	1	0,151	62,141	<0,001
Error	1,738	713	0,002		
Variable 10	0,108	1	0,108	38,378	<0,001
Error	2,011	713	0,003		
Variable 11	0,016	1	0,016	6,063	<0,05
Error	1,854	713	0,003		
Variable 12	0,076	1	0,076	31,264	<0,001
Error	1,736	713	0,002		
Variable 13	0,093	1	0,093	35,360	<0,001
Error	1,877	713	0,003		
Variable 14	0,070	1	0,070	27,624	<0,001
Error	1,806	713	0,003		
Variable 15	0,059	1	0,059	21,481	<0,001
Error	1,968	713	0,003		
Variable 16	0,057	1	0,057	20,403	<0,001
Error	1,985	713	0,003		
Variable 17	0,086	1	0,086	28,171	<0,001
Error	2,188	713	0,003		
Variable 18	0,172	1	0,172	88,873	<0,001
Error	1,380	713	0,002		
Variable 19	0,188	1	0,188	86,624	<0,001
Error	1,551	713	0,002		
Variable 20	0,204	1	0,204	115,869	<0,001
Error	1,254	713	0,002		
Variable 21	0,214	1	0,214	120,653	<0,001
Error	1,267	713	0,002		
Variable 22	0,018	1	0,018	12,933	<0,001
Error	0,970	713	0,001		
Variable 23	0,001	1	0,001	0,198	0,657
Error	2,195	713	0,003		
Variable 24	0,017	1	0,017	8,136	<0,01
Error	1,457	713	0,002		
Variable 25	0,005	1	0,005	2,798	0,095
Error	1,353	713	0,002		
Variable 26	0,024	1	0,024	9,494	<0,01
Error	1,770	713	0,002		
Variable 27	0,017	1	0,017	12,951	<0,001
Error	0,943	713	0,001		

Tabla 6

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt. Todas las muestras.

Estadístico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,311	16,969	27; 1475	<0.001		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,029	1	0,029	14,261	<0.001
Error	3,030	1501	0,002		
Variable 2	0,007	1	0,007	3,292	0,070
Error	3,405	1501	0,002		
Variable 3	0,035	1	0,035	14,975	<0.001
Error	3,519	1501	0,002		
Variable 4	0,003	1	0,003	1,081	0,299
Error	3,963	1501	0,003		
Variable 5	0,040	1	0,040	18,110	<0.001
Error	3,275	1501	0,002		
Variable 6	0,029	1	0,029	10,927	<0.01
Error	3,923	1501	0,003		
Variable 7	0,032	1	0,032	12,405	<0.001
Error	3,865	1501	0,003		
Variable 8	0,057	1	0,057	22,105	<0.001
Error	3,893	1501	0,003		
Variable 9	0,089	1	0,089	33,459	<0.001
Error	4,012	1501	0,003		
Variable 10	0,057	1	0,057	17,481	<0.001
Error	4,868	1501	0,003		
Variable 11	0,006	1	0,006	2,020	0,155
Error	4,116	1501	0,003		
Variable 12	0,029	1	0,029	10,090	<0.01
Error	4,282	1501	0,003		
Variable 13	0,047	1	0,047	16,853	<0.001
Error	4,145	1501	0,003		
Variable 14	0,019	1	0,019	6,637	<0.05
Error	4,379	1501	0,003		
Variable 15	0,050	1	0,050	15,782	<0.001
Error	4,711	1501	0,003		
Variable 16	0,011	1	0,011	3,627	0,057
Error	4,536	1501	0,003		
Variable 17	0,029	1	0,029	9,263	<0.01
Error	4,709	1501	0,003		
Variable 18	0,108	1	0,108	46,198	<0.001
Error	3,504	1501	0,002		
Variable 19	0,119	1	0,119	48,713	<0.001
Error	3,661	1501	0,002		
Variable 20	0,147	1	0,147	71,121	<0.001
Error	3,111	1501	0,002		
Variable 21	0,160	1	0,160	76,837	<0.001
Error	3,134	1501	0,002		
Variable 22	0,056	1	0,056	31,842	<0.001
Error	2,627	1501	0,002		
Variable 23	0,003	1	0,003	1,030	0,310
Error	4,808	1501	0,003		
Variable 24	0,037	1	0,037	16,742	<0.001
Error	3,352	1501	0,002		
Variable 25	0,020	1	0,020	9,200	<0.01
Error	3,204	1501	0,002		
Variable 26	0,042	1	0,042	14,127	<0.001
Error	4,490	1501	0,003		
Variable 27	0,027	1	0,027	20,103	<0.001
Error	2,030	1501	0,001		

Tabla 7

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de Coquimbo y San Antonio. Todas las muestras.

Estadístico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,244	6,549	27; 725	<0,001		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,005	1	0,005	3,382	0,066
Error	1,122	751	0,001		
Variable 2	0,010	1	0,010	6,542	<0,05
Error	1,157	751	0,002		
Variable 3	0,000	1	0,000	0,168	0,682
Error	1,200	751	0,002		
Variable 4	0,029	1	0,029	15,235	<0,001
Error	1,443	751	0,002		
Variable 5	0,003	1	0,003	1,909	0,168
Error	1,251	751	0,002		
Variable 6	0,005	1	0,005	2,388	0,123
Error	1,518	751	0,002		
Variable 7	0,016	1	0,016	7,771	<0,01
Error	1,521	751	0,002		
Variable 8	0,030	1	0,030	15,959	<0,001
Error	1,395	751	0,002		
Variable 9	0,024	1	0,024	12,021	<0,01
Error	1,507	751	0,002		
Variable 10	0,017	1	0,017	6,988	<0,01
Error	1,774	751	0,002		
Variable 11	0,017	1	0,017	6,690	<0,05
Error	1,909	751	0,003		
Variable 12	0,002	1	0,002	1,073	0,301
Error	1,563	751	0,002		
Variable 13	0,026	1	0,026	12,481	<0,001
Error	1,536	751	0,002		
Variable 14	0,008	1	0,008	3,859	0,050
Error	1,473	751	0,002		
Variable 15	0,029	1	0,029	9,818	<0,01
Error	2,201	751	0,003		
Variable 16	0,011	1	0,011	4,847	<0,05
Error	1,685	751	0,002		
Variable 17	0,020	1	0,020	8,659	<0,01
Error	1,745	751	0,002		
Variable 18	0,007	1	0,007	4,734	<0,05
Error	1,187	751	0,002		
Variable 19	0,010	1	0,010	5,784	<0,05
Error	1,339	751	0,002		
Variable 20	0,004	1	0,004	2,896	0,089
Error	1,091	751	0,001		
Variable 21	0,003	1	0,003	1,777	0,183
Error	1,125	751	0,001		
Variable 22	0,002	1	0,002	1,456	0,228
Error	1,055	751	0,001		
Variable 23	0,008	1	0,008	2,496	0,115
Error	2,452	751	0,003		
Variable 24	0,000	1	0,000	0,012	0,912
Error	1,532	751	0,002		
Variable 25	0,000	1	0,000	0,204	0,651
Error	1,364	751	0,002		
Variable 26	0,017	1	0,017	5,430	<0,05
Error	2,293	751	0,003		
Variable 27	0,000	1	0,000	0,001	0,970
Error	0,905	751	0,001		

