UNIVERSIDAD DE CONCEPCION
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y OCEANOGRAFICAS
DEPARTAMENTO DE OCEANOGRAFIA

INFORME FINAL

PROYECTO DEL FONDO DE INVESTIGACION PESQUERA

"UNIDADES POBLACIONALES DEL BACALAO DE PROFUNDIDAD"

N° 2006-41

EJECUTOR: DEPARTAMENTO DE OCEANOGRAFIA
UNIVERSIDAD DE CONCEPCION

CONCEPCION, ENERO 2008.

JEFE DE PROYECTO

RICARDO GALLEGUILLOS G.

AUTORES

SANDRA FERRADA F.
CRISTIAN HERNÁNDEZ U.
CRISTIAN CANALES-AGUIRRE.
GUSTAVO AEDO U.
MARCELO SAN MARTIN Q.
SOFIA ASTETE F.

COLABORADORES

RENATO CESPEDES M.
SANTIAGO GACITUA B.
EDWIN NIKLITSCHEK H.
ALEJANDRA LAFON V.

CONCEPCION, ENERO 2008

RESUMEN EJECUTIVO

El presente informe comunica los resultados generados del proyecto FIP N°2006 – 41, que tiene como objetivo general determinar la homogeneidad genética de la o las poblaciones de *Dissostichus eleginoides* presentes a lo largo de la costa de Chile en el Océano Pacífico Sur Este, desde el Cabo de Hornos a la I región, que permita determinar la existencia de un gran stock reproductivo único o varios separados espacialmente.

Además del análisis genético en la identificación de unidades poblacionales de la especie en aguas chilenas, se realizó una búsqueda bibliográfica de antecedentes biológicos y poblacionales de bacalao de profundidad en Chile y en otras áreas de su distribución. Como estrategia de búsqueda y recopilación de la información se definió cuatro categorías de bases de datos: informes técnicos financiado por el Fondo de Investigación Pesquera (FIP), informes técnicos elaborados por el Instituto de Fomento Pesquero (IFOP), publicaciones científicas nacionales e internacionales principalmente de categoría ISI y Scielo, y publicaciones científicas y reportes técnicos elaborados por la Convención para la Conservación de los Recursos Marinos Vivos Antárticos (CCAMLR).

Para cada una de estas bases de datos se separó la información en distintos aspectos poblacionales y biológicos (e.g. distribución, abundancia, unidades de stock, reproducción, migraciones), los cuales fueron sintetizados destacando aquellos resultados más importantes y construyendo matrices de conocimiento, todo lo cual permitió postular un modelo cognitivo de la(s) unidad (es) poblacional (es) de bacalao de profundidad en Chile.

El análisis de la información recopilada de informes FIP indica que el bacalao de profundidad en Chile habita preferentemente sobre el talud continental, existiendo una estratificación por tamaños en función de la profundidad, donde los individuos de menor tamaño se encontrarían en aguas más someras, mientras que aquellos de mayor longitud se distribuirían en aguas más profundas. En toda esta área de distribución, la información colectada en las pesquerías artesanal e industrial indica que la especie presentaría actividad reproductiva en la zona más austral, aproximadamente al sur del paralelo 47°S., con una estación de desove que ocurriría en meses de otoño e invierno. La detección de una sola área principal de reproducción en la zona sur-austral, junto con la carencia de diferencias genéticas de ejemplares colectados desde Lebu a Puerto Williams, sugieren la existencia de una sola unidad poblacional de bacalao de profundidad en aguas chilenas.

Respecto de los antecedentes provenientes de informes técnicos elaborados por IFOP, se desprende que al interior de la zona de distribución en aguas chilenas operan una pesquería artesanal al norte del paralelo 47°S, y una pesquería industrial al sur de mismo. La primera opera principalmente sobre la estructura juvenil de la población, mientras que la segunda lo hace sobre edades mayores. La composición y distribución espacial de la estructura de tamaño, así como la identificación de una sola área reproductiva, han llevado a evaluar la abundancia y biomasa de bacalao de profundidad como un solo stock. La captura de un ejemplar en la pesquería sur-austral, marcado y liberado en el área Argentina sugieren además la existencia de procesos migratorios entre las áreas occidental y oriental de América del Sur.

En relación a la información recopilada en revistas naciones e internacionales, la mayoría de los estudios sobre bacalao de profundidad se han realizado en áreas de pesca en torno a islas que bordean el Frente Circumpolar Antártico, ubicadas en los sectores antárticos Atlántico e Índico, siendo escasas las investigaciones en aguas sobre el talud y plataforma continental de Chile y Argentina. En estas áreas se ha registrado un claro gradiente positivo en la estructura de tamaños a medida que se incrementa la profundidad. Esta estructura demográfica también se observaría respecto al estado de madurez sexual durante el periodo reproductivo, concentrándose los individuos inmaduros preferentemente en aguas someras y los ejemplares con mayor desarrollo gonadal hacia aguas más profundas. Diversos estudios de identificación de stocks (e.g. genéticos, otolitos, reclutamiento) sugieren la existencia de cuatro unidades en el área de distribución: América del Sur, Islas Malvinas, Islas Georgias e islas del Océano Índico.

Finalmente, la información colectada de publicaciones y reportes técnicos de CCAMLR, confirman la distribución espacial de la estructura demográfica de Bacalao de Profundidad, agregando que también existiría una distribución batimétrica diferenciada entre sexos. Los machos alcanzan tallas máximas menores que las hembras y maduran a más temprana edad (i.e. de menor tamaño), por lo que aquellos individuos maduros se encontrarían batimetricamente separados; en el periodo del desove los machos se profundizarían y las hembras nadarían hacia aguas más someras, estimándose que el desove ocurriría principalmente entre los 800 y 1.200 m. Un aspecto importante que desprende de estudios de marcaje y recaptura es que, en general, peces recapturados en distintos periodos de tiempo (desde días hasta años) no migrarían más allá de 20 millas náuticas desde las área de liberación; sin embargo, un porcentaje menor de individuos recapturados son capaces de migrar por sobre las mil millas desde su lugar original. Esta fracción de peces capaces de migrar grandes distancias podría incidir significativamente en el flujo génico entre distintas áreas de distribución.

Para caracterizar genéticamente las poblaciones de *D. eleginoides* sometidas a estudio, se propuso un diseño de muestreo basado en la biología del recurso, la experiencia del sector pesquero respecto a las zonas de captura, así como de sus mayores abundancias, se ha cumplido totalmente cubriendo el área de distribución del Bacalao de

Profundidad en la costa Pacífica Perú - Chile y en el sector Atlántico sur con Islas Malvinas e Islas Georgias del Sur. En total se analizaron 652 ejemplares.

Los resultados obtenidos a partir del análisis genético de seis loci microsatélites del ADN nuclear y secuencias ND2 y DLoop del ADN mitocondrial de *Dissostichus eleginoides* permiten inferir la existencia de un quiebre o discontinuidad genética del recurso entre las localidades de la plataforma sudamerica - patagónica versus Islas Georgias del Sur.

El análisis de los datos microsatélites genera niveles de diferenciación genética altos evidenciando dos grupos poblacionales bien definidos; a) Islas Georgias, b) Islas Malvinas y Costa Chileno - Peruana, grupos sustentados también por el análisis de componentes principales y el test de diferenciación poblacional. La homogeneidad genética encontrada entre las localidades de la costa chilena es consistente con los resultados obtenidos en estudios previos sobre aloenzimas.

Los antecedentes biológicos de la especie apoyan la discontinuidad genética evidenciada entre las localidades en estudio. Los datos indican que esta discontinuidad podría deberse a la barrera que representaría el frente polar y el frente subantártico, principalmente a las características térmicas con aguas menores a 2°C donde el Bacalao de profundidad no puede habitar dado que carece de proteínas anticongelantes a diferencia de su símil *D. mawsoni*. Esta barrera impediría la mezcla entre poblaciones al sur de los frentes (Islas Georgias) y las presentes al norte de los frentes (localidades de la costa chileno - peruana e Islas Malvinas). Sumado a esto, las aguas entre Islas Malvinas e Islas Georgias exceden los 3000 metros de profundidad (zonas abisales), ubicándose bajo el rango de distribución del Bacalao de Profundidad (< 2200), limitando el flujo de la fase larval y por consiguiente del flujo génico entre ellas, constituyendo así dos unidades poblacionales independientes.

Los resultados de diferenciación poblacional concuerdan con la baja capacidad de migración propuesta para el Bacalao de Profundidad a través de programas de marcaje y recaptura en aguas australianas donde se indica que los peces no se desplazarían más de 20 a 30 kilómetros de su lugar de liberación.

A partir de la información recopilada y los resultados genéticos obtenidos en el presente proyecto, la hipótesis de una sola unidad poblacional genética para el bacalao de profundidad de las costas de Sudamérica resulta la más plausible. Siendo una sola gran población que se distribuiría desde el norte del Perú hasta el extremo austral y desde allí hasta las costas de Argentina, incluyendo Islas Malvinas.

En términos del manejo pesquero de la especie para la costa chilena, la evidencia de una unidad poblacional discreta a lo largo de su distribución indica que las prácticas de manejo deberían ser enfocadas conjuntamente para toda el área de pesquería, considerando que factores ambientales pueden ser causantes de diferenciación poblacional a otro nivel, e.g ecológico. Se deben implementar medidas de manejo que permitan mantener la variabilidad genética a lo largo de su distribución, especialmente la zona austral donde se encuentra un pool génico mayor, dado que variantes genéticas pueden ser adaptativas y una reducción de la variabilidad genética, debido a la aplicación de ineficientes planes de manejo, puede resultar en la incapacidad de los organismos para responder a cambios ambientales futuros.

TABLA DE CONTENIDOS

Resumen ejecutivo

Indice General

Indice de Figuras

Indice de Tablas

Indice de Anexos

1. **Objetivo General**
2. **Objetivos Específicos**
3. **Antecedentes**
4. **Metodología**

4.1. Objetivo Específico 4.1
4.2. Objetivo Específico 4.2
4.2.1. Técnicas de Análisis Genético
4.2.2. Zonas de estudio y tamaño de la muestra
4.2.3. Muestreo para análisis genético
4.2.4. Protocolo muestreo para análisis genético
4.2.5. Extracción de ADN.
4.2.6. Amplificación por PCR de los genes mitocondriales DLoop y ND2 de D. eleginoides.
4.2.7. Secuenciación de los genes mitocondriales DLoop y ND2 de D. eleginoides.
4.2.8. Amplificación por PCR de loci microsatélites en D. eleginoides.
4.2.9. Análisis Estadísticos de los datos
4.2.10. Análisis estadístico del DLoop y ND2 del ADN mitocondrial de D. eleginoides
4.2.11. Análisis estadístico de los loci microsatélites en D. eleginoides
4.3. Objetivo Específico 4.3

5. Resultados

5.1. Objetivo Específico 4.1
5.2. Objetivo Específico 4.2
5.2.1. Zonas de estudio y tamaño de la muestra
5.2.2. Muestreo para análisis de ADN
5.2.3. Protocolo de extracción de ADN
5.2.4. Amplificación por PCR de los genes mitocondriales DLoop y ND2 de D. eleginoides.
5.2.5. Secuenciación y Análisis de los genes mitocondriales DLoop y ND2 de D. eleginoides.
5.2.6. Amplificación por PCR y Análisis de loci microsatélites en D. eleginoides.
5.3. Objetivo Específico 4.3
5.3.1. Informes Técnicos FIP
5.4. Informes Técnicos IFOP
5.5. Revistas nacionales e internacionales ISI y SCielo

6. Análisis y Discusión de Resultados
7. Conclusiones
8. Referencias Bibliográficas
Anexos

INDICE FIGURAS

Figura 1. Ejemplar bacalao de profundidad *Dissostichus eleginoides* (Smitt, 1898)

Figura 2. Estadios tempranos, huevos y larvas de *Dissostichus eleginoides*. Extraído y modificado desde Kellermann, 1990.

Figura 3. Distribución geográfica de bacalao de profundidad (*Dissostichus eleginoides*).

Figura 4. Distribución batimétrica de lances de pesca sobre Bacalao de Profundidad al sur del paralelo 47° L.S. (extraído de Moreno et al., 2003).

Figura 5. Representación de las corrientes marinas presentes en la costa de chilena

Figura 6. Desembarque (t) de bacalao de profundidad de la flota artesanal entre la I y X Región. Fuente SERNAPESCA.

Figura 7. Zonas de muestreo con su respectivo tamaño muestreal para poblaciones de *Dissostichus eleginoides*.

Figura 8. Perfil electroforético de extractos de ADN genómico de *D. eleginoides* provenientes de las zonas de estudio.

Figura 9. Perfil electroforético de PCR para el segmento DLoop del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*,

Figura 10. Perfil electroforético de PCR para el segmento ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*,

Figura 11. Valores de verosimilitud promedio (± 10 veces el Error Estándar) de los diferentes modelos de múltiples matrices (MM) analizados para las secuencias de ND2 y DLoop.

Figura 12. Árbol de consenso (majority-rule) de las 333 muestras analizadas de Bacalao de profundidad para ND2.

Figura 13. Árbol de consenso (majority-rule) de las 344 muestras analizadas de Bacalao de profundidad para DLoop.

Figura 14. Red de consenso a un umbral de p = 0.05 de las muestras analizadas de Bacalao para ND2.

Figura 15. Red de consenso a un umbral de p = 0.05 de las muestras analizadas de Bacalao para DLoop.

Figura 16. Mapa parcial de Sudamérica donde se indican las localidades de muestreo de Bacalao y la frecuencia de haplotipos de ND2 por localidad

Figura 17. Mapa parcial de Sudamérica donde se indican las localidades de muestreo de Bacalao y la frecuencia de haplotipos de DLoop por localidad

Figura 18. Relación entre el número de haplotipos y la latitud de las localidades de muestreo para ND2 y DLoop.

Figura 19. Árbol basado en la aproximación NJ para determinar la semejanza entre las localidades dado la frecuencia de haplotipos presentes en ND2.

Figura 20. Árbol basado en la aproximación NJ para determinar la semejanza entre las localidades dado la frecuencia de haplotipos presentes en DLoop.

Figura 21. Red de haplotipos basada en la aproximación Median Joining para ND2.

Figura 22. Red de haplotipos basada en la aproximación Median Joining para D-loop.

Figura 23. Red de haplotipos basada en la aproximación de parsimonia estadística para ND2 (A) y DLoop (B).

Figura 24. Distribución mismatch observada de los haplotipos de ND2 y DLoop.

Figura 25. Cromatograma correspondiente a lecturas de fragmentos del microsatélite CmrDe4 del Bacalao de Profundidad

Figura 26. Perfil electroforético del microsatélite CmrDe4 del Bacalao de Profundidad.

Figura 27. Perfil electroforético del microsatélite CmrDe9 del Bacalao de Profundidad.

Figura 28. Perfil electroforético del microsatélite CmrDe30 del Bacalao de Profundidad.

Figura 29. Perfil electroforético del microsatélite CmrDe2 del Bacalao de Profundidad.

Figura 30. Frecuencia microsatélite cmrDe4 para cada población.

Figura 31. Frecuencia microsatélite cmrDe9 para cada población.

Figura 32. Frecuencia microsatélite cmrDe30 para cada población.

Figura 33. Frecuencia microsatélite cmrDe2 para cada población.

Figura 34. Frecuencia microsatélite To2 para cada población.

Figura 35. Frecuencia microsatélite To5 para cada población.

Figura 36. Análisis de componentes principales de las frecuencias alélicas de los microsatélites CmrDe4, CmrDe9, CmrDe30, CmrDe2, To2 y To5 en poblaciones de *D. eleginoides*.

Figura 37. Desembarque (t) de bacalao de profundidad a nivel país según el tipo de flota. Fuente SERNAPESCA.

Figura 38. Rendimiento de pesca (kg/viajes) mensuales de bacalao de profundidad para la zona Centro Sur (San Antonio, Lebu y Valdivia) 2001-2004 y Quellón, 2001-2006. Fuente IFOP.

Figura 39. Desembarque (t) y rendimiento de pesca (kg/viaje) en bacalao de profundidad en la flota artesanal, 1997- 2006. Fuente SERNAPESCA.

Figura 40. Número de viajes, desembarque (t) y rendimiento de pesca (kg/viaje) en bacalao de profundidad (flota artesanal) para la macrozona de pesca X-XI Región, 2001- 2006. Fuente SERNAPESCA.

Figura 41. Distribución del esfuerzo de pesca (miles de anzuelos) en bacalao de profundidad por mes y rango de latitud, entre 2001 y 2006. Fuente IFOP.

Figura 42. Distribución del esfuerzo, captura y rendimiento de pesca histórico de bacalao de profundidad en la flota bacaladera, área de licitación entre 1991 y 2006. Fuente IFOP.

Figura 43. Rendimiento de pesca en bacalao de profundidad por caladero entre 1997 y 2006. Fuente IFOP.

Figura 44. Distribución de la captura (t) y captura acumulada (t) diario de bacalao de profundidad entre 2001 y 2003. Flota bacaladera y área de licitación. Fuente IFOP.

Figura 45. Distribución de talla de bacalao de profundidad en la flota artesanal (1) y la flota industrial (2) bacaladera de la PDA, 2006. Fuente IFOP.

Figura 46. Variación mensual del índice gonadosomático (IGS) de las hembras de bacalao de profundidad entre enero de 2003 y agosto de 2007 en el área licitada. Flota espinelera fábrica. Fuente IFOP.

Figura 47. Mapa para ilustrar las áreas de liberación y recaptura de ejemplares de bacalao de profundidad. Extraído de Williams et al., (2002)

Figura 48. Esquema de las principales corrientes del Océano Austral.

Figura 49. Corte vertical de las principales masas de agua del Océano Austral (STF: Frente Subtropical, SAF: Frente Subantártico, PF: Frente Polar, CWB: Limite del Agua Costera).

Figura 50. Flujo de las principales masas de agua del Océano Austral.

Figura 51. Batimetría de las principales cuencas oceanográficas en torno a la Antártica.

Figura 52. Esquema de la dinámica de bacalao de profundidad en el cono sur de América, entre Perú, Chile y Argentina-Malvinas. Fuente IFOP.

INDICE TABLAS

Tabla I. Secuencia de primers utilizados para la amplificación por PCR y secuenciación de los segmentos DLoop y ND2 del mtADN en *D. eleginoides*.

Tabla II. Secuencia de primers y condiciones de amplificación para loci microsatélites de *Dissostichus eleginoides*.

Tabla III. Condiciones de amplificación PCR para el segmento DLoop del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*.

Tabla IV. Programa de amplificación en termociclador PTC-200 de MjResearch para el segmento DLoop del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*.