Tabla 8

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando muestras de San Antonio y Talcahuano. Todas las muestras.

Estadístico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,206	5,807	27; 760	<0,001		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,022	1	0,022	10,529	<0,01
Error	1,626	786	0,002		
Variable 2	0,051	1	0,051	22,048	<0,001
Error	1,818	786	0,002		
Variable 3	0,038	1	0,038	15,084	<0,001
Error	1,982	786	0,003		
Variable 4	0,065	1	0,065	25,120	<0,001
Error	2,040	786	0,003		
Variable 5	0,033	1	0,033	14,636	<0,001
Error	1,750	786	0,002		
Variable 6	0,070	1	0,070	25,847	<0,001
Error	2,138	786	0,003		
Variable 7	0,064	1	0,064	23,622	<0,001
Error	2,143	786	0,003		
Variable 8	0,053	1	0,053	19,377	<0,001
Error	2,163	786	0,003		
Variable 9	0,036	1	0,036	13,256	<0,001
Error	2,139	786	0,003		
Variable 10	0,041	1	0,041	11,894	<0,01
Error	2,723	786	0,003		
Variable 11	0,011	1	0,011	4,179	<0,05
Error	2,113	786	0,003		
Variable 12	0,059	1	0,059	19,775	<0,001
Error	2,348	786	0,003		
Variable 13	0,045	1	0,045	16,360	<0,001
Error	2,156	786	0,003		
Variable 14	0,094	1	0,094	31,424	<0,001
Error	2,348	786	0,003		
Variable 15	0,000	1	0,000	0,002	0,969
Error	2,557	786	0,003		
Variable 16	0,115	1	0,115	38,939	<0,001
Error	2,319	786	0,003		
Variable 17	0,092	1	0,092	31,174	<0,001
Error	2,317	786	0,003		
Variable 18	0,025	1	0,025	10,070	<0,01
Error	1,958	786	0,002		
Variable 19	0,027	1	0,027	11,159	<0,01
Error	1,936	786	0,002		
Variable 20	0,009	1	0,009	4,088	<0,05
Error	1,709	786	0,002		
Variable 21	0,006	1	0,006	2,652	0,104
Error	1,715	786	0,002		
Variable 22	0,119	1	0,119	59,288	<0,001
Error	1,582	786	0,002		
Variable 23	0,012	1	0,012	3,582	0,059
Error	2,582	786	0,003		
Variable 24	0,052	1	0,052	21,918	<0,001
Error	1,882	786	0,002		
Variable 25	0,049	1	0,049	21,097	<0,001
Error	1,825	786	0,002		
Variable 26	0,034	1	0,034	10,127	<0,01
Error	2,671	786	0,003		
Variable 27	0,020	1	0,020	14,556	<0,001
Error	1,101	786	0,001		

Tabla 9

Resultados del MANOVA de la morfometria de merluza común, comparando muestras de Talcahuano y Puerto Montt. Todas las muestras.

Estadistico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadistico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,372	9,95	27; 722	<0.001		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,217	1	0,217	94,880	0,000
Error	1,712	748	0,002		
Variable 2	0,261	1	0,261	98,709	0,000
Error	1,981	748	0,003		
Variable 3	0,243	1	0,243	86,215	0,000
Error	2,110	748	0,003		
Variable 4	0,221	1	0,221	73,806	0,000
Error	2,244	748	0,003		
Variable 5	0,168	1	0,168	66,334	0,000
Error	1,889	748	0,003		
Variable 6	0,229	1	0,229	77,786	0,000
Error	2,200	748	0,003		
Variable 7	0,172	1	0,172	58,750	0,000
Error	2,189	748	0,003		
Variable 8	0,161	1	0,161	51,111	0,000
Error	2,361	748	0,003		
Variable 9	0,185	1	0,185	58,254	0,000
Error	2,370	748	0,003		
Variable 10	0,166	1	0,166	42,016	0,000
Error	2,963	748	0,004		
Variable 11	0,134	1	0,134	48,443	0,000
Error	2,063	748	0,003		
Variable 12	0,223	1	0,223	66,096	0,000
Error	2,523	748	0,003		
Variable 13	0,131	1	0,131	39,305	0,000
Error	2,496	748	0,003		
Variable 14	0,233	1	0,233	65,099	0,000
Error	2,681	748	0,004		
Variable 15	0,185	1	0,185	59,451	0,000
Error	2,322	748	0,003		
Variable 16	0,222	1	0,222	63,340	0,000
Error	2,621	748	0,004		
Variable 17	0,208	1	0,208	56,199	0,000
Error	2,765	748	0,004		
Variable 18	0,242	1	0,242	84,064	0,000
Error	2,150	748	0,003		
Variable 19	0,254	1	0,254	88,448	0,000
Error	2,149	748	0,003		
Variable 20	0,239	1	0,239	95,350	0,000
Error	1,871	748	0,003		
Variable 21	0,246	1	0,246	99,058	0,000
Error	1,857	748	0,002		
Variable 22	0,026	1	0,026	13,361	0,000
Error	1,483	748	0,002		
Variable 23	0,032	1	0,032	10,467	0,001
Error	2,309	748	0,003		
Variable 24	0,009	1	0,009	3,645	0,057
Error	1,785	748	0,002		
Variable 25	0,016	1	0,016	6,689	0,010
Error	1,799	748	0,002		
Variable 26	0,026	1	0,026	9,056	0,003
Error	2,138	748	0,003		
Variable 27	0,000	1	0,000	0,076	0,783
Error	1,116	748	0,001		

Tabla 10

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando las tres muestras de Talcahuano mezcladas al azar y separadas arbitrariamente en dos grupos.

Estadístico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,055	0,770	27; 380	0,791		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,000	1	0,000	0,133	0,715
Error	1,118	406	0,003		
Variable 2	0,001	1	0,001	0,265	0,607
Error	1,251	406	0,003		
Variable 3	0,000	1	0,000	0,009	0,925
Error	1,432	406	0,004		
Variable 4	0,001	1	0,001	0,155	0,694
Error	1,360	406	0,003		
Variable 5	0,002	1	0,002	0,661	0,417
Error	1,158	406	0,003		
Variable 6	0,001	1	0,001	0,301	0,584
Error	1,327	406	0,003		
Variable 7	0,000	1	0,000	0,096	0,756
Error	1,312	406	0,003		
Variable 8	0,001	1	0,001	0,334	0,564
Error	1,455	406	0,004		
Variable 9	0,002	1	0,002	0,510	0,475
Error	1,440	406	0,004		
Variable 10	0,003	1	0,003	0,601	0,439
Error	1,901	406	0,005		
Variable 11	0,006	1	0,006	1,927	0,166
Error	1,182	406	0,003		
Variable 12	0,003	1	0,003	0,743	0,389
Error	1,584	406	0,004		
Variable 13	0,003	1	0,003	0,750	0,387
Error	1,547	406	0,004		
Variable 14	0,001	1	0,001	0,296	0,586
Error	1,650	406	0,004		
Variable 15	0,008	1	0,008	2,454	0,118
Error	1,372	406	0,003		
Variable 16	0,002	1	0,002	0,519	0,472
Error	1,488	406	0,004		
Variable 17	0,002	1	0,002	0,519	0,472
Error	1,514	406	0,004		
Variable 18	0,002	1	0,002	0,492	0,484
Error	1,419	406	0,003		
Variable 19	0,004	1	0,004	1,139	0,286
Error	1,402	406	0,003		
Variable 20	0,002	1	0,002	0,746	0,388
Error	1,194	406	0,003		
Variable 21	0,002	1	0,002	0,635	0,426
Error	1,164	406	0,003		
Variable 22	0,000	1	0,000	0,051	0,822
Error	1,011	406	0,002		
Variable 23	0,000	1	0,000	0,046	0,830
Error	1,520	406	0,004		
Variable 24	0,001	1	0,001	0,258	0,612
Error	1,180	406	0,003		
Variable 25	0,000	1	0,000	0,085	0,770
Error	1,187	406	0,003		
Variable 26	0,001	1	0,001	0,175	0,676
Error	1,478	406	0,004		
Variable 27	0,000	1	0,000	0,233	0,629
Error	0,749	406	0,002		

Tabla 11

Resultados del MANOVA de la morfometría de merluza común, comparando las tres muestras de Coquimbo, San Antonio, Talcahuano y Puerto Montt mezcladas al azar y separadas en cuatro grupos aleatorios, conservando el tamaño de muestra original.

Estadístico Multivariado					
T2 de Hotelling	Estadístico F	Gr. Lib.	Valor p		
0,051	0,919	81; 4415	0,682		
Estadísticos Univariados					
	Suma Cuadr.	Gr. Lib.	Cuadr. Med.	F	Valor p
Variable 1	0,001	3	0,000	0,152	0,928
Error	3,058	1499	0,002		
Variable 2	0,003	3	0,001	0,486	0,692
Error	3,409	1499	0,002		
Variable 3	0,004	3	0,001	0,556	0,644
Error	3,551	1499	0,002		
Variable 4	0,006	3	0,002	0,761	0,516
Error	3,960	1499	0,003		
Variable 5	0,007	3	0,002	1,132	0,335
Error	3,307	1499	0,002		
Variable 6	0,005	3	0,002	0,581	0,627
Error	3,947	1499	0,003		
Variable 7	0,003	3	0,001	0,429	0,732
Error	3,894	1499	0,003		
Variable 8	0,002	3	0,001	0,252	0,860
Error	3,948	1499	0,003		
Variable 9	0,005	3	0,002	0,561	0,641
Error	4,097	1499	0,003		
Variable 10	0,003	3	0,001	0,309	0,819
Error	4,922	1499	0,003		
Variable 11	0,008	3	0,003	1,021	0,383
Error	4,114	1499	0,003		
Variable 12	0,006	3	0,002	0,718	0,541
Error	4,304	1499	0,003		
Variable 13	0,011	3	0,004	1,333	0,262
Error	4,181	1499	0,003		
Variable 14	0,003	3	0,001	0,361	0,781
Error	4,395	1499	0,003		
Variable 15	0,005	3	0,002	0,507	0,677
Error	4,756	1499	0,003		
Variable 16	0,005	3	0,002	0,523	0,666
Error	4,542	1499	0,003		
Variable 17	0,005	3	0,002	0,563	0,640
Error	4,733	1499	0,003		
Variable 18	0,005	3	0,002	0,663	0,575
Error	3,607	1499	0,002		
Variable 19	0,002	3	0,001	0,227	0,878
Error	3,778	1499	0,003		
Variable 20	0,005	3	0,002	0,769	0,511
Error	3,254	1499	0,002		
Variable 21	0,005	3	0,002	0,707	0,548
Error	3,289	1499	0,002		
Variable 22	0,001	3	0,000	0,272	0,846
Error	2,681	1499	0,002		
Variable 23	0,005	3	0,002	0,491	0,689
Error	4,806	1499	0,003		
Variable 24	0,002	3	0,001	0,230	0,876
Error	3,388	1499	0,002		
Variable 25	0,003	3	0,001	0,428	0,733
Error	3,221	1499	0,002		
Variable 26	0,009	3	0,003	1,040	0,374
Error	4,523	1499	0,003		
Variable 27	0,005	3	0,002	1,258	0,287
Error	2,052	1499	0,001		

Tabla 12

Resultados del anánlisis de discriminante de la morfometría por zonas (G1= Coquimbo, G2= San Antonio, G3= Talcahuano, G4= Puerto Montt)

MATRIZ DE CLASIFICACION Filas: Clasificación observada Columnas: Clasificación predicha					
Grupo	**Porcentaje Correcto**	**G_1:1 p=.24817**	**G_2:2 p=.25283**	**G_3:3 p=.27146**	**G_4:4 p=.22754**
G_1:1	54,95979	205	71	49	48
G_2:2	44,73684	79	170	94	37
G_3:3	53,67647	57	67	219	65
G_4:4	56,14035	45	38	67	192
TOTAL	**52,29541**	**386**	**346**	**429**	**342**

Tabla 13

Distancias de Mahalanobios por zonas (G1= Coquimbo G2= San Antonio, G3= Talcahuano y G4= Puerto Montt).