Tabla V. Condiciones de amplificación PCR para el segmento ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*.

Tabla VI. Programa de amplificación en termociclador PTC-200 de MjResearch para el segmento ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*.

Tabla VII. Número de individuos por localidad de muestreo (n), y Latitud y Longitud media de cada sector.

Tabla VIII. Índices de diversidad haplotípica y nucleotídica para el segmento ND2.

Tabla IX. Índices de diversidad haplotípica y nucleotídica para el segmento DLoop.

Tabla X. Frecuencia de haplotipos de cada población analizada para el DLoop.

Tabla XI. Frecuencia de haplotipos de cada población analizada para el ND2.

Tabla XII. Matriz generada por el programa Genotyper para la determinación de genotipos.

Tabla XIII. Resumen de las muestras genotipificadas para 6 loci microsatélites en el Bacalao de Profundidad.

Tabla XIV. Variabilidad genética para cada loci por población de *D. eleginoides*.

Tabla XV. Valores de estadístico Fst para todos los microsatélites utilizados, en poblaciones de *D. eleginoides* y valor de probabilidad asociada.

Tabla XVI. Valores de estadístico Rst, para todos los microsatélites utilizados, en poblaciones de *D. eleginoides* y valor de probabilidad asociada.

Tabla XVII. Test de diferenciación genética entre pares de localidades.

Tabla XVIII. Resumen de la información biológica y ecológica de los Informes Técnicos IFOP.

Tabla XIX. Parámetros Von Bertalanffy de *D. eleginoides*.

Tabla XX. Resumen de la información biológica y ecológica de publicaciones y documentos técnicos de CCAMLR.

Tabla XXI. Detalle de masas de agua en Chile descritas por Robles (1979). Modificada de Bernal et al., (1982).

Tabla XXII. Resumen de la información biológica y ecológica encontrada en los informes finales de los proyectos FIP.

Tabla XXIII. Resumen de la información biológica y ecológica encontrada en los informes finales de los proyectos FIP relacionada con la cobertura espacial de cada proyecto.

Tabla XXIV. Matriz de conocimiento generada a partir de los principales proyectos realizados por el fondo de investigación pesquera.

INDICE DE ANEXOS

Anexo 1.Figuras

Anexo 2.Tablas

Anexo 3.Taller de Discusión

Anexo 4. Sobreoferta.

1. OBJETIVO GENERAL

Determinar la homogeneidad genética de la o las poblaciones presentes a lo largo de la costa de Chile en el Océano Pacífico Sur Este, desde el Cabo de Hornos a la I Región, que permita fundamentar la existencia de un gran stock reproductivo único a alternativamente varios separados espacialmente.

2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

4.1. Establecer un programa de muestreo que cubra las diferentes zonas geográficas de la costa de Chile y eventualmente desde alguna localidad Atlántica y hasta el Perú, en base a características ambientales que hagan sospechar de la existencia de zonas reproductivas diferentes.

4.2. Caracterizar genéticamente las poblaciones sometidas a pesquerías diferentes en Chile, es decir la pesquería Industrial al sur del paralelo 47°S y artesanales al norte de dicho paralelo, en localidades establecidas en el objetivo específico primero.

4.3. Asociar las características genéticas con todos los otros aspectos poblacionales conocidos en Chile de las poblaciones de Bacalao de profundidad. Lo que implica una revisión de la bibliografía formal y gris (Informes de diferentes entidades de evaluación y manejo).

3. ANTECEDENTES

Dentro de los peces teleósteos de aguas antárticas y subantárticas, los Nototheniidos, peces endémicos del hemisferio sur, se caracterizan por ser una de las familias del suborden Notothenioidei con el mayor número de representantes, contando con más de 50 especies conocidas, destacándose ellas por su gran diversidad morfológica (Kock, 1992; Sanchez et al., 2007). Uno de los miembros más grandes de la familia es el Bacalao de Profundidad *Dissostichus eleginoides* (Smitt, 1898) (Fig.1) conocido internacionalmente como Patagonian Toofish, se caracteriza por presentar una distribución geográfica discontinua, restringida a montes y plataformas, que abarca aguas antárticas del hemisferio sur, incluyendo los océanos Pacífico Suroriental, Atlántico e Índico en áreas circundantes a las plataformas peninsulares de islas subantárticas como las Islas Malvinas, Georgia del Sur, Príncipe Eduardo, Bouvet, Kerguelen, Heard, Macquerie (Sancho et al., 2003). También se puede encontrar alrededor del cono sur de América, en el talud continental pacífico desde Perú (Punta Aguja) al sur de Chile, y por Atlántico desde Uruguay hasta el sur de Argentina. Más al sur, pasando los 55 a 60ºLS en torno al continente Antártico, es reemplazado por el congénero Bacalao Antártico (Antarctic Toothfish) (*Dissostichus mawsoni* Norman, 1937*)* (Bargelloni et al., 2000; Derome et al., 2002; Ghigliotti *et al.*, 2007; Near et al., 2004; Parker *et al.*, 2002; Sanchez et al., 2007). Aunque hay áreas de sobrelapamiento de ambas especies como al norte de Ross Sea, en Islas Orkney y al sur de Kerguelén Plateau (Gon & Heemstra, 1990).

El bacalao de profundidad es un pez abisobentónico, distribuyéndose en un rango de profundidad entre los 70 y 2.800 m. Durante los primeros estadios de vida presenta hábitos pelágicos hasta aproximadamente el primer año de vida (Fig. 2). En aguas chilenas se han capturado ejemplares hasta los 2.500 m de profundidad (Young *et al.*, 1998). Las concentraciones de peces o caladeros más importantes, desde el punto de vista pesquero, se ubican entre los 1.000 y 1.500 m (Young *et al.*, 1996), observando una estratificación por tamaño en relación con la profundidad: encontrando que los peces de menor tamaño y edad están en aguas menos profundas (Young *et al.*, 1999). También se ha detectado que forman cardúmenes separados según sexo y talla (Rubilar y Moreno 1998).

El recurso bacalao puede alcanzar una de las mayores tallas en peces de aguas subantárticas (> 2 m y > 100 kg). En el stock comercial se han encontrado ejemplares de talla 180 cm para machos y 226 cm para hembras ambos ejemplares capturados por la flota pesquera industrial sur - austral. La edad máxima para la especie bacalao de profundidad se encuentra a lo menos entre los 45 y 50 años (Horn, 2002; Oyarzun et al., 2003). De crecimiento relativemante rápido en los 10 primeros años, donde el pez habita en aguas menos profundas, alcanzando el peso de madurez (700 – 900 mm de longitud) el crecimiento se hace más lento (Evseeko et al., 1995).

En cuanto a sus caracteres reproductivos, la especie presenta una baja fecundidad, con 260 a 800 mil huevos, vitelados y relativamente grandes. Las revisiones microscópicas de los ovarios señalan que esta especie correspondería a un desovador sincrónico por grupo (Young et al, 1999), cuyo resultado es un evento de desove anual. Durante este período las hembras emergerían a profundidades menores (400 a 500 m), razón por la cual a veces resulta difícil encontrarlas en faenas de pesca normales (Chikov & Melnikov 1990; Young *et al*, 1992). Young *et al.* (1992), señalan que el desove del bacalao de profundidad se produciría entre junio y agosto, probablemente entre los 53º y 57ºLS, etapa en la que existe veda biológica para la especie (Decreto Supremo 273/96). Los machos alcanzan la madurez sexual entre los 72-90 cm (7 a 11 años) y las hembras entre 90 y 110 cm (9 a 12 años) (Sancho *et al*, 2003).

Los hábitos alimentarios *D. eleginoides* lo caracterizan como un depredador de alto nivel trófico y presenta una considerable variabilidad en su patrón de alimentación, variando su dieta según la región, el estadio de ciclo vital, la profundidad y la época del año. En la región antártica se ha determinado que la dieta está formada por peces, cefalópodos y crustáceos, catalogándola como una especie carnívora oportunista (Arana y Vega 1999).

Para las zonas de pesca se ha entregado información sobre dos grandes áreas en Chile: un área donde opera la flota industrial (al sur de 47ºLS) y la otra donde opera la flota artesanal (al norte de 47ºLS). En cuanto a los desembarques**,** para el año 2006 se asigno una cuota global anual de captura de bacalao de 2700 toneladas al sur del paralelo 47º L.S, y 2700 toneladas para el área marítima comprendida entre el límite norte de la República y el paralelo 47º L.S, incluyendo las islas oceánicas, desde la costa hasta las 200 millas marinas (Sub. Pesca, 2005).

Los antecedentes expuestos para el recurso bacalao de profundidad, en especial los parámetros biológicos pesqueros, han sido la base para estudios de identificación de *stocks*, sin embargo, en la actualidad el conocimiento de la manera en que los factores genéticos contribuyen a la formación de estos es relevante para la planificación de la explotación del recurso, ya que su conocimiento como unidades de pescas independientes o conjuntas puede evitar la pérdida de características poblacionales importantes y permitir la conservación de su patrimonio genético (Allendorf *et al.*, 1987).

Al desconocer el número de unidades poblacionales existentes dentro de una especie bajo explotación, la política de manejo puede no alcanzar las metas de conservación del recurso a largo plazo, ya que la población podría sufrir una seria erosión en su estructura genética o una posible extinción local (Ovenden, 1990). Es por esta razón que se han realizado variados estudios en *Dissostichus eleginoides* basados en técnicas aloenzimáticas y de ADN, para la identificación de unidades poblacionales, relaciones filogenéticas e identificación de especies.

En un contexto poblacional y en el campo de la electroforesis de proteínas, resultados de análisis aloenzimáticos, evidenciaron que muestras provenientes de las localidades de Lebu, Valdivia, Quellón y Puerto Williams, muestran ser genéticamente muy similares, a pesar de la distancia geográfica. Los niveles de semejanza encontrados reflejan que existiría un flujo génico entre los distintos grupos considerados correspondiendo a una sola unidad poblacional (Oyarzún *et al.*, 2003 a y b).

En el ambito de los marcadores moleculares a nivel de ADN, Reilly & Ward (1999) aislaron y caracterizaron 5 loci microsatélites (cmrDe4, cmrDe13, cmrDe9, cmrDe30 y cmrDe2) para *D. eleginoides,* aplicándolos en dos áreas de pesquería australiana en torno a Macquarie Island, obteniendo como resultado que las frecuencias alélicas muestran diferencias significativas por lo menos en dos loci de los cinco analizados, sugiriendo que estas áreas podrían no ser genéticamente homogéneas, destacando se requiere un numero mayor de muestras para realizar una buena evaluación de la estructura poblacional.

En el 2000 científicos del NIWA (National Institute of Water & Atmosphere) (Smith & McVeagh, 2000a.b) utilizaron tres aproximaciones metodologías para establecer relaciones genéticas entre poblaciones provenientes del océano Austral Indico, Atlántico y Pacífico Este, incluyendo la plataforma de sudamerica, con muestras desde Chile y Argentina. Para aloenzimas (donde no fueron incluidas las muestras de Chile y Argentina), trabajan con 11 loci siendo 7 de ellos polimórficos, detectando niveles moderados de variación genética, no encontrando diferencias significativas entre muestras del océano Austral, sugiriendo que la especie *D. eleginoides* en esta área correspondería a una sola unidad poblacional desde un punto de vista genético. En el análisis de microsatélites, donde tampoco se incluyen muestras de Chile y Argentina, desarrollan 3 loci (To2, To5 y To3) sumados a los de Reilly & Ward (1999), analizando en total 8 loci, resultando 6 de ellos altamente polimórficos. Los resultados con microsatélites a diferencias de las aloenzimas, indican una significativa heterogeneidad genética, rechazando la hipótesis nula de una única unidad poblacional alrededor de las islas subantárticas. La muestra proveniente de Islas Malvinas arroja las más grandes diferencias con el resto de las muestras analizadas, aunque esta heterogeneidad no es consistente a través de todos los loci (3 loci no muestran diferencias significativas). En el caso del análisis con mtADN donde se incluyen muestras desde la costa chilena y argentina, los resultados advierten similaridad genética entre las muestras provenientes de Chile y Argentina con las muestras de Islas Malvinas, este grupo arroja diferencias significativas con las muestras del océano austral. Se concluye finalmente que las poblaciones de Bacalao de Profundidad presentes en la plataforma patagónica de América del sur presentarían diferencias genéticas significativas con las muestras de océano austral, debido a que la convergencia antártica actuaría como una barrera al flujo génico entre las poblaciones de ambas áreas. Diferencias de resultados entre aloenzimas, microsatélites y mtADN se atribuyen a que estos marcadores provienen de distintos componentes del ADN genómico. Microsatélites con una alta tasa de

mutación, siendo más sensitivos a recientes cambios poblacionales que loci que codifican proteínas.

Posteriormente investigadores del CSIRO Marine Research de Australia (Appleyard *et al*., 2002; Appleyard *et al*., 2004) realizan estudios genéticos en poblaciones de *D. eleginoides* de las Islas Macquarie del Pacífico, Heard y McDonald del Indico y Shag Rocks/South Georgia del Atlántico, a partir de marcadores moleculares mitocondriales del tipo PCR-RFLP de la región DLoop y ND2 (Subunidad 2 del complejo respiratorio NADH dehidrogenasa), junto a 7 loci microsatélites. Los resultados indican heterogeneidad genética entre las áreas analizadas de los 3 océanos para los genes mitocondriales. En el caso de los microsatélites las diferencias no son significativas. Las mayores diferencias observadas con el mtADN pueden ser explicadas por la filopatría de las hembras y dispersión de los machos o por la mayor sensibilidad a los cambios en el tamaño efectivo poblacional del mtADN. La heterogeneidad genética entre las tres localidades indica un fluyo génico restringido, donde cada localidad comprende una unidad poblacional independiente, agregando que los caladeros presentes en el sector occidental del océano Índico (Marion, Príncipe Eduardo, Heard, McDonald, Kerguelen y Crozet) compondrían una metapoblación.

En el mismo año Shaw *et al*., (2004), del Falkland Islands Government Fisheries Department, realiza estudios de estructuración genética mediante cinco loci microsatélites y PCR-RFLP del gen mitocondrial ND2 y región control, desde 10 muestras recolectadas desde la Plataforma Patagónica en aguas argentinas e Islas Malvinas, Shag Rocks, South Georgia y North Scotia Ridge del sudoeste Atlántico. Los resultados de los análisis del mtADN, indican una marcada división genética entre muestras de la Plataforma Patagónica y muestras de Shag Rocks, South Georgia y North Scotia Ridge, no asi lo resultados de los microsatélites que indican una menor estructuración. Finalmente los resultados sugieren que el frente polar actuaría como una barrera a la dispersión larval, contribuyendo a estructuración genética. También se sugiere que los distintos patrones del mtADN y microsatélites pueden reflejar el efecto en el genoma del tamaño poblacional o una dispersión ligada al sexo.

Finalmente Rogers *et al*., (2006), de la Zoological Society of London, analiza la estructura genética poblacional del Patagonian Toothfish desde muestra provenientes desde el Atlántico en la Plataforma Patagonia y desde el Índico, con el marcador molecular mitocondrial 12S del ARNr y 7 loci microsatélites (los mismos testeados con anterioridad por otras investigaciones). El análisis del gen mitocondrial muestra que las poblaciones presentes alrededor de Islas Malvinas son genéticamente distintas a las de South Georgia y Bouvet Island (Atlántico), y Ob Seamount (Índico).

Los autores concluyen que las diferencias encontradas pueden resultar del aislamiento hidrográfico y topográfico, siendo sitios separados por frentes polares y aguas profundas. Sin embargo las frecuencias genotípicas de microsatélites muestran diferencias entre muestras del Atlántico South Georgia e Islas Bouvet, acotando que

estas localidades están separadas por aguas que alcanzan los 3000 m de profundidad, fuera del rango de distribución del Toothfish (< 2200 m). Como otras especies de peces de profundidad las poblaciones del Patagonian Toothfish estarían estructuradas a escala regional y subregional.

4. METODOLOGÍA

4.1. OBJETIVO ESPECÍFICO

Establecer un programa de muestreo que cubra las diferentes zonas geográficas de la costa de Chile y eventualmente desde alguna localidad Atlántica y hasta el Perú, en base a características ambientales que hagan sospechar de existencia de zonas reproductivas diferentes.

El bacalao de profundidad o merluza negra (*Dissostichus eleginoides* Smitt, 1897), conocido internacionalmente como Patagonian toothfish, es una especie bento-pelágica de origen subantártico, la cual constituye uno de los mayores representantes de la familia Nototheniidae (Evseenko et al., 1995), y es uno de los peces más abundantes en términos de número y biomasa en el Océano Austral (Xavier et al., 2002). El conocimiento actual de la especie indica que su distribución se extendería en el Océano Pacífico desde Perú hasta el extremo sur de Chile, y en el Océano Atlántico desde Uruguay hasta el sur de Argentina, en ambos casos asociado a las aguas del talud continental (Fig. 3). También se encuentra alrededor de islas, áreas de la plataforma y montes submarinos, en aguas subantárticas de los océanos Atlántico, Indico y sectores del Océano Pacífico cercanos al Océano Austral (Evseenko et al., 1995).

Las áreas de pesca de la especie incluyen: a) en Chile, una flota artesanal que opera al norte del paralelo 47°S, y otra flota industrial que pesca al sur del mismo (Young et al., 1999), ambas palangreras; b) en Argentina opera una flota arrastrera y palangrera por sobre la plataforma y talud continentales, y alrededor de las Islas Malvinas (Wöhler et al., 2004); y, c) en las islas alrededor de la Antártica (Islas Georgias del Sur, Islas Sandwich del Sur, Islas Kerguelen, Islas Crozet, Islas Heard y Mac Donald, y Shagg Rocks), operan embarcaciones industriales de flotas internacionales por sobre la plataforma y montes submarinos, principalmente con palangre y en menor medida con arrastre (http://www.inape.gub.uy).

La amplia distribución circumpolar del bacalao de profundidad y su extensión hacia la zona ecuatorial a través de la plataforma y talud continental de Sudamérica, presenta interrogantes sobre la estructura poblacional de la especie o el grado de separación entre sus componentes (CCAMLR 1995, Evseenko et al., 1995); existiendo consenso en que el conocimiento de la distribución poblacional es vital para una administración efectiva y sustentabilidad de la pesquería. Entre las aproximaciones utilizadas para abordar la problemática del aislamiento entre las distintas fracciones poblaciones de bacalao de profundidad sujetas a explotación, se cuentan: marcadores genéticos (Reilly & Ward, 1999; Smith & McVeagh, 2000; Smith et al., 2001; Appleyard et al., 2002; Rogers et al., 2006), análisis químico de otolitos (Kalish & Timmis, 2000 fide Appleyard et al., 2002; Ashford et al., 2005), marcaje-recaptura (Williams et al., 2002 fide Ashford et al., 2005), y parásitos (Brickle et al., 2005), todos los cuales presentan distintos niveles de resolución.