DISTANCIA DE MAHALANOBIOS CUADRADA				
D	G_1:1	G _2:2	G _3:3	G _4:4
G_1:1	0,000000	0,877805	1,730792	2,364233
G_2:2	0,877805	0,000000	0,821388	2,028299
G_3:3	1,730792	0,821388	0,000000	1,557502
G_4:4	2,364233	2,028299	1,557502	0,000000

Tabla 14

ltados del anánlisis de la función discriminante por variable morfomét

Wilks' Lambda: .59786 approx. F (81,4406)=10.209 p<0.0000						
Variable	Wilks' Lambda	Partial Lambda	F-remov 3,1473	p-level	Toler.	1-Toler R-Sqr.
1	0,6055	0,9874	6,269	0,0003	0,129	0,8709
2	0,5985	0,999	0,4949	0,6859	0,048	0,9517
3	0,6044	0,9892	5,34	0,0012	0,16	0,8397
4	0,6068	0,9852	7,376	0,0001	0,119	0,8812
5	0,6038	0,9901	4,918	0,0021	0,107	0,8928
6	0,6007	0,9953	2,339	0,0718	0,087	0,913
7	0,6	0,9964	1,795	0,1462	0,059	0,9408
8	0,5985	0,9989	0,5215	0,6675	0,055	0,9447
9	0,6006	0,9954	2,292	0,0764	0,06	0,9396
10	0,5985	0,9989	0,5456	0,6511	0,108	0,8924
11	0,6006	0,9955	2,241	0,0817	0,398	0,6019
12	0,5992	0,9978	1,102	0,347	0,688	0,9312
13	0,5994	0,9974	1,258	0,2873	0,253	0,7474
14	0,5999	0,9966	1,67	0,1716	0,053	0,9466
15	0,6046	0,9888	5,556	0,0009	0,539	0,4615
16	0,6018	0,9934	3,249	0,0211	0,059	0,9408
17	0,6027	0,992	3,965	0,0079	0,097	0,9031
18	0,6	0,9964	1,75	0,1549	0,052	0,9478
19	0,5995	0,9972	1,363	0,2525	0,088	0,9119
20	0,6008	0,9952	2,375	0,0684	0,017	0,9828
21	0,5994	0,9975	1,236	0,295	0,019	0,9814
22	0,6152	0,9717	14,28	0	0,361	0,6388
23	0,6044	0,9892	5,349	0,0012	0,303	0,6973
24	0,603	0,9914	4,26	0,0053	0,192	0,8083
25	0,6002	0,9961	1,931	0,1226	0,211	0,7893
26	0,6087	0,9822	8,88	0	0,291	0,7094
27	0,6139	0,9739	13,15	0	0,321	0,6788

Tabla 15

Talla de primera madurez (L50%) por sexo, de los datos del crucero de investigación de 1993

	AREA					ZONA	
	1	2	3	4	5	NORTE	SUR
Latitud	32º-33º	33º-34º	35º-36º	37º-39º	40º	32º-36º	37º-40º
a) HEMBRAS							
Tamaño de muestra	201	911	707	886	346	1856	1254
Estimados de máxima verosimilitud							
a1	8,31	9,98	7,98	10,27	8,58	8,42	9,74
a2	-0,22	-0,27	-0,20	-0,24	-0,21	-0,22	0,23
-ln(L)	57,13	207,27	225,12	314,33	136,82	516,21	459,00
L50%	37,27	37,09	39,14	43,07	40,87	37,59	42,33
Estimados inferiores de 5% de plausibilidad							
a1	10,62	11,23	8,97	10,41	9,15	7,57	9,37
a2	-0,26	-0,29	-0,22	-0,24	-0,21	-0,21	-0,23
-ln(L)	60,13	210,27	228,12	317,33	139,82	519,21	462,00
L50%	40,20	38,38	40,68	44,11	42,76	36,49	41,51
Estimados superiores de 5% de plausibilidad							
a1	5,36	8,42	6,78	9,89	7,50	9,16	9,94
a2	-0,16	-0,24	-0,18	-0,24	-0,19	-0,24	-0,23
-ln(L)	60,13	210,27	228,12	317,33	139,82	519,21	462,00
L50%	32,98	35,58	37,27	42,02	39,04	38,59	43,32
B) MACHOS							
Tamaño de muestra	151	460	145	426	119	789	553
Estimados de máxima verosimilitud							
a1	11,87	8,40	21,20	9,15	9,20	6,93	9,04
a2	-0,43	-0,29	-0,73	-0,28	-0,27	-0,25	-0,28
-ln(L)	35,57	48,13	48,13	166,89	35,68	259,76	206,40
L50%	27,85	28,97	29,16	32,34	33,81	27,63	32,50
Estimados inferiores de 5% de plausibilidad							
a1	4,00	5,74	12,75	7,52	6,48	4,99	7,77
a2	-0,19	-0,22	-0,46	-0,24	-0,21	-0,20	-0,25
-ln(L)	38,57	51,13	51,13	169,89	38,68	262,76	209,40
L50%	21,60	26,66	27,77	30,96	30,67	25,54	31,28
Estimados superiores de 5% de plausibilidad							
a1	17,67	10,40	23,92	9,61	9,70	8,63	9,47
a2	-0,59	-0,34	-0,80	-0,29	-0,27	-0,30	-0,28
-ln(L)	38,57	51,13	51,13	169,89	38,68	262,76	209,40
L50%	29,79	30,48	30,01	33,46	36,50	29,05	33,54

Tabla 16

Talla de 1º madurez (L50%) de machos

AÑO	ZONA	N	L50%	INFERIOR	SUPERIOR
1983	Norte	175	35,60	31,72	37,66
1983	Sur	68	35,17	28,13	38,27
1984	Norte	113	36,37	35,45	38,09
1985	Norte	666	31,91	29,47	33,55
1986	Norte	662	32,77	31,84	33,60
1986	Sur	89	33,32	31,58	34,79
1987	Norte	140	29,89	25,06	32,10
1987	Sur	177	33,67	32,60	34,99
1988	Norte	167	31,74	25,62	34,55
1988	Sur	95	34,47	32,58	36,04
1989	Norte	189	33,87	30,85	35,68
1990	Sur	309	32,13	30,49	33,59
1991	Norte	553	35,36	34,94	36,32
1991	Sur	218	34,79	33,07	36,44
1992	Sur	317	31,93	29,46	33,67
1993	Norte	152	28,93	19,78	32,28
1993	Sur	626	34,09	32,55	35,40
1993B	Norte	789	27,63	25,54	29,05
1993B	Sur	553	32,50	31,28	33,54

Norte= Norte de los 37ºS
Sur= Sur de los 37ºS
N= Número de individuos
1993B= Datos del crucero Abate Molina de 1993

Tabla 17

Diferencias plausibles (SI=1 Y NO=0) en la talla de 1º madurez de machos

L50% MINIMO PLAUSIBLE AL 5%		L50% MAXIMO PLAUSIBLE AL 5% 83N	83S	84N	85N	86N	86S	87N	87S	88N	88S	89N	90S	91N	91S	92S	93N	93S	93NB	93SB
		37,7	38,3	38,1	33,5	33,6	34,8	32,1	35,0	34,5	36,0	35,7	33,6	36,3	36,4	33,7	32,3	35,4	29,1	33,5
83N	31,7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
83S	28,1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
84N	35,5	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1
85N	29,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
86N	31,8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
86S	31,6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
87N	25,1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
87S	32,6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
88N	25,6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
88S	32,6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
89N	30,9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
90S	30,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
91N	34,9	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1
91S	33,1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
92S	29,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
93N	19,8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
93S	32,5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
93NB	25,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
93SB	31,3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

N= NORTE DE 37ºS
S= SUR DE 37ºS
B= DATOS DE CRUCERO DE INVESTIGACION

Tabla 18

Talla de 1º madurez (L50%) de hembras

AÑO	ZONA	N	L50%	INFERIOR	SUPERIOR
1983	Norte	276	36,85	35,43	37,96
1983	Sur	231	41,32	39,31	43,03
1984	Norte	158	40,45	38,25	42,66
1985	Norte	773	39,42	39,01	40,14
1985	Sur	182	37,18	28,79	40,22
1986	Norte	843	38,68	37,63	39,67
1986	Sur	142	34,42	28,72	36,09
1987	Norte	468	38,64	37,44	39,75
1987	Sur	232	38,53	37,28	40,40
1988	Norte	141	40,95	36,98	44,10
1988	Sur	131	37,15	29,61	41,15
1989	Norte	247	39,73	37,81	41,19
1989	Sur	44	39,18	35,23	41,53
1990	Sur	423	38,28	37,02	40,01
1991	Norte	890	40,86	39,93	41,79
1991	Sur	331	40,19	39,54	42,08
1992	Sur	527	38,88	37,57	40,06
1993	Norte	148	39,33	34,43	42,63
1993	Sur	625	40,12	38,55	41,55
1993B	Norte	1856	37,59	36,49	38,59
1993B	Sur	1254	42,33	41,51	43,32

N= NUMERO DE MUESTRAS
NORTE= NORTE DE 37ºS
SUR=SUR DE 37ºS
B= DATOS DE CRUCERO DE INVESTIGACION

Tabla 19

Diferencias plausibles (SI=1 O NO=0) en la talla de 1º madurez de hembras.

L50% MINIMO		L50% MAXIMO PLAUSIBLE AL 5%																				
		83N	83S	84N	85N	85S	86N	86S	87N	87S	88N	88S	89N	89S	90S	91N	91S	92S	93N	93S	93NB	93SB
PLAUSIBLE AL 5%		38,0	43,0	42,7	40,1	40,2	39,7	36,1	39,7	40,4	44,1	41,2	41,2	41,5	40,0	41,8	42,1	40,1	42,6	41,6	38,6	43,3
83N	35,4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
83S	39,3	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
84N	38,2	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
85N	39,0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
85S	28,8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
86N	37,6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
86S	28,7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
87N	37,4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
87S	37,3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
88N	37,0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
88S	29,6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
89N	37,8	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
89S	35,2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
90S	37,0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
91N	39,9	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
91S	39,5	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
92S	37,6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
93N	34,4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
93S	38,5	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
93NB	36,5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
93SB	41,5	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0

N= NUMERO DE MUESTRAS
NORTE= NORTE DE 37ºS
SUR=SUR DE 37ºS
B= DATOS DE CRUCERO DE INVESTIGACION

Tabla 20

Frecuencia alélicas en doce muestras de Merluza Comun (Merluccius gayi gayi) para seis loci (A=Coquimbo(1); B=San Antonio(1); C=Talcahuano(1); D=Puerto Montt(1); E=Coquimbo(2); F=San Antonio(2); G=Talcahuano(2); H=Puerto Montt(2); I=Coquimbo(3); J=San Antonio(3); K=Talcahuano (3); L=Puerto Montt(3)).