En términos generales, el análisis de la estructura poblacional mediante marcadores genéticos (e.g. aloenzimas, microsatélites, mtADN), señala la existencia de moderados niveles de heterogeneidad entre bacalaos de profundidad capturados en distintas áreas geográficas en torno al Océano Austral; mientras que los resultados sobre algún grado de diferenciación génica al interior de una misma área geográfica son aún contradictorios (Smith & McVeagh, 2000; Appleyard et al., 2002). Sin embargo, la diferenciación genética encontrada no obedecería a una correlación simple con la distancia entre distintas áreas geográficas, tal como se ha observado en otras especies marinas, sino que en este caso la presencia de frentes oceánicos como los producidos por la Convergencia Antártica, actuarían como barreras físicas que impedirían el flujo génico entre las poblaciones de bacalao de profundidad ubicadas por dentro y fuera de la Convergencia Antártica (Rogers et al., 2006). Aún cuando la mayoría de los estudios señalan la necesidad de realizar comparaciones entre distintas áreas geográficas con un mayor tamaño muestreal (sobre 50 individuos por localidad), los resultados hasta ahora encontrados señalan la existencia de a lo menos 4 unidades poblacionales: a) una unidad poblacional patagónica, centrada principalmente alrededor de las islas Malvinas; b) la unidad poblacional de South Georgia/Shag Rocks; c) la unidad poblacional de islas Heard/McDonald; d) y la unidad poblacional de Islas Macquarie.

Las condiciones o factores que favorecerían este aislamiento genético estarían dados por las grandes distancias geográficas entre los hábitats adecuados para la especie, las zonas de aguas profundas que actuarían como barrera para la migración demersal de los adultos, la presencia del Frente Polar Antártico la cual actuaría como barrera hidrográfica a la dispersión larval, o una combinación entre estos factores (Shaw et al., 2004).

En el caso de la batimetría submarina de Sudamérica existe continuidad en la plataforma continental del Pacífico Sudeste y Atlántico Sudoccidental, al igual que en los veriles de profundidad de hasta 2000 m (Fig. 4), de tal forma que a diferencia de lo observado alrededor de las islas subantárticas, no se está en presencia de barreras geográficas que interrumpan el área donde habita el bacalao de profundidad. Desde el punto de vista hidrográfico frente a la costa oeste de Sudamérica, la Corriente de Deriva del Oeste (CDO) ocupa los primeros 300 metros de la columna de agua y se aproxima desde el oeste/nor-oeste hacia el continente sudamericano entre los 35º y 48ºS centrándose alrededor de los 42ºS (Nuñez, 1996; Leth & Shaffer, 2001). La CDO se bifurca a una distancia de 30 millas de la costa (Figueroa & Dávila, 2000) originando dos grandes ramas: una que fluye en dirección al sur hacia el Paso de Drake y se denomina Corriente del Cabo de Hornos (CCH), y otra que fluye hacia el norte a lo largo de la costa del continente sudamericano, conocida como la Corriente Chile-Perú (CCP; Reid, 1965; Silva & Neshyba, 1977; Reid, 1997; Fig. 5). Bajo la CCP viaja en sentido contrario a la contracorriente subsuperficial Perú-Chile compuesta por Aguas Ecuatoriales Subsuperficiales, caracterizada por su bajo contenido de oxígeno (<1ml/l), y de influencia hasta los 42°S y 400 m de profundidad (http://www.CONA.cl). Las mayores capturas de bacalao de profundidad por parte de la flota artesanal e industrial chilenas al norte y sur

del paralelo 47°LS se registran entre los 1.000 y 1.500 m de profundidad (Subpesca, 2006), y entre los 1000 y 2000 m (Young et al., 1996), respectivamente. En este rango batimétrico se encuentran la Masa de Agua Intermedia Antártica y la Masa de Agua Profunda del Pacífico, donde la primera se asocia con el hábitat característico de la especie frente a la costa de Chile (Subpesca, 2006).

Dado los antecedentes anteriormente expuestos, pareciera no existir barreras geográficas o hidrográficas naturales que impidan el flujo génico, ya sea a través de la migración de individuos y/o la dispersión de estados larvales/juveniles, en la población de bacalao de profundidad distribuido a lo largo del talud continental de Chile. Por lo tanto, resulta válido suponer que en esta área geográfica existe homogeneidad genética y una sola unidad poblacional. Al respecto, Galleguillos & Astete (2003) mediante el análisis de 10 sistemas enzimáticos en muestras de bacalao de profundidad provenientes de zonas extractivas de flotas artesanales con puerto en Lebu (VIII Región), Valdivia y Quellón (X Región), e industrial en la localidad Puerto Williams (XII Región), señalan altos niveles de semejanza entre todas las localidades, concluyendo que existiría flujo génico entre las distintas poblaciones consideradas. Además, este estudio corroboró los resultados obtenidos por Oyarzún & Galleguillos (1996), al encontrar los sistemas polimórficos de proteínas: MDH-1, IDH-1, PGM-1, AP-1, PGI-1 y PGI-2.

En este contexto y para la contrastación de la hipótesis de continuidad genética de las poblaciones de bacalao de profundidad en la costa chilena, el diseño de muestreo planteado esta basado en la amplia experiencia del sector pesquero industrial y artesanal respecto a las zonas de capturas de este recurso, así como de sus mayores abundancias (Fig. 6).

Las zonas de muestreo (Fig.7) cubren la distribución del recurso en la costa sudamericana por el Pacífico desde Perú pasando por la costa chilena, especialmente aquellas áreas donde se encuentran los mayores desembarques, incluyendo muestras del Atlántico sur desde Islas Malvinas e Islas Georgia del Sur, comprometiendo un total de 420 muestras a analizar. El número de muestras por zona se justifica en el objetivo específico 4.2. Se destaca que el grupo de trabajo disponía de muestras de *D. eleginoides,* debidamente conservadas para análisis genético desde el Proyecto FIP Nº 2001-17. "Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad" y 2001-16 "Monitoreo de la pesquería artesanal de Bacalao de Profundidad entre la VIII y XI regiones". Las áreas geográficas de las cuales se contaba con muestras son: Lebu, Valdivia, Quellón y Puerto Williams. En total el grupo de trabajo disponía con 261 ejemplares.

El proceso de obtención de muestras estuvo a cargo de instituciones que realizan muestreos rutinarios del recurso, quedando organizado de la siguiente manera: en el sector sur austral (incluyendo muestras del Atlántico, Islas Malvinas e Islas Georgias), la Universidad Austral de Chile/Centro Trapananda, sector sur, centro y norte el Instituto de Fomento Pesquero (IFOP), con el apoyo del IMARPE (Instituto del Mar del Perú).

4.2 OBJETIVO ESPECIFICO.

Caracterizar genéticamente las poblaciones sometidas a pesquerías diferentes en Chile, es decir la pesquería Industrial al sur del paralelo 47°S y artesanales al norte de dicho paralelo, en localidades establecidas en el objetivo específico primero.

Durante los últimos años ha existido un creciente desarrollo de las técnicas moleculares, lo cual ha facilitado el uso de la molécula de ADN como una herramienta de gran potencialidad y resolución en taxonomía, filogenia y análisis poblacional en recursos acuáticos. Las características moleculares son una medida directa de los cambios en el genotipo de un individuo (Montoya *et al.*, 1996), por lo cual hoy en día se utilizan marcadores moleculares que miden en forma directa o indirecta la variación genética de poblaciones y su grado de estructuración (Appleyard et al., 2002; Appleyard et al., 2004; Rogers et al., 2006; Shaw et al., 2004; Smith & McVeagh, 2000).

En este contexto un requisito primario para la evaluación de las poblaciones de recursos marinos y el manejo de sus pesquerías es la identificación de él o los stocks sobre los cuales se está ejerciendo la acción pesquera; ya que el stock es la unidad básica sobre la cual deben sostenerse las evaluaciones y las medidas de ordenamiento (Tyler, 1988). El objetivo de identificar los stocks de peces es entender la dinámica de su diferenciación espacial y temporal, y aplicar estos conceptos en la conservación y manejo de las especies (Winans, 1987), existiendo varias acepciones del concepto de stock, dependiendo si se consideran aspectos ecológicos, pesqueros o genéticos. Bajo este último criterio se puede diferenciar un stock puro o discreto, es decir, una población que evolucionó independientemente de otras y que por lo tanto pueden acumular diferencias genéticas y mantenerlas en el tiempo bajo ciertas condiciones, como por ejemplo, cuando el flujo génico es muy bajo o nulo, dado las grandes distribuciones geográficas, la fuerte dependencia de factores ambientales y la presencia de barreras que restringen el libre movimiento de los individuos, evitando la panmixia total entre los ejemplares de una misma especie, teniendo como resultado que una especie este formada por numerosas poblaciones panmícticas o demos (Spanakis *et al.*, 1989).

En el presente estudio se considera el concepto de stock puro o discreto, dado que las técnicas de análisis de ADN requieren que exista algún grado de microevolución divergente entre las poblaciones en estudio.

La aplicación de análisis genéticos pueden ser un paso muy importante en estudios poblaciones de cualquier especie; dado que el desconocimiento de la estructura poblacional de un recurso puede jugar un importante papel en el colapso de las pesquerías, pues las diferencias en las historias de vida de las subpoblaciones frecuentemente propician una sobrestimación del tamaño de las unidades pesqueras o stock y la consecuente sobrepesca (Allendorf *et al.*, 1987 *fide* Uribe, 1996).

Las diferencias genéticas observadas en las poblaciones pueden proporcionar un marco de referencia útil para la ratificación o rectificación de los resultados de los estudios morfométricos y merísticos frecuentemente utilizados para el conocimiento de la estructura de las poblaciones de peces, ya que se ha detectado variabilidad de origen ambiental en las características estimadas mediante estos estudios (Cortés *et al.*, 1996; Galleguillos *et al.*, 1997; Hedgecock *et al.*, 1989; Hernández, 1994). Por ello, la realización de variados estudios moleculares para el análisis de la estructura poblacional de diversas especies de peces (Bembo *et al.*, 1995; Gonzáles *et al.*, 1996; Píndaro *et al.*, 1999; Smith *et al.*, 1989) ha sido abundante, debido a la relevancia de los datos que generan.

Dada la necesidad de disponer de información necesaria básica para llevar a cabo un buen plan de manejo de la pesquería del recurso Bacalao de profundidad en nuestro país, se propone llevar a cabo una clara identificación de la o las unidades poblacionales de esta especie presente en la zona de estudio, utilizando técnicas avanzadas de genética molecular que apuntan a un estudio a nivel del ADN mitocondrial y nuclear.

4.2.1. Técnicas de análisis genético

Las técnicas genéticas más modernas se centran en el análisis molecular de la variabilidad del ADN. Este análisis se lleva a cabo mediante la identificación de "marcadores moleculares", correspondiendo estos a cualquier fenotipo molecular que sea producto de la expresión de un gen o de segmentos específicos del ADN, que pueden ser regiones expresadas o no del genoma (Becerra & Paredes, 1999; Ferreira & Grattapaglia, 1989).

Existen variadas clasificaciones de los marcadores moleculares, sin embargo adoptaremos el criterio de la metodología utilizada para detectar polimorfismo. Desde este punto de vista podemos clasificar a los marcadores moleculares en:

1. Basados en polimorfismos de fragmentos de restricción: RFLP.
2. Basados en la reacción en cadena de la polimerasa: PCR.
   2.1 Fragmentos polimórficos de ADN amplificado al azar: RAPD.
   2.2 Fragmentos de restricción polimórficos de ADN amplificados: AFLP.
   2.3 Minisatélites (VNTR) y Microsatélites (SSR).
   2.4 Secuenciación de segmentos de ADN

Desde la invención de la PCR por Mullis y Faloona en 1987 (Mullis, 1990), se han desarrollado una serie de modificaciones basadas en esta técnica. El principio de la PCR se encuentra en la amplificación de secuencias específicas de ADN usando oligonucleótidos que flanquean la región, en presencia de desoxinucleótidos trifosfatos precursores (dNTPs), ión magnesio Mg+2 y Taq ADN polimerasa. Esta reacción es sometida a diferentes condiciones cíclicas de temperatura, lo que permite la

amplificación in vitro de ADN a partir de una hebra molde. Estos productos son polimórficos cuando se ha producido una pérdida, inserción o cambio en un o varios nucleótidos en los sitios de acoplamiento de los partidores (Atlas & Bej, 1994).

Se han escogido para el análisis poblacional de la especie regiones del ADN nuclear (microsatélites) y mitocondrial (DLoop y ND2), pues poseen características de polimorfismo genético distintas que pueden ayudar en el cumplimiento del objetivo.

Entre las secuencias altamente repetitivas del ADN nuclear se encuentran los microsatélites, regiones no codificantes (con algunas excepciones), que contienen motivos básicos de repetición de 1 a 6 nucleótidos de largo, organizados en bloques de hasta 50 repeticiones en serie, ampliamente distribuidos en el genoma, encontrando una región microsatélite cada 10Kb, siendo además altamente polimórficos, por lo cual son utilizados como marcadores moleculares de herencia mendeliana codominante en el análisis poblacional (Litt & Luty, 1989); estas regiones de ADN presentan la particularidad de que el número de repeticiones de los motivos básicos que la constituyen es muy variable, con una tasa de mutación estimada de $2.5x10^{-5}$ a 10^{-2} mutaciones por generación en poblaciones naturales. La forma más sencilla de analizar la variación de las regiones microsatélites es recurrir a la PCR, sintetizando cebadores complementarios a las regiones flanqueantes del bloque microsatélite, las diferencias en el número de repeticiones del motivo básico se amplificarán y visualizarán como fragmentos de ADN de diferente longitud. Dado la mínimas diferencias que se pueden encontrar en el tamaño de un alelo y otro en un mismo individuo (e.g alelo A de 122pb/alelo B de 124pb), una vez amplificados por PCR, es necesario visualizar los productos en geles de secuenciación (en poliacrilamida o capilar), para obtener la mayor resolución e información de estos marcadores moleculares. Obtenidos los patrones de secuenciación, cada una de las regiones microsatélites constituyen un locus génico y los diferentes tamaños de bandas o peaks que se pueden amplificar constituyen los diversos alelos de ese locus.

A pesar de la gran importancia y utilidad de los microsatélites como marcadores moleculares para estudios de paternidad, sistemática y análisis de estructura genética poblacional, entre otros (Jarne y Lagoda, 1996; Goldstein & Pollock, 1997; Goldstein & Schlotterer, 1999) el uso de dichos marcadores moleculares en teleósteos es relativamente escaso, en comparación con otras categorías taxonómicas. Reilly & Ward en 1999, reportan el aislamiento y caracterización de 5 loci microsatélites en *D. eleginoides*, los cuales han sido utilizados junto a 3 loci microsatélites no específicos (Smith & Moon no publicado) en varios estudios poblacionales de la pesquería de este recurso en aguas australes del océano Indico, Pacífico y Atlántico (Appleyard et al., 2002; Appleyard et al., 2004; Rogers et al., 2006; Shaw et al., 2004; Smith & McVeagh, 2000).

En el caso del mtADN, una de las moléculas hereditarias más estudiadas dentro del genoma animal en los últimos años, se trata por lo general de una molécula circular de

15.000 a 20.000 pares de bases, de doble hebra que se encuentra en las mitocondrias. Los genes mitocondriales tienen la ventaja de no ser recombinados durante el proceso de meiosis (haploide) y presentan altas frecuencias de mutaciones puntuales, especialmente en las regiones no codificantes, de modo que esos cambios pueden ser medidos en cortos períodos de tiempo, y aunque comprende menos del 1% del total del genoma en cada célula, presenta características muy importantes por las cuales se elige para estudios moleculares, entre ellas su alta tasa de evolución con mayor deriva génica. El mtADN se hereda citoplasmáticamente, traspasándose generalmente a través de las hembras, no presentando intrones, proveyendo así una alta variedad de marcadores moleculares, útiles en problemas de filogenia, evolución, estructura poblacional, etc. El genoma mitocondrial contiene en promedio 37 genes, que codifican variadas proteínas, entre ellas el complejo respiratorio Citocromo B, Citocromo Oxidasa I y NADH dehidrogenasa, además de ARN ribosomal, ARN de transferencia y la región DLoop; esta última de aproximadamente 1200 pb contiene el origen de la replicación del mtADN, siendo altamente variable.

Variados estudios a nivel del mtADN se han llevado a cabo en áreas de pesquerías del recurso ubicadas en el océano austral (Appleyard et al., 2002; Appleyard et al., 2004; Rogers et al., 2006; Shaw et al., 2004; Smith & McVeagh, 2000). En los cuales se han analizado mediante PCR-RFLP segmentos de mtADN correspondiente a la región control DLoop, la subunidad 2 del complejo respiratorio NADH dehidrogenasa y secuencias parciales del gen ribosomal 12S. Los resultados obtenidos con mtADN son más categóricos al momento de establecer diferencias genéticas entre zonas geográficas analizadas en comparación con los marcadores nucleares.

El presente estudio utiliza técnicas de PCR y secuenciación para analizar regiones microsatélites del ADN nuclear, y las regiones DLoop y ND2 del mtADN en la especie *D. eleginoides*.

4.2.2. Zonas de estudio y tamaño de la muestra

En relación con el cumplimiento del objetivo, el grupo de trabajo disponía de muestras de *D. eleginoides,* debidamente conservadas para análisis genético (Proyecto FIP Nº 2001-17. 2003. "Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad" y 2001-16 "Monitoreo de la pesquería artesanal de Bacalao de Profundidad entre la VIII y XI regiones"), de las siguientes áreas geográficas:

Valdivia: 47 ejemplares
Puerto Williams: 71
Lebu: 46
Quellón: 97
En total se disponía de 261 ejemplares.

Durante la realización de este proyecto se propuso analizar un total de 420 muestras, incluyendo las muestras ya disponibles del *D. eleginoides*, más muestras provenientes desde otras localidades, resultando el siguiente esquema de muestreo:

Zona Pesquería Perú: 70 ejemplares.
Zona Norte de Chile (Arica – Chañaral): 70 ejemplares.
Zona Central de Chile (Valparaíso – Lebu): 70 ejemplares.
Zona Centro - Sur de Chile (Valdivia- Quellón): 70 ejemplares.
Zona Sur Austral de Chile (Puerto Williams–Islas Diego Ramírez): 70 ejemplares.
Zona Atlántico Sur: 70 ejemplares.