	Población											
Locus	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
PGI-1												
(N)	109	130	127	129	134	120	116	123	115	118	122	94
A	0,624	0,654	0,681	0,663	0,687	0,642	0,685	0,715	0,709	0,644	0,799	0,665
B	0,358	0,342	0,303	0,326	0,299	0,338	0,289	0,272	0,287	0,352	0,201	0,314
C	0,018	0,004	0,016	0,012	0,015	0,021	0,026	0,012	0,004	0,004	0	0,021
PGI-2												
(N)	109	132	131	131	134	123	124	121	115	127	122	92
A	0,991	0,992	1	0,996	0,989	1	1	1	0,996	1	0,992	0,995
B	0,005	0,004	0	0,004	0,011	0	0	0	0,004	0	0,008	0,005
C	0,005	0,004	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PGM-1												
(N)	109	132	131	149	142	56	114	80	116	124	122	94
A	0,954	0,928	0,927	0,94	0,944	0,911	0,934	0,931	0,957	0,911	0,922	0,952
B	0,018	0,057	0,046	0,047	0,039	0,08	0,048	0,038	0,034	0,065	0,066	0,043
C	0,023	0,011	0,027	0,013	0,014	0	0,013	0	0,009	0	0,012	0,005
D	0,005	0,004	0	0	0,004	0,009	0,004	0,031	0	0,024	0	0
IDH-1												
(N)	109	92	131	111	115	40	104	59	116	66	122	74
A	0,968	0,967	0,977	0,986	0,957	0,913	0,976	0,966	0,987	0,985	0,975	0,993
B	0,032	0,033	0,023	0,014	0,043	0,087	0,024	0,034	0,013	0,015	0,025	0,007
IDH-2												
(N)	104	135	105	110	120	99	123	117	116	128	121	94
A	0,798	0,759	0,79	0,8	0,712	0,727	0,752	0,761	0,728	0,758	0,707	0,702
B	0,202	0,241	0,21	0,2	0,287	0,273	0,248	0,239	0,272	0,242	0,293	0,298
AAT-1												
(N)	79	71	131	131	40	90	40	65	41	62	59	94
A	0,981	0,986	1	0,992	1	0,961	0,988	1	1	1	0,992	1
B	0,019	0,014	0	0,008	0	0,039	0,013	0	0	0	0,008	0

Tabla 21

Frecuencias alélicas en doce muestras de Merluza común (*Merluccius gayi*) para seis loci (A=Coquimbo 1; B= Coquimbo 2; C= Coquimbo 3; D= San Antonio 1; E= San Antonio 2; F= San Antonio 3; G= Talcahuano 1; H= Talcahuano 2; I= Talcahuano 3; J= Puerto Montt 1; K= Puerto Montt 2; L= Puerto Montt 3). (Ordenadas por lugar)

	Población											
Locus	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
PGI-1												
(N)	109	134	115	130	120	118	127	116	122	129	123	94
A	,624	,687	,709	,654	,642	,644	,681	,685	,799	,663	,715	,665
B	,358	,299	,287	,342	,338	,352	,303	,289	,201	,326	,272	,314
C	,018	,014	,004	,004	,020	,004	,016	,026	,000	,011	,013	,021
PGI-2												
(N)	109	134	115	132	123	127	131	124	122	131	121	92
A	,991	,989	,996	,992	1,000	1,000	1,000	1,000	,992	,996	1,000	,995
B	,005	,011	,004	,004	,000	,000	,000	,000	,008	,004	,000	,005
C	,004	,000	,000	,004	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000
PGM-1												
(N)	109	142	116	132	56	124	131	114	122	149	80	94
A	,954	,944	,957	,928	,911	,911	,927	,934	,922	,940	,931	,952
B	,018	,039	,034	,057	,080	,065	,046	,048	,066	,047	,038	,043
C	,023	,014	,009	,011	,000	,000	,027	,013	,012	,013	,000	,005
D	,005	,003	,000	,004	,009	,024	,000	,005	,000	,000	,031	,000
IDH-1												
(N)	109	115	116	92	40	66	131	104	122	111	59	74
A	,968	,957	,987	,967	,913	,985	,977	,976	,975	,986	,966	,993
B	,032	,043	,013	,033	,087	,015	,023	,024	,025	,014	,034	,007
IDH-2												
(N)	104	120	116	135	99	128	105	123	121	110	117	94
A	,798	,712	,728	,759	,727	,758	,790	,752	,707	,800	,761	,702
B	,202	,288	,272	,241	,273	,242	,210	,248	,293	,200	,239	,298
AAT-1												
(N)	79	40	41	71	90	62	131	40	59	131	65	94
A	,981	1,000	1,000	,986	,961	1,000	1,000	,988	,992	,992	1,000	1,000
B	,019	,000	,000	,014	,039	,000	,000	,012	,008	,008	,000	,000

Tabla 22

Variabilidad genética para los 6 loci totales en las 12 muestras de Merluza Común. (Error estándar entre paréntisis).

Población	Tamaño medio de muestra por Locus	Nro. medio de aleteos por Locus	Conteo directo	Esperado Hdy. W	D
1. Coquimbo 1	103,2 (4,9)	2,7 (0,3)	0,171 (0,078)	0,169	0,012
2. Coquimbo 2	114,2 (15,4)	2,3 (0,4)	0,173 (0,08)	0,178	-0,028
3. Coquimbo 3	103,2 (12,4)	2,2 (0,3)	0,163 (0,081)	0,155	0,052
4. San Antonio 1	115,3 (11,1)	2,7 (0,3)	0,168 (0,077)	0,178	-0,056
5. San Antonio 2	88 (13,8)	2,2 (0,3)	0,209 (0,076)	0,213	-0,019
6. San Antonio 3	104,2 (12,8)	2 (0,4)	0,176 (0,082)	0,171	0,029
7. Talcahuano 1	126 (4,3)	2 (0,4)	0,159 (0,077)	0,16	-0,006
8. Talcahuano 2	103,5 (13)	2,3 (0,4)	0,179 (0,079)	0,17	0,053
9. Talcahuano 3	111,3 (10,5)	2,2 (0,2)	0,155 (0,07)	0,161	-0,037
10. P. Montt 1	126,8 (6)	2,3 (0,2)	0,165 (0,077)	0,157	0,051
11. P. Montt 2	94,2 (12,1)	2 (0,4)	0,157 (0,075)	0,163	-0,169
12. P. Montt 3	90,3 (3,3)	2,2 (0,3)	0,171 (0,088)	0,166	0,03

* Estimación insesgada (ver Nei, 1978)

Tabla 23

Valores de Chi-cuadrado y probabilidad para el ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg para cada uno de los loci en las doce muetras. (A=Coquimbo(1); B=Coquimbo(2); C=Coquimbo(3); D=San Antonio(1); E=San Antonio(2); F=San Antonio(3); G=Talcahuano(1); H=Talcahuano(2); I=Talcahuano(3); J=Puerto Montt(1); K= Puerto Montt(2) L=Puerto Montt(3)).