El tamaño de la muestra para el análisis de estructura poblacional, se justifica bajo las frecuencias génicas o alélicas más comunes presentes en poblaciones de peces marinos, que bordean entre los 0.95 y 0.55, para lo cual el tamaño de muestra fluctúa entre los 50 y 132 individuos por población respectivamente. Esto nos permite trabajar en los análisis estadísticos posteriores con un α de 0.05 y un β de 0.1 (Richardson *et al,* 1986).

4.2.3. Muestreo para análisis de ADN

Las muestras colectadas fueron procesadas en el Laboratorio de Genética y Acuicultura de la Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas de la Universidad de Concepción.

De cada muestra se disectó un trozo de tejido muscular, el cual se preservó en alcohol absoluto y mantenido a 4°C, hasta su utilización.

A continuación se presentan las indicaciones que fueron entregadas a los muestreadores para asegurar una buena toma de muestras con fines genéticos.

4.2.4. Protocolo Muestreo para Análisis de ADN

Disectar de cada ejemplar un trozo de tejido de 1x1x1 cm, el trozo disectado debe depositarse en un tubo de transporte de 10 ml (o 1.5 ml) que contenga Alcohol Etílico Puro (96%) para análisis (NO técnico), o al 70% para transportar (luego para almacenar en etanol 96%) enrasar el tubo a 9 ml antes de agregar la muestra.

La relación volumen muestra/volumen alcohol en el tubo es de 1:9.

El tejido debe quedar flotando en el tubo, para este fin si es necesario, seccionar en pequeños trozos el tejido muestreado.

Para la disección del tejido se debe usar un bisturí nuevo y/o estéril para cada animal, (esto evita la contaminación cruzada entre individuos que puede llevar a errores en los resultados). Para este efecto cambiar la hoja del bisturí entre ejemplar y/o bien flamear en alcohol la hoja del bisturí (en última instancia limpiar con agua los restos de tejido del bisturí antes de muestrear otro ejemplar). Las Pinzas a utilizar deben ser lisas (pinzas con dientes pueden retener tejido entre ellos, de muestra en muestra, lo que podría contaminarlas).

Luego de depositar el tejido en el tubo de transporte, colocar en su interior un trozo de papel diamante con el código de la muestra escrito con lápiz mina (si es necesario), NO utilizar lápiz pasta o de otra material (el alcohol se encarga de borrar el rotulo además de contaminar la muestra con colorantes).

Para finalizar, cerrar el tubo y sellar con un trozo de parafilm.

4.2.5. Extracción de ADN

Se procedió a realizar el aislamiento del ADN nuclear y mitocondrial mediante el protocolo con detergente catiónico SDS descrito para peces (Grijalva-Chon *et al.,* 1994).

A continuación se describe el método de extracción de ADN:

Para la extracción del ADN de las muestras se disectó entre 50 a 100 mg de musculatura esquelética que se homogenizó con 500 ul de buffer STE (10 mM Tris.HCl, pH= 8.0, 10 mM NaCl y 50 mM EDTA). Las membranas celulares fueron lisadas con 25 ul de SDS al 20% digiriendo las proteínas con 50 ul de Proteinasa K (10 mg/ml). La mezcla se incubó a 37°C por toda la noche. Posteriormente se realizó la extracción de material orgánico agregando un volumen de 600 ul, de una mezcla de Fenol Saturado: Cloroformo: Alcohol Isoamílico (25:24:1), se agitó por un minuto y luego se centrifugó a 12.000 rpm durante 10 minutos; luego de recuperar la fase acuosa, se realizó una segunda extracción añadiendo 600 ul de solución Sevac ($CHCl^3$: AIA; 24:1), y centrifugando las muestras por 10 minutos a 12.000 rpm. Para la precipitación

de los ácidos nucleicos se agregó 2 volúmenes de etanol absoluto, previamente enfriado a –20°C, se agitó por inversión y se dejó a -20°C por 1 hora. Se centrifugó nuevamente a 12.000 rpm por 10 minutos, se eliminó el sobrenadante y se lavó el pellet con 700 ul de etanol al 70% frío, centrifugando por 5 minutos a 12.000 rpm. Finalmente el pellet se secó al aire durante una hora (o en estufa por 15 minutos a 40°C); para disolver el pellet se agregó 100 ul de agua ultra pura para PCR marca GIBCO. No se utilizó buffer TE para disolver el pellet, ya que las sales que contiene puede inhibir las reacciones de PCR y/o secuenciación.

Dado que las reacciones de PCR y secuenciación necesitan altos grados de estandarización, los extractos de ADN de cada muestra fueron caracterizados en tamaño, presencia de ADN de alto o bajo peso molecular, así como también presencia de impurezas como pigmentos, restos de compuestos de la extracción, como fenol y EDTA, que actúa como inhibidores de la PCR al capturar el magnesio que actúa como cofactor de esta enzima.

Para verificar el tamaño del ADN genómico extraído de cada ejemplar, se cargaron 10 µl de los extractos en geles de agarosa al 1% en tampón TBE 0,5X, corridos a 80 V por 30 minutos, y teñidos con bromuro de etidio 5ug/µl. El tamaño del ADN extraído fue comparado con el marcador de peso (MP) molecular 12.000 Kb de Gibco (Fig.8).

En el caso del análisis de la calidad del ADN extraído, cada muestra fue diluida (10/1000) y leída su absorbancia en un Biofotometro Eppendorf, las lecturas de absorbancia fueron registradas, según lo indicado por Sambrook & Russel., 2001, a los 230nm (absorben impurezas como hidratos de carbono, pépticos, combinaciones aromáticas, etc), 260 nm (absorben bases nitrogenadas), 280 nm (absorben proteína y fenol) y 320 nm (absorben turbidez). Posteriormente cálculos de los cuocientes de absorbancia 260nm/230nm (valor ideal > 2) y 260nm/280nm (< 2) se utilizaron como indicadores de la calidad de la muestra para los análisis de PCR, en el caso de la absorbancia a 320nm esta es un indicador de la turbidez del extracto y su valor óptimo es de cero.

4.2.6. Amplificación por PCR de los genes mitocondriales DLoop y ND2 de *D. eleginoides*

Luego de la obtención del ADN genómico de buena calidad y libre de contaminantes se realizó la amplificación por PCR de los segmentos D-loop y ND2 del mtADN. Para la amplificación de estos genes se ensayó con partidores especie-específicos y universales (Tabla I) hasta obtener las mejores amplificaciones, que mostraran nitidez, presencia y reproducibilidad. Los pasos generales de la técnica PCR se encuentran descritos en Atlas & Bej (1994).

Las condiciones estándares de PCR se realizaron en un volumen total de 25 µl conteniendo 1Unidad de Taq ADN polimerasa, 0.1 mM de cada dNTPs, 0.2 µM de cada partidor, tampón para PCR 10X, $MgCl^2$ 1.5 mM y 20ng de ADN templado.

Las amplificaciones se llevaron a cabo en un termociclador MjResearch modelo PTC100 y PTC200 con un programa básico de temperatura que consta de un ciclo inicial de 5 minutos a 95°C, 1 minuto a 48°C, y 1 minuto a 72°C, seguido por 30 ciclos de amplificación (desnaturalización a 95°C por 30 segundos, annealing a 54°C por 1 minuto, extensión a 72°C por 1 minuto) y un ciclo de extensión de 5 minutos a 72°C.

En un análisis preliminar, se ensayó el efecto de las variaciones en la concentración de Mg2+, número de ciclos del programa utilizado para la amplificación y temperatura de unión de los partidores, con el objeto de establecer las condiciones óptimas de amplificación de ambos genes.

Los fragmentos resultantes de la PCR de ambos genes se separaron por electroforesis en gel de agarosa al 1%, sumergido en tampón TBE 0.5X (conteniendo tinción con bromuro de etidio). A 10 µl del amplicón se le agregó 1 µl de solución de siembra (Púrpura de bromocresol). La corrida electroforética se realizó a 60 Voltios durante 30 minutos. Posteriormente los geles fueron visualizados bajo luz ultravioleta y fotografiados, se incluyó en el gel un marcador de peso molecular para determinar el tamaño de los fragmentos obtenidos (e.g Ladder 100pb, Invitrogen). Controles negativos (reacciones que no contengan ADN) fueron incluidos para detectar posibles errores por contaminación cruzada.

4.2.7. Secuenciación de los genes DLoop y ND2 del ADN mitocondrial

Luego de la estandarización de la técnica de amplificación de los genes DLoop y ND2 se procedío a su secuenciación. Cabe destacar que a diferencia de los estudios realizados anteriormente en *D. eleginoides*, en donde se trabajó con PCR-RFLP; en el caso del DLoop con la enzima Bst N1 y el ND2 digerido con Nla III (Appleyard et al., 2002; Appleyard et al., 2004; Shaw et al., 2004)., en este estudio se propuso secuenciar directamente ambos genes, disponiendo así de mayor información genética de posibles sitios polimórficos, generando una gran variedad de marcadores moleculares útiles para los fines del estudio.

La secuencia nucleotídica de cada gen fue determinada con un equipo ABI Prism 3730 de terminadores fluorescentes Big DyeTM (Applied Biosystems) en electroforesis por capilar.

4.2.8. Amplificación por PCR de loci microsatélites en *Dissostichus eleginoides*

Luego de la obtención del ADN genómico de buena calidad y libre de contaminantes se realizó la amplificación por PCR de 6 loci microsatélites (Tabla II) ya estandarizados en *D. eleginoides (*Reilly & Ward, 1999*)*, bajo el protocolo descrito por Appleyard et al., (2002) con modificaciones.

Básicamente el volumen de PCR se realizó en 25 µl de reacción; conteniendo 67mM Tris-HCl, pH 8.8, 16.6mM (NH4)2SO4, 0.45% Triton X-100, 0.2 mg mL-1 BSA, 1.5 a 2.5mM $MgCl^2$, 0.4µM primer forward y 0.2µM primer reverse, ambos primers marcados con fluorescencia en su extremo 5', lo que permite su detección automática en el secuenciador, 200µM dNTPs, 0.5 unidades de Taq DNA polimerasa, y 20 a 30 ng de DNA genómico templado. La denaturación se realizó durante 3 minutos a 95°C, seguida de 35 ciclos de amplificación (30 seg. a 96°C; 30 segundos de temperatura de annealing) y 1 minuto de extensión a 72°C, con un paso final prolongado por 20 minutos a 72°C (Termociclador MjResearch PTC100 y PTC200). Detalles de las secuencias de primers y las condiciones de amplificación se indican en la Tabla II. Se utilizarón controles negativos en cada PCR, con el fin de detectar contaminación.

Del producto amplificado por PCR (alelos de los microsatélites), 2ul fueron mezclados con 10ul de formamida, y 0.2ul del estándar de peso LIZ500. Posteriormente la mezcla fue denaturada incubando a 95°C por 2 minutos y cargada en el secuenciador ABI 3730 de Applied Biosystems. La carga de las muestras se llevó a cabo en capilares de 50 cm sobre el polímero POP4, con 10 segundos como tiempo de inyección, voltaje de 12V y con un tiempo de corrida de 45 minutos.

Para el análisis de los fragmentos y determinación de los genotipos microsatélites obtenidos se utilizaran los softwares GeneScan y Genotyper v3.7 de Applied

Biosystems, los cuales detectan directamente desde el secuenciador los peaks de fluorescencia de los alelos de cada loci en estudio (tamaño de alelos).

Una vez determinadas las frecuencias alélicas y genotípicas de cada marcador molecular en las muestras geográficas bajo estudio se procederá a realizar las comparaciones dentro y entre las áreas, para de esta forma determinar la estructura poblacional de la especie, a través del análisis estadístico que se indica para tal efecto.

4.2.9. Análisis estadísticos de los datos

Una vez identificados los genotipos de cada gen e individuo muestreado de la especie, se procedío al análisis estadístico de los datos. Con este fin los genotipos de los loci DLoop, ND2 y Microsatélites, serán adecuadamente clasificados.

4.2.10. Análisis estadístico del DLoop y ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*

Las secuencias obtenidas de los segmentos DLoop y ND2 fueron chequeadas con secuencias disponibles en GenBank mediante el algoritmo BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), para posteriormente ser editadas y organizadas utilizando el programa BioEdit 5.0.6 (Hall, 1999) y SEQUENCHER v4 (Gene Codes Corporation).

A partir de las secuencias de cada segmento de ADN se estimaron los parámetros genéticos poblacionales básicos, como el número de haplotipos por gen y localidad, el índice de diversidad haplotípica y nucleotídica mediante el programa DNAsp (Rozas et al., 2003).

Se realizó un análisis genealógico para evaluar la divergencia entre las poblaciones en estudio mediante dos aproximaciones:

1) Un análisis Filogenético fue realizado bajo una aproximación Bayesiana con Cadenas de Markov y Carlo (BMCMC) para estimar la probabilidad *a posteriori* de los árboles filogenéticos (e.g. Huelsenbeck et al., 2001; Pagel & Meade, 2004). El procedimiento MCMC asegura que los árboles fueron muestreados en proporción con su probabilidad de ocurrencia bajo el modelo de evolución de secuencias nucleotídicas seleccionado (ver párrafo siguiente). Usando éste procedimiento se genero 4.000.000 árboles filogenéticos, muestreando cada mil árboles para impedir la no independencia de las muestras sucesivas. Para evitar incluir los árboles que se pudieron haber muestreado antes de la convergencia de la cadena de Markov, se grafico la verosimilitud de los árboles a través de las cadenas, descartando todos los árboles previo a la convergencia (los primeros 670 árboles para ND2, y los primeros 1.150 árboles para DLoop).

El modelo de evolución de secuencias que mejor explico los datos fue determinado usando el modelo general mixto de múltiples matrices (MM) basado en verosimilitud de Pagel & Meade (2004), el cual se uso para estimar la probabilidad *a posteriori* de los árboles filogenéticos en la aproximación de BMCMC. Si bien el modelo mixto MM ésta construido en base al modelo general de tiempo-reversible de evolución de secuencia genéticas (GTR: ver Rodríguez et al., 1990), presenta notables ventajas con respecto al GTR simple, como permitir análisis basados en genes sometidos a selección natural en diferentes partes del alineamiento. Puesto que este modelo mixto MM se ajusta a los casos en los cuales diversos sitios en la alineación evolucionan de maneras cualitativamente distintas, no requiere el conocimiento previo de este proceso o la partición de los datos. Este análisis con MM fue efectuado usando el programa BayesPhylogenies disponible en la dirección de Internet http://www.evolution.reading.ac.uk/BayesPhy.html o por petición al Dr. Mark Pagel (m.pagel@rdg.ac.uk). En éste programa se determino la verosimilitud de los árboles usando primero una matriz simple GTR, luego una matriz GTR más tasa de heterogeneidad con distribución gamma (1GTR+G), y prosiguiendo con 2 matrices GTR+G hasta 5 GTR+G. Para los análisis posteriores sólo se uso la combinación de matrices con menor número de parámetros que aumento significativamente la verosimilitud, utilizando pruebas de ANOVA de un vía para datos equilibrados en el programa STATISTICA 6 (StatSoft, Inc. 2001, Tulsa, OK, USA), y la prueba a posteriori de Tukey (Zar, 1996).

Las probabilidades *a posteriori* fueron evaluadas como la proporción en que una topología particular de los árboles en la zona de convergencia fue observada, para lo cual se determino un árbol de consenso de la mayoría (Majority - Rule). Finalmente, para evaluar la existencia de los grupos poblacionales nosotros construimos un árbol de consenso de red según Holanda et al. (2004) en el programa SplitsTree-4 (Hudson y Bryant, 2006), con un 95% de límite de confianza.

2) Para la construcción de relaciones de haplotipos se utilizo el enfoque de red (Posada y Crandall, 2001). Previo a este análisis comparamos las localidades en cuanto a los haplotipos presentes, para esto usamos el índice de similitud de Bray-Curtis (Bray & Curtis, 1957) basado en los registros de frecuencia de haplotipos, y luego sobre esta matriz de similitudes se construyó un cladograma basado en la aproximación del vecino más próximo (i.e. Neighbor Joining: NJ) (Nei & Kumar, 2000). La consistencia de nodos del árbol fue estimada por la técnica de bootstrapping no-paramétrica (Felsenstein, 1985) con 10.000 pseudoreplicas.

Específicamente, para evaluar las relaciones entre haplotipos, usamos la aproximación Median Joining (MJ) (Bandelt et al., 1999) para identificar grupos de haplotipos cercanamente emparentados utilizando el programa NETWORK 4.1.0.9 (Bandelt et al., 1999), basado en los parámetros predefinidos. Esta aproximación se considera adecuada para casos en los cuales los haplotipos de los nodos internos aun no están muestreados (Cassens *et al.*, 2005). Además, utilizamos el programa de TCS versión

1.21, implementado por Clemente et al., (2000) para usar parsimonia estadística en la determinación de la red de haplotipos (ver Templeton *et al.*, 1992).

Análisis demográfico: La historia demográfica fue inferida utilizando la distribución mismatch (i.e. distribución de frecuencia de las diferencias pareadas entre todos los haplotipos en una muestra) analizada en el programa DNAsp (Rozas et al., 2003). En esta aproximación, las poblaciones que han experimentado una expansión rápida en el pasado reciente muestran una distribución unimodal, mientras las poblaciones en equilibrio demográfico muestran distribuciones multimodales (Rogers y Harpending, 1992). Por lo tanto, el análisis de la distribución mismatch, bajo el supuesto de neutralidad selectiva, también puede ser utilizado para evaluar los posibles acontecimientos históricos de crecimiento demográfico y descenso (Rogers y Harpending, 1992; Rogers, 1995). Las distribuciones teóricas bajo los modelos de tamaño poblacional constante y de expansión rápida fueron comparadas con los datos observados. Mientras que con el primer modelo se espera que la población sea estable en el tiempo, con el segundo modelo, la población original que estuvo en equilibrio (θ_0) τ generaciones atrás, rápidamente se expande alcanzando un nuevo tamaño (θ_1). Los Parámetros demográficos τ (Li, 1977) y θ_0 fueron estimados de los datos asumiendo θ_1 como infinito (Rogers, 1995).

4.2.11. Análisis estadístico de loci microsatélites en *D. eleginoides*

El análisis estadístico de los genotipos de loci microsatélites se llevó a cabo utilizando los programas CONVERT (Glaubitz, 2004), Arlequín 2.0 (Schneider *et al.*, 2000), GENEPOP v.3.1 (Raymond & Rousset, 1995), Fstat (Goudet, 2002), P.C.A-Gen (Goudet, 2002), y Micro-Checker v2.2.3 (Oosterhout et al., 2004).

Se estimaron las frecuencias alélicas y genotípicas de los 6 loci en estudio, por conteo directo de los heterocigotos y homocigotos. Como una herramienta para determinar la presencia de alelos nulos y errores en el genotipado, se utilizó el algoritmo implementado en el programa Micro-Checker v2.2.3 (Oosterhout *et al.*, 2004).

Posterior a la determinación de alelos nulos se determino el grado de ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg de cada loci y población según el test de cadena de Markov implementado en GENEPOP v.3.1, así como la Heterocigosidad observada y esperada.

Como una medida de diferenciación poblacional se calculó el Índice de Fijación de Wright (1978) Fst (Hartl, 1980; Hartl & Clark, 2007), el cual está basado en un modelo de alelos infinitos, mediante el método de varianza (= θ) (Weir & Cockerham, 1984), los niveles de significancia fueron testeados de acuerdo a Workman & Niswander (1970) mediante el programa FSTAT (Goudet, 1995) y GENEPOP v.3.1 (Raymond & Rousset, 1995).

El estadístico Rst (Slatkin, 1995), análogo a Fst de Wright, pero que toma en cuenta la tasa de mutación de loci microsatélites asumiendo un modelo step-wise (Kimura & Otha, 1978), y que considera además la varianza del tamaño (en pares de bases) de los alelos, fue estimado como una medida de diferenciación poblacional, utilizando el programa Arlequín 2.0 (Schneider *et al.*, 2000). Este programa mediante permutaciones determina si los valores observados de Rst difieren significativamente de cero.

Mediante un Test Exacto de Diferenciación Poblacional se analizó la distribución de las frecuencias genotípicas en las 11 localidades muestreadas, bajo la hipótesis nula que plantea que "la distribución genotípica es idéntica a través de las poblaciones". Este test se realiza a partir de una tabla de contingencia con una aproximación de cadena de Markov Monte Carlo y se estima un valor de P para determinar la significancia de cada una de las comparaciones sobre todos los loci, a través de un test exacto de Fisher (Raymond & Rousset, 1995).

Para corregir los valores de significancia (*P*) provenientes de múltiples comparaciones realizadas para cada loci y población en estudio, se aplicó el Test de Bonferroni (Sokal & Rohlf, 2001). Esta técnica estadística ajusta el nivel de significancia en relación al número de pruebas estadísticas realizadas simultáneamente sobre el conjunto de datos. El nuevo nivel de significancia ajustado para cada prueba se calcula dividiendo el error global tipo I predeterminado por el experimentador ($\alpha = 0.05$) por el número de pruebas realizadas.

4.3 OBJETIVO ESPECIFICO.

Asociar las características genéticas con todos los otros aspectos poblacionales conocidos en Chile de las poblaciones de Bacalao de profundidad. Lo que implica una revisión de la bibliografía formal y gris (Informes de diferentes entidades de evaluación y manejo).

Búsqueda bibliográfica

Para cumplir con el objetivo específico planteado, de recopilar la información existente sobre aspectos de la dinámica poblacional de bacalao de profundidad, se efectuó una búsqueda en cinco categorías de bases de datos:

1) informes técnicos de los proyectos financiados por el Fondo de Investigación Pesquera (FIP, http://www.fip.cl/) durante los últimos 13 años;

2) informes técnicos ejecutados por el Instituto de Fomento Pesquero (IFOP), y financiados en un tiempo por CORFO y a partir de 1995 por SUBPESCA;

3) publicaciones científicas nacionales y extranjeras de categoría ISI y Scielo, en este caso se utilizó la plataforma proporcionada por la Universidad de Concepción la cual está suscritas a las siguientes fuentes: Proquest, LexisNexis, OCLC FirstSearch, PCI Full Text FISHBASE, SCIENCEDIRECT, SCIRUS, ASFA, SPRINGERLINK, JSTOR, OAIster, SwetWise y Web of Science.

4) publicaciones científicas y reportes técnicos elaborados por la Convención para la Conservación de los Recursos Marinos Vivos Antárticos (CCAMLR).

5) textos de oceanografía general, en este caso, la carencia de antecedentes sobre el ambiente físico donde habita el bacalao de profundidad, provenientes de las anteriores bases de datos, obligó a llevar a cabo una descripción general sobre la oceanografía y batimetría del Océano Austral y cuencas aledañas.

En cada una de las siguientes bases de datos se agrupo y sintetizó la información cubriendo los siguientes aspectos:

1.1. Distribución
-. Zona de distribución
-. Batimetría
-. Distribución espacial de juveniles y adultos
-. Unidades de Stock

1.2. Abundancia

- Índices de Abundancia relativa

1.3. Alimentación
- Espectro trófico

1.4. Parásitos

1.5. Predación
- Principales predadores
- Mortalidad por predación (M2)

1.6. Mortalidad natural (M)
- Mortalidad de estadios tempranos
- Mortalidad de juveniles y adultos

1.7. Mortalidad por pesca (F)

1.8. Reclutamiento
- Relación stock-recluta
- Época y zonas de reclutamiento

1.9. Reproducción
- Tipo de reproducción
- Madurez
- Fecundidad
- Área y época de desove
- Proporción sexual

1.10. Crecimiento
- Tasa de crecimiento de embriones, juveniles y adultos
- Parámetros crecimiento

1.11. Migraciones

2. Geomorfología y Oceanografía
2.1. Geomorfología submarina de Sudamérica
2.2. Principales características del relieve submarino frente a Chile continental
2.3. Corrientes y masas de agua de la zona de la convergencia antártica
2.4. Corrientes y masas de agua alrededor de Sudamérica
2.5. Corrientes y masas de agua alrededor de Chile continental

Análisis e integración de la información

Luego de la búsqueda de información bibliográfica, se procedió a efectuar una síntesis para cada uno de los aspectos anteriormente señalados y una tabla resumen, para cada una de las categorías de bases de datos. El análisis integrado final derivado de la investigación bibliográfica se plasmó en la "Historia de vida del bacalao de profundidad".

5. RESULTADOS

5.1 OBJETIVO ESPECÍFICO 4.1

Establecer un programa de muestreo que cubra las diferentes zonas geográficas de la costa de Chile y eventualmente desde alguna localidad Atlántica y hasta el Perú, en base a características ambientales que hagan sospechar de la existencia de zonas reproductivas diferentes.

Para dar cumplimiento al objetivo 4.1 del presente proyecto se realizó el muestreo de 654 ejemplares de *Dissostichus eleginoides* provenientes desde 11 localidades: 9 localidades del Pacífico Sur, y dos localidades en el Atlántico Sur como se indica en la Fig. 7. Se destaca el hecho de que incluyó un 36% más de muestras de las comprometidas, cubriendo el área de distribución de la especie en América del Sur.

5.2 OBJETIVO ESPECÍFICO 4.2

Caracterizar genéticamente las poblaciones sometidas a pesquerías diferentes en Chile, es decir la pesquería Industrial al sur del paralelo 47°S y artesanales al norte de dicho paralelo, en localidades establecidas en el objetivo específico primero.

5.2.2. Muestreo para el análisis de ADN.

Las muestras recolectadas por el Centro Universitario de la Trapananda y el Instituto de Fomento Pesquero, fueron procesadas en el Laboratorio de Genética y Acuicultura de la Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas de la Universidad de Concepción.

De cada muestra se disectó un trozo de tejido muscular, el cual fue preservado en alcohol absoluto y mantenido a 4° C, hasta el momento de su utilización.

En la mayoría de los casos no fue posible realizar mediciones de peso, talla, sexo y estado de madurez sexual de los ejemplares en estudio ya que el muestreo se realizaba en planta, donde ya se les había realizado el proceso HGT a bordo (sin cabeza y eviscerado). Un muestreo biológico completo encarece el proceso, no comprometiéndose en el presente estudio la obtención de datos anexos al muestreo genético. Del taller de discusión se recomienda que en futuros proyectos del FIP, sea requisito un muestreo biológico completo de los ejemplares, pues los datos y muestras almacedanas pueden servir para complementar otros proyectos. Como fue el caso del presente estudio.

5.2.3. Protocolo de Extracción de ADN desde *D. eleginoides.*

Para realizar la extracción del ADN genómico (nuclear y mitocondrial) desde los ejemplares de *D. eleginoides* en estudio, se trabajó con el protocolo con detergente catiónico SDS descrito para peces (Grijalva-Chon *et al.,* 1994). A pesar de la antigüedad de algunas muestras analizadas (Lebu, Valdivia, Quellón y Puerto Williams), no fue necesario desarrollar algunas variantes en el protocolo para obtener óptimos resultados.

En la Figura 8, se muestra el perfil electroforético de extractos de ADN genómico de *D. eleginoides* provenientes de las zonas de estudio. Al comparar los perfiles de cada carril (ejemplar) con el marcador de peso molecular, se observa que la calidad del ADN es suficiente para análisis posteriores.

5.2.4. Amplificación por PCR de los genes mitocondriales DLoop y ND2

Luego de la obtención del ADN genómico de buena calidad y libre de contaminantes se realizó la amplificación por PCR de los segmentos DLoop y ND2 del mtADN de *D. eleginoides*. Para la amplificación de estos genes se ensayó con partidores especie-específicos (Derome et al., 2002; Gaffney, no publ; Meyer et al., 1990; Palumbi et al., 1991; Sanchez et al., 2007) y universales, (Tabla I), hasta obtener las mejores amplificaciones, que mostraron nitidez, presencia y reproducibilidad.

Finalmente en la secuenciación del DLoop, se trabajo con la pareja de primers LPRO2 y HDL2 ensayadas antes en *D. eleginoides* por Derome et al., (2002) y Sánchez et al., (2007), con fines filogenéticos. Esta pareja de primers genera un fragmento de aproximadamente 500 pares de bases (Fig. 9), este amplificado se observa nítido, sin bandeos inespecíficos ni dímeros de primers que puedan interferir en la reacción de secuenciación.

En la Tabla III y IX se indican las condiciones empleadas para amplificar el segmento DLoop con la pareja de primers LPRO2 y HDL2, las condiciones fueron modificadas desde Derome et al., (2002) y Sánchez et al., (2007).

Para la amplificación de la subunidad 2 del complejo NADH dehidrogenasa (segmento ND2) del ADN mitocondrial de *D. eleginoides* se ensayó con la pareja de primers t-Met y Mt-76 (Tabla I) (Appleyard et al., 2002; Appleyard et al., 2004; Shaw et al., 2004; Smith et al., 2001), bajo las condiciones que se indican en las Tablas V y Tabla VI. En la Figura 10 se observa la banda producto del ND2 amplificada con los primers Mt-76 & t-Met de aproximadamente 1000 pares de bases, este amplificado se observa nítido, sin bandeos inespecíficos ni dímeros de primers que puedan interferir en la reacción de secuenciación.

5.2.5. Secuenciación y Análisis de los genes DLoop y ND2 del ADN mitocondrial.

SECUENCIACIÓN DEL DLOOP

Para la secuenciación del DLoop se realizaron secuencias de prueba de la banda obtenida con la pareja de primers LPRO2 y HDL2 de 500 pares de bases.

Para la secuenciación se procedió en primer lugar a la amplificación por PCR, chequeo de la PCR en geles de agarosa y purificación. El producto de PCR purificado fue secuenciado en ambos sentidos (Forward y Reversa) para cada individuo analizado (30 ejemplares), en un secuenciador modelo ABI Prism 3730 de terminadores fluorescentes Big DyeTM (Applied Biosystems) (Macrogen).

La pareja de primers LPRO2 y HDL2 de 500 pares de pases, genera buenos cromatogramas y por consiguiente buenas secuencias con el primer LPRO2.

Las secuencias de prueba obtenidas con el primer LPRO2 se sometieron a un análisis exploratorio, para chequear su correspondencia en GenBank con otras secuencias del DLoop y para estimar el nivel de variabilidad que pueda generar, y que sean útiles para comparaciones poblacionales. La edición de los fragmentos amplificados, la corrección a ojo de aquellas bases no reconocidas por el secuenciador (bases N) y el alineamiento con secuencias disponibles del mtADN del género *Dissotichus* en GenBank (Número de Acceso DQ487351, AF490672, DQ487352,) se realizó mediante el programa SEQUENCHER v4 (Gene Codes Corporation) y Bioedit (Hall, 1999).

La correspondencia con otras secuencias del DLoop se chequeo con el algoritmo BLAST implementado en la página web del National Center for Biotechnology (NCBI).

Finalmente se obtuvieron 338 secuencias forward y 30 secuencias reversa, en total 368 secuencias para el DLoop.

SECUENCIACIÓN DEL ND2

Para el segmento mitocondrial ND2 del Bacalao de Profundidad los partidores t-Met & Met-76 generan una banda limpia de aproximadamente 900 pares de bases, secuenciable en ambos sentidos.

La secuencia en sentido Forward y Reversa se sometió a un análisis exploratorio, reconstituyendo el fragmento total de aproximadamente 900pb, para chequear su correspondencia en GenBank con otras secuencias del ND2 y para determinar cual extremo presenta mayor variabilidad, útil para comparaciones poblacionales. La edición

de los fragmentos amplificados, la corrección a ojo de aquellas bases no reconocidas por el secuenciador (bases N) y el alineamiento con secuencias disponibles del ADN mitocondrial del género *Dissostichus* en GenBank (Número de Acceso AY256561) se realizó mediante el programa SEQUENCHER v4 (Gene Codes Corporation) y Bioedit (Hall, 1999).

La correspondencia con otras secuencias del ND2 se chequeo con el algoritmo BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) implementado en la página web del National Center for Biotechnology (NCBI).

Utilizando el programa DNAsp (Rozas et al., 2003), se realizón un analisis preliminar en términos de variabilidad el segmento ND2 completo, dando como resultado que el extremo secuenciado con el partidor Mt-76 (Reversa) presenta mayor variabilidad (19 haplotipos), por lo cual se decidió trabajar con las secuencias generadas por el partidor Mt-76. Finalmente se secuenciaron 344 individuos en forward y 40 individuos en reversa, con un total de 384 secuencias, estas secuencias se alinearon en el programa Bioedit (Hall, 1999) y SEQUECHER v4 (Gene Codes Corporation).

En el análisis de las secuencias del ND2 de *Dissostichus elegonoides* se incluyeron dos individuos de la especie *Dissostichus mawsoni* que fueron usados como grupo externo (Numero de acceso a GenBank= DQ184498 y AY256561).

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

El análisis estadístico se baso finalmente en un total de 338 individuos secuenciados para el segmento DLoop y 333 para ND2 desde las 11 localidades indicadas en el objetivo 4.1, más un individuo de la especie *Dissostichus mawsoni* que fue usado como grupo externo (Numero de acceso a GenBank: DLoop = DQ487352 y ND2 = DQ184498). En la Tabla VII se indica el número de individuos analizados por gen y localidad de muestreo.

En la Tabla VIII y IX, se indica el número de haplotipos por gen y localidad, así como diversidad haplotípica y nucleotídica.

A partir de las secuencias obtenidas se procedió a evaluar la divergencia entre poblaciones utilizando las aproximaciones indicadas en metodología.

Los resultados indican que el modelo de evolución de secuencias que mejor explico los datos fue en el caso del ND2 un modelo de 3GTR+G y en Dloop un modelo de 4GTR+G, como se indica en la Figura 11.

El árbol de consenso (majority-rule) del análisis bayesiano muestra una mezcla entre los individuos secuenciados tanto para ND2 como para Dloop en las diferentes localidades

(Fig. 12 y 13). Sin embargo, el análisis con ND2 muestra que los individuos de la localidad de Islas Georgias constituyen un grupo bien sustentado con un alto valor de probabilidad *a posteriori* (0.99). Este resultado se confirma al realizar la red de consenso de los árboles finales a un umbral de $P = 0.05$ con ND2 (Fig. 14), pero no con DLoop (Fig. 15).

En el análisis genealógico y de haplotipos, del total de 333 individuos secuenciados para el ND2 se obtuvo 47 haplotipos (Fig. 16), y de los 338 individuos secuenciados para el Dloop se obtuvo 17 haplotipos (Fig. 17). Las Tablas X y XI indican las frecuencias de cada haplotipo en cada población. Todas las localidades presentan haplotipos característicos (Fig. 16 y 17). En general no hay un patrón latitudinal en el número de haplotipos (Fig. 18), observándose con ND2 que Puerto Williams es la localidad más diversa con 11 haplotipos (6 propios de esta localidad), y con Dloop Islas Georgias del Sur como la más diversa con 8 haplotipos (4 propios de esta localidad). Perú Sur es la localidad menos diversa en ambos genes con sólo 5 haplotipos de ND2 (uno propio de esta localidad) y un haplotipo compartido en DLoop.

El análisis de semejanza de localidades en cuanto a los haplotipos presentes realizado mediante el índice de Similitud de Bray Curtis (Fig. 19 y 20) no muestra grupos de localidades bien sustentados, sugiriendo una gran agrupación (valor de bootstrap = 100), Islas Georgias se observa como la localidad más disímil.

En el análisis basado en construcción de red de haplotipos usando la aproximación Median Joining (Fig. 21 y 22), se observa claramente la presencia de dos haplotipos dominantes (H2 y H5) en ND2, y DLoop (H2 y H10). En ND2 los dos haplotipos son compartidos por la mayoría de las localidades, sin embargo es clara la mayor frecuencias del haplotipo H2 en Islas Georgias. En DLoop el haplotipo H2 es compartido por todas las localidades, sin embargo el haplotipo H10 es casi exclusivo de Islas Georgias, compartiéndolo sólo con Islas Diego Ramírez. Se observa una forma de estrella en ambos genes, patrón consistente con una expansión poblacional geográfica reciente (Avise, 2000). Estos patrones son confirmados al realizar los análisis de parsimonia estadística en el programa TCS para ambos genes (Fig. 23). En el análisis de la distribución mismatch para ambos genes (Fig. 24) se observa una distribución unimodal que sugiere que la población ha experimentado una expansión rápida en el pasado reciente.

El análisis global de los resultados permite inferir que las localidades en estudio provenientes del Pacífico (Perú - Chile) e Islas Malvinas, no muestran diferencias significativas, no así Islas Georgias donde se observa fuertes diferencias en composición y frecuencias haplotípicas con el resto de las localidades en estudio.

5.2.6. **Amplificación por PCR y Análisis de loci microsatélites en D. *eleginoides.***

Luego de la obtención del ADN genómico de buena calidad y libre de contaminantes se ha realizado la amplificación por PCR de 6 loci microsatélites (Tabla II) ya estandarizados en *Dissostichus eleginoides (*Reilly & Ward, 1999*)*, bajo el protocolo descrito por Appleyard et al., (2002), con modificaciones, como se indica en la metodología.