	Población											
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
Locus												
PGI-1												
Chi-2	2,77	3,92	4,57	2,1	1,67	0,608	3,79	5,03	0,433	1,83	0,263	9,22
P	0,428	0,27	0,206	0,551	0,642	0,894	0,285	0,17	0,511	0,608	0,961	0,027
PGI-2												
Chi-2	0,005	0,011	0	0,04	—	—	—	—	0,004	0	—	0
P	1	0,915	1	1	—	—	—	—	0,949	1	—	1
PGM-1												
Chi-2	0,226	0,473	0,211	0,749	0,48	1,12	0,756	0,526	0,821	0,58	0,394	5,24
P	1	0,998	0,976	0,993	0,923	0,773	0,86	0,998	0,844	0,901	0,941	0,155
IDH-1												
Chi-2	0,102	0,213	0,013	0,087	0,312	0,008	0,06	0,05	0,064	0,014	18,49	0
P	0,749	0,644	0,908	0,768	0,577	0,93	0,807	0,823	0,8	0,906	0	1
IDH-2												
Chi-2	0,503	0,915	0,066	2,38	0,14	0,04	0,079	0,551	0,55	0,625	0,502	0,373
P	0,478	0,329	0,797	0,123	0,708	0,841	0,779	0,458	0,458	0,429	0,479	0,542
AAT-1												
Chi-2	0,02	—	—	0,07	7,11	—	—	0	0	0,004	—	—
P	0,889	—	—	0,932	0,008	—	—	1	1	0,95	—	—

Tabla 24

Matriz de Identidad y Distancia Genética según los coeficientes de Nei (1978) calculados para las doce muestras de Merluza común, Bajo la diagonal: Identidad genética insesgada de Nei (1978), Sobre la diagonal: Distancia genética de Nei (1978),

Población	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 COQUIMBO1	*****	,000	,000	,000	,001	,001	,001	,001	,001	,000	,007	,001
2 S.ANTONIO1	1,000	*****	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,004	,000
3 TALCAHUANO1	1,000	1,000	*****	,000	,001	,001	,000	,000	,000	,000	,003	,001
4 P. MONTT1	1,000	1,000	1,000	*****	,001	,001	,000	,000	,001	,000	,004	,001
5 COQUIMBO2	,999	1,000	,999	,999	*****	,000	,000	,000	,000	,000	,002	,000
6 S.ANTONIO2	,999	1,000	,999	,999	1,000	*****	,000	,001	,001	,000	,004	,000
7 TALCAHUANO2	,999	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	*****	,000	,000	,000	,002	,000
8 P. MONTT2	,999	1,000	1,000	1,000	1,000	,999	1,000	*****	,000	,000	,001	,000
9 COQUIMBO3	,999	1,000	1,000	,999	1,000	,999	1,000	1,000	*****	,000	,001	,000
10 S.ANTONIO3	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	*****	,004	,000
11 TALCAHUANO3	,993	,996	,997	,996	,998	,996	,998	,999	,999	,996	*****	,002
12 P. MONTT 3	,999	1,000	,999	999	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	998	****

Tabla 25

Resumen de los estadísticos F en cada uno de los loci en las doce muestras analizadas de Merluza Común.

Locus	F(IS)	F(IL)	F(ST)
PGI-1	-0,024	-0,015	0,008
PGI-2	-0,007	-0,004	0,004
PGM-1	-0,046	-0,04	0,005
IDH-1	0,005	0,02	0,015
IDH-2	0,021	0,027	0,006
AAT-1	0,089	0,103	0,015
Media	-0,006	0,001	0,007

Tabla 26

Valores test de G para los seis loci, para cada uno de los mustreos dentro de las diferentes localidades.

	Locus					
	PGI-1	PGI-2	PGM	IDH-1	IDH-2	AAT
Coquimbo	2,028 ns	1,835 ns	5,518 ns	1,416 ns	15,44 **	2,849 ns
San Antonio	0,552 ns	4,27 ns	19,3 **	2,428 ns	0,328 ns	4,626 ns
Talcahuano	9,301 ns	2,262 ns	3,807 ns	0,078 ns	1,911 ns	3,472 ns
Sur	1,755 ns	1,803 ns	10,22 ns	0,681 ns	2,633 ns	1,594 ns

Tabla 27

Valores test de G para los seis loci entre localidades para cada uno de los tiempos de muestreo.

	Locus					
	PGI-1	PGI-2	PGM	IDH-1	IDH-2	AAT
Muestreo 1	1,674 ns	4,82 ns	6,628 ns	0,497 ns	0,945 ns	4,131 ns
Muestreo 2	2,142 ns	5,305 ns	5,338 ns	2,513 ns	0,717 ns	6,314 ns
Muestreo 3	11,16 ns	2,01 ns	12,54 ns	0,392 ns	1,074 ns	2,948 ns

Tabla 28

Composición por talla de las muestras

LOCALIDAD	MACHOS				HEMBRAS				
	MIN	MAX	PROM	N	MIN	MAX	PROM	N	P
COQUIMBO									
AGOSTO(*)	33,8	410	40	23	36	46,5	40,4	30	0,001
FEBRERO	36	468	41,3	27	40,2	50	43,4	40	0,001
MARZO	30	415	36,2	32	30	45	36,5	38	0,77
(*) = 4 ESPECIMENES SEXUALMENTE NO IDENTIFICADOS									
SAN ANTONIO									
AGOSTO	34	570	40,7	18	35	53	43,8	50	0,022
FEBRERO	27,5	430	34,8	13	30	49	36,5	55	0,157
MARZO	29,5	425	38	38	35	46	40,4	31	0,002
TALCAHUANO									
AGOSTO	25,5	440	38	29	37,5	98,5	43,3	27	0,018
FEBRERO	36	490	42,5	28	38,5	52	44,4	44	0,014
MARZO	30,5	536	42,4	38	35,5	62	47,4	32	<0.001
PUERTO MONTT									
AGOSTO	33	425	38,4	13	36	45,5	40	47	0,046
NOVIEMBRE	36	530	41,4	25	37	48,5	41,1	42	0,644
MARZO (*)	37,9	540	46,5	31	37,4	60	48	26	0,126
(*) = 1 ESPECIMEN SEXUALMENTE NO IDENTIFICADO									