Mediante el programa GeneScan y Genotyper v2.5 de Applied Biosystems, programa para el análisis de fragmentos marcados con fluoróforos, se realiza la asignación automática de los picos obtenidos para cada microsatélite en el secuenciador ABI PRIMS 310. La Tabla XII, representa una tabla tipo generada por Genotyper del análisis del cromatograma (Fig. 25) de cada muestra para determinar el genotipo (intensidad, tamaño en bp, área de los picos).

En las Figuras 26, 27, 28 y 29, se indican perfiles de electroforesis para los microsatélites en estudio.

Una vez estandarizada la técnica para la amplificación mediante PCR y lectura en secuenciador para los 6 loci microsatélites en estudio, se trabajó en el análisis de 11 localidades muestreadas para el Bacalao de Profundidad como lo indica la Tabla XIII.

El total de muestras analizadas corresponde a 654 individuos, generando una matriz de 3924 genotipos.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

A partir de los genotipos se obtienen las frecuencias alélicas para cada microsatélite y localidad. En las Figuras 30 a la 31 se observa la distribución de frecuencias. Del análisis se desprende que dos (cmrDe4 y cmrDe9) de los seis loci analizados muestran diferencias en su distribución. Para el locus cmrDe4 los alelos más frecuentes en las poblaciones del Pacífico e Islas Malvinas corresponde a los alelos 266 y 269, para Islas Georgias el alélo más común corresponde a 260, variando considerablemente las frecuencias de los alelos restantes. Para el microsatélite cmrDe9 los alélos más comunes en las poblaciones del Pacífico e Islas Malvinas corresponden a los alelos 224, 226 y 228., en cambio para Islas Georgias el alelo más común es el alelo 218, destacando la reducción en número y frecuencia de los alelos de mayor tamaño (230 - 290) para esta población. En el caso del locus cmrDe2 el alelo más comun es compartido por todas las poblaciones, alelo 118, observándose una reducción en el número y frecuencia de alelos en las localidades ubicadas al sur. El microsatélite To2 muestra dos alelos comunes para todas las poblaciones, alelo 129 y 131, observándose que en Islas Georgias los alelos de mayor tamaño (141-165) se reducen en número y en frecuencia.

En el microsatélite cmrDe30 el alélo más común es el 172 compartido por todas las poblaciones. Por último el microsatélite To5, el menos polimórfico, con apenas 4 alelos, característica descrita anteriormente en otros estudios, presenta un alelo común de 161 pares de bases, presente en todas las poblaciones analizadas. Del análisis podemos decir que en términos de frecuencias alélicas, se observan diferencias en composición y frecuencia entre Islas Georgias y el resto de las localidades.

En la Tabla XIV, se indican los parámetros genéticos poblacionales obtenidos a partir de los 6 loci microsatélites. Se indica el número de alelos obtenidos para cada locus y población, la heterocigosidad observada, esperada y su respectivo ajusta el equilibrio de Hardy Weinberg. La presencia de alelos nulos fue evidenciada para los microsatélites cmrDe9, cmrDe30 y cmrDe2, sólo para algunas poblaciones.

Dado que las muestras incorporadas en el presente estudio provienen de distintos años de muestreo (2001-2007) (Tabla XIII), como primer análisis se realizó un test de comparación por Fst y Rst entre los grupos de muestras, los resultados indican que no habrían diferencias significativas entre ambos grupos (P = 0.69), deduciendo que las diferencias encontradas posteriormente no provienen de la variable año de muestreo.

Como medidas de diferenciación poblacional en la Tabla XV, se indican los valores obtenidos para el estadístico Fst para pares de observaciones (pares de poblaciones) con su respectivo valor de probabilidad asociado, despúes de 10100 permutaciones y con correción de Bonferroni (P < 0.008). El análisis indica que existe una tendencia a obtener valores de P significativos, es decir valores de Fst distintos de cero, por un aumento de la endogamia (reducción de heterocigosis) con respecto a la esperada en una población sin división o en panmixia, para las comparaciones entre Islas Georgias y las muestras del Pacífico e Islas Malvinas. Su análogo Rst indica la misma tendencia, aumentando el número de comparaciones significativas entre Islas Georgias y el resto de las localidades Tabla XVI.

Para una inspección visual de los valores de Fst, se realizó un análisis de componentes principales para el agrupamiento de genotipos (frecuencias alélicas en la forma de Fst) como se indica en la Figura 36. El análisis a través de randomnizaciones testea la significancia de los valores de Fst de los distintos ejes para realizar las ordenaciones. El análisis arroja un Fst global de 0.028 significativamente distinto de cero (P = 0.00010), separando a través de los ejes Islas Georgias con el resto de la poblaciones.

El Test Exacto de Diferenciación Poblacional, donde se testea la distribución al azar de los genotipos entre poblaciones, bajo una hipótesis nula de panmixia (Raymond & Rousset, 1995), a través de tablas de contigencia exploradas mediante cadenas de Markov, indica valores de diferenciación genética significativas (P <0.0001) para todas las comparaciones entre Islas Georgias con el resto de las localidades (Tabla XVII). Del análisis se infiere que las muestras del Pacífico e Islas Malvinas son genéticamente

homogéneas, siendo este grupo distinto a Islas Georgias, en terminos de frecuencias genotípicas para los 6 loci en estudio.

RESULTADOS

5.3. OBJETIVO ESPECÍFICO 4.3

Asociar las características genéticas con todos los otros aspectos poblacionales conocidos en Chile de las poblaciones de Bacalao de Profundidad. Lo que implica uan revisión de la bibliografía formal y gris.

5.3.1. Informes técnicos FIP

De los proyectos FIP revisados se logró generar una matriz de conocimiento con los principales aspectos definidos para la especie, dicha matriz muestra los autores, periodo y zona del estudio, y el tipo de información generada de la misma.

1. Parámetros poblacionales y biológicos.

1.1. Distribución

- Zona de distribución

Si bien la distribución de la especie es bastante clara para el litoral chileno y ha sido documentada en numerosas publicaciones nacionales e internacionales (Oyarzún & Campos, 1987; Pequeño, 1989; Aguayo, 1992, entre otros) no corresponde a un objetivo de Proyecto FIP.

- Batimetría

Young et al., (1998) de la información obtenida de la flota industrial indica que el área de distribución batimétrica del recurso estaría delimitada a un área bastante restringida del talud, que en su parte más ancha no supera las 50 mn de ancho, lo que hace al recurso altamente vulnerable (FIP 96-40).

Zuleta et al., (1999), plantean que existiría una estratificación por tamaño en relación a la profundidad, encontrándose los peces más pequeños en aguas más someras y aquellos de mayor tamaño en aguas más profundas (FIP 96-41).

- Unidades Poblacionales
-

Hasta el minuto el FIP 2001-16 y FIP 2001-17 son los únicos proyectos financiados por el Fondo de Investigación Pesquera, que intentan abordar la problemática de la estructura poblacional de bacalao de profundidad. Lamentablemente, corresponden a la misma información que fue entregada como parte de una Sobreoferta por el ejecutor (Universidad de Concepción). Por lo que en realidad corresponde a la información generada en uno de los 2 proyectos.

Los autores concluyen que, efectuado el análisis genético se evidencia que no hay diferencias genéticas significativas entre las muestras provenientes de Lebu, Valdivia, Quellón y Pto. Williams. Se detectaron 6 sistemas enzimáticos polimórficos que correspondieron a: MDH-1, IDH-1, PGM-1, AP-1, PGI-1 y PGI-2; con lo cual ya se tiene la base genética para un futuro estudio de tipo poblacional (Oyarzún et al., 2003a).

1.2. Abundancia

- Índices de Abundancia relativa

El índice mayoritariamente utilizado corresponde a la CPUE, el cual corresponde a uno de los puntos más analizados en los proyectos FIP (94-10, 96-32, 96-40, 96-41, 97-17 y 97-18). Sin embargo, desde el año 98 en adelante se dejó de realizar dicho análisis, probablemente asociado al encargo directo por parte de la Subsecretaría de Pesca al IFOP de la determinación de CTP para bacalao de profundidad.

1.3. Alimentación

- Espectro trófico

Solamente se analiza la dieta de bacalao de profundidad como parte del FIP 2001-16 para la pesquería artesanal desarrollada entre Lebu y al sur de Quellón. Los autores concluyen que se requiere el análisis de categorías taxonómicas menores (particularmente en peces), y que es posible indicar que el espectro trófico de *D. eleginoides*, estaría compuesto al menos de 20 taxa-presa, siendo su dieta predominantemente ictiófaga, dominando en ella Gadiformes y Ophidiiformes (Oyarzún et al., 2003a).

Existirían diferencias significativas entre las dietas de especimenes capturados en Quellón respecto de aquellos de Valdivia y Lebu ($p > 0,05$). Cefalópodos de la familia Octopodidae se encuentran altamente representados en la dieta de animales de esta zona (Oyarzún et al., 2003a).

Los resultados de Oyarzún et al., (*op cit.*), además indican que los crustáceos se encuentran pobremente representados en la dieta del bacalao, encontrándose ausentes en Quellón. Lo anterior contrasta con resultados de otros autores (Movillo & Bahamonde, 1971; Flores & Rojas, 1987; Arrizaga et al., 1996).

1.4. Parásitos

Dentro de los estudios en Proyectos FIP el único que realiza un análisis parasitológico corresponde al FIP 2001-16 (Oyarzún et al., 2003a) para la pesquería artesanal como parte de una Sobreoferta, donde se entregan algunos resultados preliminares sobre la

identificación de las especies reconocidas. Identifican 8 especies de parásitos hasta nivel de familia. Existirían 3 especies de anisákidos (*Phylum* Nematoda) las que tienen ubicación preferente en la submucosa y mesenterios a la forma de quistes, estados larvales de cestodos, uno probablemente *Hepatoxylon trichiuri* de ubicación libre o enquistado en la submucosa estomacal, y el otro, un plerocercoide con presentación exclusiva en los mesenterios estomacales. Por último, al menos 3 especies de Digeneos se han encontrado en la mucosa gástrica generalmente mezclados con contenido intestinal.

Tanto la prevalencia como la intensidad del parasitismo parecen tender a ser mayor hacia el sur del país (zona de Quellón). Lo que interpretan los autores como la posibilidad de encontrar un mayor número de presas en este lugar, y por ende, la infección parasitaria tiene mayor riesgo de producirse, o bien a la mayor permanencia del bacalao en una zona que representa la presencia continua de itemes-presa infectados (Oyarzún et al., 2003a).

1.5. Predación

- Principales predadores

Durante el proyecto FIP 2001-31 (Moreno et al., 2003) se analizó los efectos de la predación ocasionada por los cetáceos sobre la biomasa del stock de bacalao de profundidad, concluyéndose, que de acuerdo a los resultados, la predación en el caso de la pesca industrial por cetáceos sería mínima y en consecuencia no habrían argumentos para aseverar que hay una competencia severa con la pesquería por un mismo recurso, ni tampoco que la tendencia declinante del rendimiento pesquero sea atribuible al efecto de la depredación por mamíferos.

En el caso de la pesca artesanal (X Región) dichos autores señalan que con los lobos marinos ocurre interacción directa al ser éstos los responsables de la casi la totalidad de las piezas dañadas de bacalao de profundidad. Pero además indican que a pesar de lo anterior, la tasa de bacalaos predados es mínima, ya que los pescadores artesanales han implementado una serie de medidas para reducir este problema, como son, el disparar con escopeta a los lobos y cachalotes, embestir con la embarcación a los cetáceos, entre otras.

Por otro lado, destacan la interacción con las aves marinas siendo mayor en la pesquería industrial comparado con la artesanal y las especies principales pescadas incidentalmente, fardela negra grande (*Procellaria aequinoctialis*) y albatros de ceja negra (*Diomedea melanophrys*) (Moreno et al., 2003).

- Mortalidad por predación (M2)

Moreno et al., (2003) realizan estimaciones de interacción entre la pesquería y mamíferos marinos y aves, más que una estimación de mortalidad por predación. Estableciendo que existiría una baja tasa de interacción operacional promedio entre los mamíferos y la pesquería industrial, siendo mayor en el caso de la pesca artesanal con lobos marinos, pero que los pescadores artesanales han implementado una serie de medidas para reducir este problema (FIP 2001-31).

1.6. Mortalidad natural (M)

- Mortalidad de juveniles y adultos

Las estimaciones de mortalidad natural para el bacalao de profundidad por modelos empíricos indican valores que fluctuarían entre 0,1 y 0,2 año^{-1}. Estas estimaciones son muy poco precisas cuando se incorpora la estructura correlacionada del error de los parámetros de entrada, principalmente parámetros de crecimiento, simultáneamente con el error de predicción de los modelos empíricos, generando coeficientes de variación que fluctúan entre 40,1 y 62,2 % (FIP 2001-17).

La estimación de M (0,14 año^{-1}) con el método analítico de Chen & Watanabe (1989) realizada en el FIP 2001-17, fue consistente con los valores de tendencia central de los modelos empíricos y con los valores utilizados por varios autores para la evaluación del recurso (Moreno & Rubilar, 1992; Zuleta et al., 1998; FIP 96-41). Aunque el método permite contar con estimaciones de M edad-específica, se concluye que dichos valores deben ser validados antes de ser utilizados en evaluaciones con métodos edad-estructurados (Oyarzún et al., 2003a).

1.7. Mortalidad por pesca (F).

Zuleta et al. (1998) en el marco del FIP 96-41 estima que la mortalidad por pesca muestra valores consistentes entre años, y que la tasa de mortalidad por pesca alcanzaría su valor máximo el año 1992, donde supera levemente el límite inferior de la mortalidad natural utilizada (M= 0,15 año^{-1}).

1.8. Reclutamiento

En este ítem no se encontró información derivada de proyectos FIP.

1.9. Reproducción

- Tipo de reproducción.

De acuerdo a la revisión microscópica de los ovarios, realizada por Young et al. (1999), el bacalao correspondería a un desovante sincrónico por grupos, con dos grupos de ovocitos de diferente tamaño, donde el grupo de mayor tamaño corresponde al que será desovado en el presente desove y el grupo de menor diámetro se liberarían en el siguiente evento reproductivo.

- Primera Madurez.

Young et al. (1999) a partir de muestras de la zona norte determinan una talla del 50% de madurez para hembras de 129 cm de longitud total (LT), pero hacen la salvedad que dicha talla fue estimada a partir de hembras cuyas gónadas aún se encontraban en una etapa temprana de desarrollo, la que podría estar sesgada.

Por otro lado, Oyarzún et al. (2003a), determinan una talla de 50% de madurez mediante máxima verosimilitud para machos de 87 cm y 113 cm de LT para hembras, para la zona entre Lebu y el sur de Quellón.

- Fecundidad.

Sólo existe una estimación de fecundidad para bacalao de profundidad reportada en Informes FIP (FIP 97-16). Sin embargo, dicha estimación no fue realizada a partir de hembras hidratadas, ya que éstas no fueron obtenidas durantes los muestreos (año 1998). Por lo que los autores utilizaron aquellas hembras que calificaron como maduras (en estado de vitelogénesis inicial e intermedia), de acuerdo a una escala propuesta (Young et al., 1999).

Estos autores determinan una fecundidad potencial separada por zonas, norte y sur, correspondiente a 23.245-504.271 ovocitos y 183.106-552.305, respectivamente. Con una fecundidad promedio de 176.376 y 354.349 ovocitos para cada zona. Además, indican que existirían diferencias estadísticamente significativas entre las fecundidades, siendo mayor la correspondiente a la zona sur, lo que explican por la presencia de atresia folicular en las muestras provenientes de la zona norte que podría estar subestimando la fecundidad (Young et al., 1999).

La fecundidad relativa por zonas fluctúa, para la zona norte entre 1 y 22 ovocitos/g, con un promedio de 5,7 ovocitos/g; y para la zona sur entre 11 y 23 ovocitos/g, con un promedio de 16,6 ovocitos/g. Valores que se encontrarían entre los rangos reportados por otros autores para la especie (Young et al., 1999).

- Área y época de desove.

El área de desove no ha sido establecida para la especie, al menos en proyectos FIP, frente a las costas chilenas. Young et al., (1999) no encuentran hembras en estados de madurez avanzada, concluyendo que el índice gonadosomático no evidencia un patrón estacional que permita establecer el periodo de desove. Además, plantean 3 hipótesis para explicar sus resultados, siendo: 1) Qué la especie no desovaría donde se desarrolla la pesquería artesanal; 2) Qué si desovaría en estas latitudes, pero que este evento no se habría producido el año 1998 (año del estudio), y 3) Qué esta especie no se alimentaría durante la etapa previa y posterior al desove.

Por otro lado, Oyarzún et al., (2003a) al analizar la información obtenida de los resultados microscópicos concluyen que el bacalao no presenta signos de desove para las zonas de Lebu y Valdivia, localidades donde sólo se encontraron individuos en estados inmaduros o vitelogénicos. Pero en la zona de Quellón es donde se encuentran individuos en vitelogénesis más avanzada e individuos maduros que posteriormente desovarían. De dicha información, junto con los resultados de los índices gonadosomático y gonádico, postulan una distribución latitudinal de la especie donde las áreas de pesca asociadas a los puertos Lebu y Valdivia serían una zona de transición hacia el sur donde se produciría el desove de la especie y que probablemente sería al sur del Paralelo 44.

Para la época de desove Young et al., (1996) postulan en el marco del FIP 94-10 que el desove se produciría entre los meses de julio y agosto de acuerdo a la tendencia del índice de madurez reproductiva.

- Proporción sexual.

Durante la realización del FIP 94-10 (Young et al., 1996) se estimó una proporción sexual para ejemplares obtenidos al sur del 47º L.S., igual a 1,24: 1, machos por hembra, a partir de 14.638 peces muestreados (6.541 hembras y 8.097 machos).

En el FIP 96-40 (Young et al., 1998) se entrega una proporción sexual de 55,3% machos.

Para la zona de la III y IV Regiones (FIP 97-17) la proporción sexual se alejó significativamente de la relación 1:1 (2,1:1), siendo mayor la proporción de hembras para toda el área y periodo analizado (Aris et al., 1999). Para la zona de la I y II Regiones (FIP 97-18) se observa un predominio aún mayor de hembras sobre machos, siendo la proporción durante todo el periodo de estudio 3:1, respectivamente (Oliva et al., 1999).

Finalmente, para la zona entre Lebu y el sur de Quellón (FIP 2001-16) la proporción sexual sería favorable a las hembras con una relación de 1,9:1 (Oyarzún et al., 2003a).

1.10. Crecimiento

- Parámetros crecimiento

Oyarzún et al., (2003a,b) determinan la estructura de edades para ejemplares de bacalao obtenidos al norte del paralelo 47º L.S., que corresponde a la fracción artesanal de la pesquería, aun cuando incorporan ejemplares obtenidos al sur del dicho límite pero capturados por pescadores artesanales. Además, realizan el recuento de anillos tanto en escamas como en secciones transversales de otolitos, además incluyen una determinación preliminar de edades radiométricas (Ver Oyarzún et al., 2003a).

En el FIP 2001-17, de asignación de edades y crecimiento de bacalao (Oyarzún et al., 2003b), se determinaron edades máximas de 23 años (mediante lectura de otolitos), mediante lectura de escamas se identificaron hasta 56 marcas hialinas o anillos, y finalmente, las edades radiométricas fluctuaron entre 6 y 44 años.

La lectura de edades en secciones de otolitos (al parecer la más confiable hasta la fecha), estaría sugiriendo que la flota nacional que trabaja en aguas jurisdiccionales opera sobre la fracción intermedia de la población, o bien, que los individuos mayores han sido removidos de la pesquería.

De acuerdo a Oyarzún et al., (2003b), al tomar en cuenta el peso del otolito, el modelo que mejor describe la edad del bacalao y que explica un 65% de la variabilidad en la edad corresponde a:

$$Edad = 66,238 - 0,834\,LO + 0,105\,LT + 12,515\ln(WO) - 3,573\ln((PT)$$

Siendo el modelo que mejor describe el crecimiento del bacalao, con información de edad obtenida de los otolitos, el de von Bertalanffy, cuyos valores de parámetros son:

$$L_t = 152,19(1 - e^{-0,085(t+0,59)})$$

- Claves talla-edad.

Durante la realización del proyecto FIP 94-10 se obtuvieron ejemplares de bacalao de profundidad para determinar la estructura de edades, a través de la lectura de anillos en escamas, obteniéndose que la estructura estuvo compuesta por 20 grupos de edad distribuidos entre el grupo V y XXIV (sur del paralelo 47º L.S.).

En el caso del FIP 2001-17 (Oyarzún et al., 2003b), considerando todas las localidades (Lebu, Valdivia y Quellón), los machos presentan un rango de edades más pequeño que las hembras, entre el grupo IV y XXII, con una moda en los VII. Mientras que las hembras abarcan desde el grupo V al XXXI+, con una moda en el grupo IX. Para el total los grupos de edades con mayor participación son el VII, VIII y IX y X.

1.11. Fauna Acompañante

Para la fauna acompañante de la pesquería de bacalao de profundidad se encuentra información en el Proyecto FIP 2001-16, donde se encuentra una alta prevalencia (%N) de Macrúridos (pejerrata) en la zona de Lebu (34%). Lo que concuerda con el reporte realizado por Oyarzún et al. (1990) en el sector de Talcahuano en la pesquería espinelera de congrio dorado *Genypterus blacodes* y bacalao de profundidad, donde la captura de pejerrata llega a ser muy importante, tanto en número como en biomasa.

A diferencia de lo reportado por Oyarzún et al., (1990), en Oyarzún et al., (2003a) se encuentra a *Macrourus carinatus* como la especie dominante (81%), e igualmente el registro del Mórido *Antimora rostrata* con un porcentaje considerable (18%), especie que venía registrándose como ocasional o escasa dentro de los reportes de fauna acompañante realizados en esta zona (Oyarzún et al., *op cit.*).

El registro de tiburones por estos autores (Oyarzún et al., 2003a), durante todo el período de estudio, alcanza un 8%, tanto en número como en peso, de la captura total obtenida.

2. Geomorfología y Oceanografía

En este ítem no se encontró información derivada de proyectos FIP.

5.3.4. Informes técnicos IFOP

En total fueron revisados 23 informes técnicos IFOP que abordan directamente estudios sobre bacalao de profundidad. En general, es posible agrupar estos estudios en dos tipos, unos de carácter de monitoreo de la pesquería del recurso en la zona centro sur y zona austral de Chile (18 trabajos, principales indicadores pesqueros y biológicos) y otros que aborda la evaluación de stock (5 trabajos estimaciones de biomasas y captura totales permisibles).

El tipo de información que entregan cada uno de los estudios IFOP se resume en la Tabla XVIII; en donde la principal información se concentra en los indicadores

pesqueros, como captura, desembarque, esfuerzo y rendimiento de pesca y distribución espacio temporal; mientras, en los indicadores biológicos, se concentra en estructura de talla y composición de edad de las capturas de la pesquería de bacalao de profundidad desarrollada por la flota artesanal al norte del paralelo 47°S y la flota industrial que opera entre los 47°S y 57°S. Por otro lado, se encuentran los estudios de evaluación de stock que basados en la información de los estudios de monitoreo estiman biomasa, abundancia y recomiendan las cuotas totales permisibles de bacalao de profundidad. Estos últimos basados en la hipótesis que el recurso es una sola unidad de stock presente en aguas chilenas.

Con la información recopilada de los estudios IFOP mencionados en la Tabla XVIII, se entrega a continuación los principales antecedentes que permitirán describir la dinámica del recurso en aguas chilenas.

Antes de 1991 y después de 1998 el desembarque en aguas chilenas ha sido explicado por el aporte del sector artesanal (Fig. 37); sin embargo, a partir del 2000, el desembarque artesanal ha registrado una caída gradual llegando a los niveles más bajos en el 2005 y 2006.

El desembarque del sector industrial (fábrica más industrial, SERNAPESCA) explicó el desembarque nacional entre 1991 y 1998, debido al inicio y el aporte de la pesquería en la zona austral por buques espineleros fábrica y buques espineleros hieleros en el área denominada licitada (47° - 57° S); sin embargo, a partir de 1993 el desembarque de éste sector ha registrado una fuerte caída, llegando a una relativa estabilización entre 2005 y 2006 (Fig. 37).

La flota artesanal, compuesta por lanchas (12 a 18 m eslora), se ha caracterizado en su historia por un desplazamiento de norte a sur dirigido a bacalao (Fig. 6), debido principalmente por el agotamiento de los caladeros y la búsqueda (en sentido sur) de caladeros con mayores rendimientos de pesca del recurso. Actualmente, el desembarque artesanal de la X Región explica el desembarque total artesanal, aportando aproximadamente con el 80%. Sin embargo, en los últimos años parte de la flota de lanchas de la X Región visitan frecuentemente áreas al sur del paralelo 47°S, en donde no cuenta con los permisos adecuados; pero el desembarque proveniente de dichas áreas lo declaran procedente de caladeros localizados al norte del 47°S, con objeto de evitar sanciones.

La estacionalidad del desembarque artesanal de bacalao de profundidad se ha mantenido estable (Fig. 38), principalmente de septiembre a diciembre, seguido de enero a mayo.

El rendimiento de pesca artesanal de bacalao de profundidad a nivel país se ha mantenido desde 1998 su tendencia en descenso (1998 con 2.500 kg/viaje y 2006 con 1.400 kg/viaje, Fig. 39); pero en puertos principales de la X Región los rendimientos de

pesca se han mantenido en niveles relativamente estables y con valores altos respecto de otras regiones (3.000 - 4.500 kg/viaje, Fig. 40). No obstante, estos altos valores de rendimiento de pesca de la X Región podrían estar influenciados por las naves que visitan caladeros al sur del 47°S.

A diferencia de la pesquería artesanal, la pesquería de bacalao de profundidad que desarrolla la flota industrial está asimilada a Régimen de Pesquerías en Desarrollo Incipiente (D. S. MINECON N° 328 de 1992, modificada por D.S N° 322 del 2001), con asignación de permisos extraordinarios de pesca, según la cuota anual de captura.

La flota espinelera (industrial) dirigida a bacalao en el área licitada ha mantenido la temporada de pesca entre septiembre y diciembre al sur del paralelo 55°S y 57°S (Fig. 41). Sin embargo, en los inicios de esta pesquería (1991 a 1994), la temporada de pesca se presentaba de forma más extensa en tiempo (septiembre a febrero del año siguiente) y en espacio (53°S y 57°S).

En el área licitada, el rendimiento de pesca anual de la flota industrial ha tendido a una disminución gradual (Fig. 42), registrándose en los últimos años los menores valores de la pesquería, ~195 (g/anz), debido al deterioro de la biomasa del stock a partir de 1993.

En los últimos 10 años, el caladero que principalmente ha aportado a la captura y al rendimiento de pesca de bacalao de profundidad en la flota industrial ha sido el caladero más austral (denominado Caladero 5, Fig. 43), localizado al sur del paralelo 55° S y limitando con Argentina; zona que se ha identificado como posible área de desove de la especie durante el invierno, entre julio y agosto, según observaciones macroscópicas de los ovarios.

Por otro lado, se ha confirmado un patrón migratorio de la especie en el extremo austral, en sentido este (territorio de mar argentino) a oeste (territorio mar chileno); producto de la recuperación en abril del 2005 de un ejemplar marcado y liberado en septiembre del 2004 por investigadores del INIDEP.

A lo anterior, se suma los antecedentes que registra la operación de pesca de la flota industrial, en donde parte de la flota toma posición en caladeros de pesca cercano a los 57°S antes de mediados de septiembre (Fig. 44), en espera del ingreso del pulso migratorio de la especie; el cual aproximadamente ocurriría a mediados de septiembre, originando altos rendimientos de pesca, marcando así el inicio de la temporada de pesca antes descrita. Es probable que este patrón migratorio explique el aumento de los rendimientos de pesca de la flota artesanal al norte del 47° S después de septiembre.

La estructura de talla del desembarque artesanal de bacalao se ha caracterizado en los últimos con una fuerte componente de ejemplares juveniles (90%) y una talla media de 90 cm; en cambio, la estructura de talla de la captura de bacalao en la flota industrial ha registrado ser históricamente con fuerte componente de fracciones adultas de la

población (Fig. 45). Actualmente, la composición de edad en la flota artesanal se caracteriza por sustentarse en edades juveniles (GE V - IX); mientras en la flota industrial se sustenta en fracciones de edades mayores, GE VII y XV.

No obstante, la presencia de ejemplares juveniles en la pesca artesanal entre los 800 y 2000 m de profundidad, en la plataforma continental de la zona austral a menos de 800 m de profundidad, no se ha registrado capturas importantes de ejemplares juveniles de este recurso (menores a 60 cm), que pudieran estar presente en las pesquería con red de arrastre entre 1978 a 2006. Sin embargo, hacia el lado Atlántico, al este de la Isla de los Estados se ha identificado una importante área de juveniles de bacalao (54º00' – 54º59' y 61º00' – 63º59'), en la plataforma Argentina y a profundidades menores de 800 m; la cual ha estado regulada y restringida para la pesca con arrastre (Wöhler, 2004).

Respecto de los aspectos reproductivos, con información de los inicios de la pesquería industrial de bacalao (1991 a 1994), la SUBPESCA estableció una veda reproductiva entre el paralelo 53°S y 57°S en los meses comprendido entre junio y agosto (D.S. Exento N° 273, 6/12/1996). Sin embargo, debido a esta veda no ha sido imposible contar con información reproductiva del recurso (Fig. 46), como también conocer la ocurrencia de la actividad de desove.

5.5. Revistas nacionales e internacionales ISI y Scielo

1.1. Distribución

- Zona de distribución

D. eleginoides es endémico del hemisferio sur (Collins et al., 2007), habitando principalmente al norte del frente polar antártico (Eastman & Barry, 2002; Goldsworthy et al., 2002). Los antecedentes recopilados de la distribución de *D. eleginoides* dan a conocer una amplia distribución en las aguas profundas del Hemisferio Sur, principalmente en la región sub antártica de los Océanos Atlántico e Indico, cercano a la Convergencia Antártica y a lo largo de las costas del sur de Argentina y Chile (Arkhipkin et al., 2003; Barrera-Oro et al, 2005). Además se distribuye en la plataforma continental y quiebres de la plataforma de los grupos de islas en la Corriente Circumpolar Antártica (del inglés Antartic Circumpolar Current, ACC) las Georgia del sur, Bouvet, Príncipe Eduardo, Crozet, Kerguenel, Macquarie, y Heard alrededor de Ob y Lena Banks. También se encuentra en la península antártica, isla Rey Jorge (61º24' S) en el Pacífico sur, y además es regularmente capturado en el Mar de Ross (Brickle et al., 2005).

En la costa este de América del Sur su distribución llega acerca de los 35º de latitud sur (LS) en tanto que por el lado oeste alcanzaría hasta los 20º (LS). Las aguas frías que fluyen hacia el norte, corriente del Perú, probablemente podría dar cuenta de la extensión del rango de distribución (Ashford et al., 2005; Brickle et al., 2005).

Pese a que se presume endémico del océano austral, Moller et al. (2003) publican un hallazgo de *D. eliginoides* en el hemisferio norte. Este caso se trataría sólo de un individuo perdido, el que se transportó por aguas frías profundas que cruzan el Ecuador, pero no representa a una población del hemisferio norte.

Características fisiológicas típicas de la especie y el grupo le permitiría a este recurso habitar estos lugares de baja temperatura (Scapigliati et al., 2006).

- Batimetría

En los sectores Antárticos Atlántico e Índico la distribución en profundidad de *D. eliginoides* tiene un rango entre los 70 y 2.500 m (Evseenko et al., 1995; Mendez et al., 2001; Arkhipkin et al., 2003; Fischer & Hureau, 1985 *fide* Barrera-Oro et al., 2005). En tanto que en las costas de chile ha sido capturado hasta los 2.500 m de profundidad (Fischer and Hureau, 1985 *fide* Goldsworthy et al., 2002).

El conocimiento de la distribución batimétrica indica que, la longitud de los peces incrementa con la profundidad (Barrera-Oro et al., 2005), por lo tanto el hábitat varia con la edad. Los juveniles y peces sexualmente inmaduros habitan principalmente profundidades entre los 100 y 500 m (Zhivov & Krivoruchko, 1990 *fide* Goldsworthy et al., 2002), en tanto que los peces maduros son demersales y pueden vivir en profundidades que exceden los 1.500 m de profundidad (Goldsworthy et al., 2002; Barrera-Oro et al., 2005).

- Distribución espacial de juveniles y adultos

Como se mencionó anteriormente *D. eliginoides* varia su distribución en profundidad de acuerdo a su estado ontogenético. Algunos registros en las Georgia del Sur indican que los huevos de *D. eliginoides* se encontrarían cercanos a la plataforma, entre los 800 y 1.000 m de profundidad (Agnew et al., 1999 *fide* Arkhipkin et al., 2003). Las larvas y postlarvas se encontrarían en la capa pelágica alrededor de las Georgia del Sur (North, 2002) y sobre la parte sur de la plataforma Patagónica (Ciechomski & Weiss, 1976 *fide* Arkhipkin et al., 2003). Luego de alcanzar un tamaño de entre 12 y 15 cm de longitud total (LT), los juveniles descienden a la capa cercana al fondo de la Plataforma Patagónica (150-400 m de profundidad) donde se alimentan y se mantienen durante varios años y crecen hasta tallas de entre 60 y 70 cm (LT) (Cassia & Perrotta, 1996 *fide* Arkhipkin et al., 2003; Laptikhovsky et al., 2006; Collins et al., 2007). Los adultos luego migran a aguas profundas a hábitat meso y batipelágicos a profundidades mayores a 1.000 m (Eastman, 1993 *fide* Arkhipkin et al., 2003).

En la Península Antártica también se han encontrado juveniles, pero esto no se trataría de una población si no que de una expansión desde otros sitios provocada por las corrientes (Daniels et al., 1982).

Para que existan estos cambios de profundidad durante su desarrollo ontogenético, existen cambios en la boyantes. Near et al., (2003) encuentra que los juveniles no poseen flotabilidad en tanto que los adultos tienen una flotabilidad neutra. Estos cambios pueden deberse al hábitat de los distintos estados, mientras los juveniles explotan hábitat bentónicos los adultos utilizan toda la columna de agua sobre aguas profundas.

- Unidades de Stock

Los stock de *D. eliginoides* actualmente son administrados dentro de amplias zonas correspondiendo a grupos de islas bajo la Convención para la Conservación de los Recursos Marinos Vivos Antárticos (CCAMLR) y la Zona Económica Exclusiva (ZEE) de la autoridad de las naciones vecinas (Ashford et al., 2005).

Varios estudios y variadas técnicas para determinar unidades poblacionales y diferenciación de especies han sido aplicadas (Smith et al., 2001), unas conocidas desde hace varios años como las de análisis genéticos (Gaffney, 2000), entre los que destacan ADN mitocondrial (Appleyard et al., 2002) y microsatélites (Reilly & Ward, 1999; Smith & McVeagh, 2000; Parker et al., 2002), y otras mas innovadoras como la química de otolitos (Ashford et al., 2005; Ashford et al., 2006; Ashford & Jones, 2007).

Dentro de los resultados encontrados en los diferentes estudios se destaca importantes diferencias genéticas entre las islas Heard, McDonald and Macquarie, lo que indicaría un muy restringido flujo génico (Appleyard et al., 2002). Estudios llevados por Ashford & Jones (2007), en que emplearon un método de medición de isótopos estables de carbono y oxigeno, evidencian un aislamiento de poblaciones entre individuos capturados en la Plataforma Patagónica y las Islas Georgias del Sur, lo que de una manera podría señalar la presencia de dos poblaciones en el área. Las zonas administradas en el Océano Índico muestran homogeneidad genética (Appleyard et al., 2004 *fide* Ashford et al., 2005), sugiriendo una población única moviéndose entre los montes submarinos y las islas, pero según Ashford et al., (2005) esto podría reflejar varias poblaciones, así el movimiento de sólo unos pocos peces entre poblaciones espacialmente discretas pueden contrarrestar la divergencia a través de la selección natural o deriva génica. Ashford et al., (2006), mediante análisis químicos de los otolitos, sugiere la posibilidad de más de una población en América del Sur y también sugiere que algunos peces capturados en América del Sur se han movido desde las Georgias del Sur. Por otro lado Shaw et al., (2004) da a conocer diferencias genéticas entre los individuos de *D. eliginoides* de la región Patagónica y de las Islas Malvinas con respecto a los de Shag Rocks, lo que sugeriría stock separados (Laptikhovsky et al., 2006). Rogers et al., (2006) indica que las poblaciones de las Georgias del Sur y las Islas Malvinas son genéticamente diferentes, las que también difieren con las del monte Ob

(Oeste del Océano Índico). Payne et al., (2005) usando índices de reclutamiento asumen que el stock de las Islas Malvinas es efectivamente discreto.

Estos aislamientos podrían ser producto de barreras hidrogeograficas entre los distintos sectores, lo que contribuiría a la formación de poblaciones discretas.