MIN = TALLA MINIMA, MAX= TALLA MAXIMA,, PROM = TALLA PROMEDIO,

N = NUMERO DE OBSERVACIONES , P= POBABILIDAD DE IGUALDAD DE TALLAS

Tabla 29

Prevalencia de infección

	ECTOPARASITOS					ENDOPARASITOS															
	NE	LE	CS	CP	AA	CY	CC	GD	HT	NS	SP	PS	AW	DV	HE	PR	ME	RA	CA	BO	AS
COQUIMBO																					
AGOSTO	28,1	0	0	0	75,4	0	56,1	0	1,8	0	0	0	49,1	0	0	0	0	3,5	7	0	91,2
FEBRERO	31,3	1,5	0	0	46,3	0	88,1	10,4	0	0	4,5	0	31,3	11,9	0	0	0	7,5	3	0	98,5
MARZO	17,1	0	0	0	32,9	0	55,7	0	0	0	0	0	42,9	7,1	0	1,4	0	1,4	10	1,4	65,7
GLOBAL	25,3	0,5	0	0	50	0	67	3,6	0,5	0	1,5	0	40,7	6,7	0	0,5	0	4,1	6,7	0,5	84,5
SAN ANTONIO																					
AGOSTO	23,5	0	0	0	17,6	0	82,4	1,5	1,5	1,5	0	0	30,9	0	0	0	0	0	2,9	0	95,6
FEBRERO	16,2	0	0	0	17,6	1,4	85,3	2,9	1,5	2,9	4,4	1,5	79,4	16,2	0	4,4	2,9	0	0	0	44,1
MARZO	30,4	1,4	1,4	0	34,8	0	89,9	1,4	0	1,4	0	0	65,2	18,8	0	0	0	1,4	1,4	0	84,1
GLOBAL	23,4	0,5	0,5	0	23,4	0,5	85,9	2	1	2	1,5	0,5	58,5	11,7	0	1,5	1	0,5	1,5	0	74,6
TALCAHUANO																					
AGOSTO	33,9	0	0	0	10,7	0	73,2	5,4	5,4	0	0	0	33,9	0	0	8,9	0	0	5,4	0	87,5
FEBRERO	26,4	4,2	0	0	25	0	90,3	27,8	22,2	0	12,5	2,8	58,3	6,9	0	0	0	0	0	0	87,5
MARZO	34,3	15,7	0	0	47,1	0	94,3	54,3	7,1	0	12,9	1,4	54,3	21,4	1,4	0	0	2,9	4	0	85,7
GLOBAL	31,3	7,1	0	0	28,8	0	86,9	30,8	12,1	0	9,1	1,5	50	10,1	0,5	2,5	0	1	5,6	0	86,9
PUERTO MONTT																					
AGOSTO	56,7	0	0	0	8,3	0	40	10	18,3	0	0	0	6,7	3,3	0	0	0	0	0	0	90
MARZO	37,9	13,8	0	1,7	62,1	0	62,1	41,4	60,3	0	3,4	0	56,9	5,2	0	0	0	0	1,7	0	93,1
NOVIEMBRE	49,3	0	0	0	9	0	43,3	0	13,4	0	0	0	22,4	4,5	0	0	0	0	0	0	95,5
GLOBAL	48,1	4,3	0	0,5	25,4	0	48,1	16,2	29,7	0	1,1	0	28,1	4,3	0	0	0	0	0,5	0	93

(*)= POR UNA OMISIàN INVOLUNTARIA, NO FUE POSIBLE SEPARAR EJEMPLARES DE ANISAKIDAE

Tabla 30

Intensidad media de infección

	ECTOPARASITOS					ENDOPARASITOS																
	NE	LE	CS	CP	AA	CY	CC	GD	HT	NS	SP	PS	AW	DV	HE	PR	ME	RA	CA	BO	AS	AD
COQUIMBO																						
AGOSTO	1,3	0	0	0	2,7	0	4,6	0	1	0	0	0	1,5	0	0	0	0	1	1,8	0	5	0
FEBRERO	2,4	2	0	0	2,1	0	12,3	1,3	0	0	1,3	0	1,8	3,5	0	0	0	2,2	11,5	0	8,2	2,4
MARZO	1,8	0	0	0	1,6	0	3,2	0	0	0	0	0	1,7	1	0	2	0	4	1,4	1	4,9	1,6
GLOBAL	1,9	2	0	0	2,2	0	7,7	1,3	1	0	1,3	0	1,7	2,5	0	2	0	2,1	3,1	1	6,3	2
SAN ANTONIO																						
AGOSTO	1,5	0	0	0	1,3	0	5,6	1	1	1	0	0	1,5	0	0	0	0	0	3	0	6,1	1,9
FEBRERO	1,5	0	0	0	1,1	1	8,2	1	1	1	1,7	1	4,9	1,4	0	1	1,5	0	0	0	3	1,5
MARZO	1,6	1	1	0	1,4	0	11,1	1	0	1	0	0	2,4	2	0	0	0	6	1	0	5,4	3
GLOBAL	1,5	1	1	0	1,3	1	8,4	1	1	1	1,7	1	3,4	1,7	0	1	1,5	6	2,3	0	5,2	2
TALCAHUANO																						
AGOSTO	1,4	0	0	0	1,3	0	4,2	2	1	0	0	0	1,7	0	0	1,8	0	0	1	0	5,3	2
FEBRERO	2	2,3	0	0	2	0	8,4	3,1	1,1	0	1,9	1	2,6	1,6	0	0	0	0	0	0	6	1,5
MARZO	1,4	1,8	0	0	2,7	0	7,3	4,2	1	0	1,9	1	1,7	3	1	0	0	1	1	0	7,3	2,3
GLOBAL	1,6	1,9	0	0	2,4	0	7	3,7	1,1	0	1,9	1	2,1	2,7	1	1,8	0	1	1	0	6,3	1,9
PUERTO MONTT																						
AGOSTO	2,3	0	0	0	1,2	0	2,5	1,2	1	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	4,6	2,4
MARZO	2,3	2	1,7	1	3,5	0	4,8	3,4	1,9	0	6	0	2,8	1	0	0	0	0	1	0	8,4	1,8
NOVIEMBRE	2,4	0	0	0	2,2	0	2,6	0	1,6	0	0	0	2,1	4,3	0	0	0	0	0	0	4,2	1,6
GLOBAL	2,3	2	1,7	1	3,1	0	3,4	3	1,7	0	6	0	2,4	2,5	0	0	0	0	1	0	5,6	1,9

Tabla 31

Talla media por localidad

LOCALIDAD	Talla Media	Desviación
COQUIMBO	39,3	4,2
SAN ANTONIO	39,4	4,9
TALCAHUANO	43,1	6,2
PUERTO MONTT	42,5	4,9

$F = 30.14$, $P < 0.001$, $GL = 3.778$