La determinación de la estructura del stock es un pre-requisito para la administración de los recursos naturales, ya que esto contribuye a determinar características biológico-pesqueras típicas de cada población, por lo que la identificación de stocks distintos es crucial para llevar a cabo medidas de manejo que eviten futuros colapsos de la pesquería.

1.2. Abundancia

- Índices de Abundancia relativa

Poca información existe a nivel de publicaciones de revistas científicas internacionales, las que se restringen a ciertos lugares entre los que destacan algunos datos de abundancia o biomasa para la Isla Macquarie en donde se estimó una biomasa para el año 1995 de 62.474 toneladas (t) (Tuck et al., 1999 *fide* Goldsworthy et al., 2001). Tuck et al., (2003), mediante captura y recaptura, estima una abundancia de entre 0,6 y 0,8 millones de peces.

Para las Islas Malvinas modelos de producción muestran una fuerte declinación de la biomasa, la cual se estima se encuentre alrededor de un 50% de la biomasa en estado virginal (sin explotación) (Laptikhovsky & Brickle, 2005). Payne et al., (2005) estiman que la biomasa se encuentra entre un 38 y 46% del tamaño del stock inicial, esto es, entre 32.000 y 56.339 t con una actual biomasa desovante de entre 13.000 y 26.000 t. Laptikhovsky & Brickle, (2005), indican una disminución de la captura por unidad de esfuerzo (CPUE), expresada en captura total media diaria (toneladas métricas, MT) y captura media diaria por 1.000 anzuelos (Kg), desde 1994, con valores que decaen desde los casi 6 (TM) o 70 (Kg) a los aproximadamente 1,5 (TM) o casi 20 (Kg) en el 2001, posterior a este periodo la CPUE se entorno a los 1,6 (TM) o 20 (Kg).

Otros estudios han aplicado métodos alternativos para la determinación de abundancia, como el publicado por Yau et al., (2001), mediante la utilización de cámaras, pero con resultados poco satisfactorios.

1.3. Alimentación

- Espectro trófico

Los estudios realizados de la ecología trófica de *D. eleginoides*, lo reconoce como un predador de un amplio espectro trófico lo que lo clasifica como un predador oportunista (Pilling et al., 2001), consumiendo una gran diversidad de presas como

crustáceos, cefalópodos (Xavier et al., 2002; Cherel & Duhamel, 2003; Van de Hoff, 2004) y peces (Goldsworthy et al., 2001) además de cnidarios y equinodermos (Pilling et al., 2001).

En estados de post larva y juveniles se alimenta de zooplancton y pequeños peces (Duhamed, 1981 *fide* Arkhipkin et al., 2003), en tanto que los adultos serian principalmente piscívoros, cambiando sus preferencias alimenticias durante su desarrollo ontogenético, el que esta ligado al cambio de hábitat de la especie. Durante su fase ontogénica de plataforma, *D. eleginoides* se alimenta de nototenidos de tamaños medianos tales como el bacalao de roca (*Patagonotothen ramsayi*) los que se encuentran cercanos al fondo en la Plataforma Patagónica y en la Plataforma de las Georgias del Sur los cefalópodos y crustáceos tendrían una importancia secundaria en su espectro trófico (Cassia & Perrotta, 1996 *fide* Arkhipkin et al., 2003). En las aguas profundas la alimentación de *D. eleginoides* es oportunista, consumiendo principalmente macruridos y moridos con un incremento en el número de camarones (Pilling et al., 2001) y grandes crustáceos bentónicos (Zhivov & Krivoruchko, 1990 *fide* Arkhipkin et al., 2003). Por otro lado *D. eleginoides* además de cambiar su alimentación respecto de la profundidad también lo hace temporalmente según la disponibilidad de presas, estacionalmente Arkhipkin et al., (2003) describen variaciones alimenticias dependiendo de la abundancia y migración de las principales presas.

Otros estudios en juveniles de *D. eleginoides* en Shag Rocks y las Islas Georgias del Sur también dan a conocer la importancia de los peces como presa principal seguido de cefalópodos y misidaceos (Barrera-Oro et al., 2005; Collins et al., 2007). Estudios realizados en Isla Macquarie los peces también fueron la principal presa seguidos de cefalópodos y crustáceos (Goldsworthy et al., 2002).

En el caso de las preferencias alimenticias encontradas en la zona cercana al archipiélago Príncipe Eduardo, la principal presa estuvo compuesta por cefalópodos seguida por los peces. Además la presencia de contenido alimenticio fresco en los estómagos de *D. eleginoides* indicaría que la alimentación se realiza durante las 24 horas del día (Pakhomov et al., 2006).

Recientes estudios además indicarían que los adultos migrarían a alimentarse en aguas pelágicas (Garcia de la Rosa et al., 1997 *fide* Eastman & Barry, 2002).

Otros estudios de la ecología trófica han sido aplicados para establecer niveles de contaminación, como los provocados por mercurio (Mendez et al., 2001). McArthur et al., (2003) encontraron altos niveles de contaminación por mercurio en los ejemplares de *D. eleginoides* recolectados en Isla Macquarie.

1.4. Parásitos

No son muchos las publicaciones científicas internacionales sobre la parasitología de *D. eleginoides*, estos estudios son importantes por ejemplo para establecer relaciones tróficas predador-presa identificando posibles causas de infección, estructura de la comunidad parasita y para determinar unidades poblacionales.

Brickle et al., (2005) comparando la fauna parasitaria de *D. eleginoides* alrededor del Océano Austral encontró un total de 32 taxas parasitas, 10 de ellas reportadas por primera vez. Algunas de esas taxa sólo fueron encontradas en ciertos sectores, por lo que el índice de similaridad de Sorensen's indicó que la fauna Heard, Maquarie, y en las islas Príncipe Eduardo fueron mayoritariamente similar, mientras aquellos parásitos encontrados en los individuos de *D. eleginoides* extraídos en el Mar de Ross fueron diferentes a los encontrados en los demás sectores. Además los autores indican que podría existir un decrecimiento gradual en la diversidad parasitaria hacia el este en las muestras colectadas en el océano austral.

Por otro lado un estudio realizado en las costas de Chile encontraron un total de 11 taxa de parásitos metazoo en muestras de 49 individuos de *D. eleginoides* (Mouillot et al., 2003). Lamentablemente no se han realizados más estudios que permitan identificar alguna estructura poblacional de *D. eleginoides* en las costa oeste de América del Sur.

1.5. Predación

- Principales predadores

Dentro de los principales predadores de *D. eleginoides* se encuentran los mamíferos marinos, como ballenas, focas y lobos marinos (Goldsworthy et al., 2001; Korabelnikov, 1959 *fide* North, 2002; Collins et al., 2007); aves, como pinguinos y albatros (Weimerskirch et al., 1997; Cherel et al., 2000; Goldsworthy et al., 2001; Collins et al., 2007) y cefalópodos (Cherel & Duhamel 2003; Collins et al., 2007)

Como es sabido existe interacción de las aves y mamíferos con las actividades de pesca de *D. eleginoides*, lo que provoca importantes mortalidades de estos animales, todo esto además puede de alguna manera afectar el catalogar erradamente a una especie como predador de *D. eleginoides*. Varios trabajos se han publicado entregando información de estas interacciones (Cherel et al., 2000; Nel et al., 2002; Wienecke & Robertson. 2002; Collins et al., 2007), pero también algunos trabajos han entregado valiosa información que permite reconocer por ejemplo que algunas aves y mamíferos marinos, si son capaces de obtener ellos mismos su alimento, sin intervenir con las actividades de pesca (Weimerskirch et al., 1997).

Pese a lo anterior, lamentablemente no fue posible encontrar información que de cuenta de estimaciones de mortalidad por predación (M2).

1.6. Mortalidad natural (M)

- Mortalidad de estadios tempranos
- Mortalidad de juveniles y adultos

Respecto a estimaciones de mortalidad natural (M), sólo fue posible encontrar para dos sectores. Payne et al., (2005), en una evaluación preliminar de la población de *D. eleginoides* en las Islas Malvinas estimaron un M de 0,06 (año^{-1}) (mediante el método de regresión de Pauly). Además estos autores citan estimaciones hechas por Baranowski et al. (1995) con valores de M de 0,1-0,12 (año^{-1}) (mediante el método de Rikhter y Efanov. El trabajo de Tuck et al. (2003), cita valores de M para las islas Heard de 0,1 (año^{-1}) y para las Georgia del Sur valores de M de 0,16 (año^{-1}).

1.7. Mortalidad por pesca (F)

En este ítem no se encontró información derivada de revistas internacionales.

1.8. Reclutamiento

- Relación stock-recluta

Estudios de reclutamiento de *D. eleginoides* para las Islas Malvinas han encontrado que los reclutamientos son muy variables, ocurriendo fuertes clases anuales cada 4 o 5 años (Laptikhovsky & Brickle, 2005; Collins et al., 2007).

El estado de la biomasa en las Islas Mavinas se encontraba al año 2004 entre un 38 y 46 % de la biomasa virginal (biomasa no explotada), es decir entre las 32.000 y 56.339 toneladas (t), y con una biomasa del stock desovante de aproximadamente entre 13.000 y 26.000 (t). La abundancia de reclutas estimados varió entre 1.420.850 y 2.510.620 individuos (Payne et al., 2005).

1.9. Reproducción

- Tipo de reproducción

D. eleginoides tiene un tipo de reproducción sexual con sexos separados. El ciclo de vida de *D. eleginoides* comprende varias fases ontogenéticas. No existen datos del lugar donde desovan aunque existen algunos indicadores que en las Georgias del Sur y Malvinas liberarían sus huevos en plataforma a profundidades entre 800 y 1.000 m (Agnew et al.,

1999 *fide* Arkhipkin et al., 2003; Laptikhovsky & Brickle, 2005; Laptikhovsky et al., 2006). Otros trabajos indicarían que *D. eleginoides* producirían huevos pelágicos (Kock et al., 2006). Las larvas y post larvas pueden ser encontradas en la capa pelágica alrededor de las Georgias del Sur (North, 2002) y en la capa pelágica en la parte sur de la plataforma Patagónica (Ciechomski & Weiss, 1976 *fide* Arkhipkin et al., 2003). Luego los juveniles descienden a las capas cercanas al fondo de la plataforma Patagónica entre los 70 y 500 m donde crecen hasta los 60-70 cm de longitud total (LT), periodo donde transcurren varios años. Posteriormente los peces adultos migran hacia hábitat de aguas profundas mayores a los 1.000 m

- Madurez

La madurez sexual en hembras y machos de *D. eleginoides* es alcanzada entre los 70 y 90 cm (LT) (alrededor de los 7-11 años) y entre 90 y 100 cm (LT) (9 a 12 años) respectivamente (Zhivov & Krivoruchko 1990 *fide* Barrera-Oro et al., 2005; (Moreno, 1998 *fide* Horn, 2002; Laptikhovsky et al., 2006)

- Fecundidad

La mayoría de los notothenidos tienen valores de fecundidad que van desde decenas a miles de huevos; las especies de bacalaos tienen un alto potencial de fecundidad la cual ha sido calculado de 48 mil a 546 mil en *D. eliginoides* (Kock, 1992 *fide* Birkle et al., 2005) y varia con la longitud y localidad geográfica (Kock et al., 1985 *fide* Evseenko et al., 1995). Los huevos tienen un tamaño de entre 4,3 y 4,7 mm de diámetro (Evseenko et al., 1995).

- Área y época de desove

Los desoves de *D. eleginoides* ocurren durante el periodo otoño invierno, con un desove menor entre abril y mayo y un desove mayor entre julio y agosto (Duhamel, 1981 *fide* Barrera-Oro et al., 2005; Agnew et al., 1999 *fide* North, 2002 & Laptikhovsky et al., 2006). Alrededor de las Georgias del Sur, los estados tempranos desde huevo a post larva son encontrados en verano entre diciembre y enero (Efremenko, 1983 *fide* Barrera-Oro et al., 2005). La incubación de los huevos probablemente toma alrededor de tres meses, eclosionando entre octubre y noviembre (Evseenko *et al.,* 1995).

- Proporción sexual

La proporción sexual de *D. eleginoides* parece cambiar con la profundidad, época del año y lugar. En Burdwood Bank la proporción sexual fue igual a profundidades menores a 1.500 m, en tanto que los machos predominan en aguas mas profundas. Temporalmente, durante abril-septiembre existe una mayor cantidad de machos en las profundidades de 1.000-1.500 m que en octubre-marzo (Laptikhovsky et al., 2006).

1.10. Crecimiento

- Tasa de crecimiento de embriones, juveniles y adultos

Tal como para especies de zonas tropicales y temperadas, el crecimiento de las especies de peces antárticas comúnmente se han descrito por la ecuación de Von Bertalanffy (La Mesa & Vacchi, 2001).

El crecimiento en *D. eleginoides* es relativamente rápido durante los primeros diez años, periodo en crecen hasta alcanzar la madurez alrededor de los 70-90 cm de longitud total (LT) (Collins et al., 2007) y puede alcanzar hasta los 50 años de edad (Horn et al., 2002).

La lectura de otolitos da cuenta de la formación de anillos opacos y translucidos, los márgenes opacos son generalmente en verano y los translucidos en invierno. Esta especie parece depositar un anillo translucido cada año, lo que permite validar el método de determinación de la edad (Horn et al., 2002). Las hembras crecen más que los machos pero ambos sexos exhiben edades comparables.

La Mesa & Vacchi (2001) determinan y comparar el índice de desempeño del crecimiento (P) (Pauly, 1979). Al parecer existe una relación aparente entre el desempeño del crecimiento y el hábitat de vida del pez. Comparando el valor P entre algunos nothotenidos el desempeño del crecimiento incrementa desde su vida pelágica a la vida bentónica.

Por otro lado, Evseenko y colaboradores (1995) encontraron un crecimiento en *D. eleginoides* casi lineal hasta antes de la maduración.

Un estudio realizado por North (2002) en *D. eleginoides*, determina un tiempo de desarrollo desde el huevo hasta la eclosión de la larva de aproximadamente 3,5 meses (entre noviembre y mediados de diciembre) con una larva de alrededor de 15 mm de longitud (l); un tamaño de 65 mm (l) podría ser alcanzado entre febrero y principios de marzo. Dado que la talla media de clase más pequeña de los juveniles es alrededor de 13 a 25 cm (l) durante diciembre-febrero en las Georgia del Sur y Shag Rocks, esta longitud de clase representaría a peces de 14 meses de vida.

- Parámetros crecimiento

La Tabla XIX muestra los parámetros estimados para *D. eleginoides*. Los valores de los parámetros de Von Bertalaffy descritos por Horn (2002) son estimados para las aguas al sur de Nueva Zelanda al Mar de Ross, en tanto que los valores de los parámetros encontrados en el trabajo de Payne (2005) corresponden a valores asumidos para una evaluación del stock de *D. eleginoides* de Islas Malvinas, estos últimos entregan un mayor valor de Loo (209.7 cm).

1.11. Migraciones

Como se mencionó anteriormente *D. eleginoides* habita en un rango de profundidad conocido entre 70 y 2.500 m, profundidades que dependerán del estado del ciclo de vida en que se encuentre. Primeramente el desove tendría lugar en la plataforma a profundidades de entre los 800 y 1.000 m (Agnew et al., 1999 *fide* Arkhipkin et al., 2003), para ello los individuos adultos que habitan profundidades mayores deberán migrar a profundidades más someras para realizar el desove. Luego las larvas y post larvas habitan la capa pelágica donde se alimentan. A medida que van creciendo los juveniles van descendiendo a las capaz de agua cercanas al fondo a profundidades de entre los 70 y 400 m de profundidad donde crecen hasta alcanzar un tamaño de entre 60 y 70 cm, luego los adultos migran a aguas profundas mayores a 1000 m, a un hábitat meso y batipelágico (Eastman, 1993 *fide* Arkhipkin et al., 2003).

Esto podría representar en forma general la migración en profundidad de *D. eleginoides*, pero además existen algunos antecedentes de que existirían algunas diferencias en la migración de algunas poblaciones. Laptikhovsky et al., (2003) mencionan diferencias en la migración de la población de *D. eleginoides* del sur este de la Patagonia y las Islas Malvinas con respecto a otras poblaciones que habitan en aguas alrededor de las islas oceánicas con hábitat de mayor inclinación. Ellos señalan que es posible que los individuos en las Malvinas experimenten dos tipos de migraciones en diferentes escalas temporales y espaciales. La primera, una migración ontegenética desde aguas de la plataforma habitada por peces inmaduros hacia aguas batiales donde viven los adultos. La segundo tipo de migración, una migración estacional de los adultos entre áreas de alimentación y de reproducción. Durante esta migración los peces pueden cubrir una distancia mayor a los 1.000 Km, aunque la mayoría de los peces probablemente se alimentan en áreas cercanas a las zonas de desove, entre los 49º y 53ºS, a unos 300 o 500 Km. Algo similar pero con una migración de menor rango podría ocurrir en los individuos de *D. eleginoides* de las Georgias del Sur.

Moller et al., (2003), dan a conocer el primer registro de un individuo de *D. eleginoides* capturado en el hemisferio norte, indicando que la migración pudo haber ocurrido por las aguas frías y profundas que atraviesan el Ecuador. La existencia de una población de *D. eleginoides* en Groenlandia es poco probable y esto solo se debería a un individuo extraviado.

Por el Atlántico, lo más al norte que individuos de *D. eleginoides* han sido registrados es en Uruguay (32ºS), lo que puede indicar una migración de al menos 10.000 Km (Moller et al., 2003).

5.6. Publicaciones CCAMLR

Dado que las áreas geográficas estudiadas por la Convención para la Conservación de los Recursos Marinos Vivos Antárticos (CCAMLR), son similares a las cubiertas en publicaciones internacionales tipo ISI, los aspectos que se entregan en esta sección serán aquellos que complementen a la reportada en la sección anterior (Tabla XX).

En las áreas de pesca en torno a las islas sub-Antárticas, el desove de bacalao de profundidad tiene lugar en aguas profundas. En Islas Georgias la estación de desove ocurre generalmente en los meses de invierno (Junio a Septiembre), similar a lo encontrado en Kerguelen (cerca de junio). En Shag Rocks el mayor desove ocurre en agosto, aunque la actividad reproductiva aumenta a partir de abril-mayo, meses en los cuales existiría un desove secundario de menor importancia. Sin embargo, este patrón difiere de lo reportado en el borde este de Burdwood Bank, donde la principal estación reproductiva ocurriría desde septiembre a noviembre.

El desove de la especie ocurre en aguas profundas por sobre el talud continental, aún cuando existen diferencias respecto del rango batimétrico; sugiriéndose en algunos casos el área comprendida entre los 800 y 1.200 m profundidad (Agnew et al., 1999). Los huevos desovados en esta zona ascenderían gracias a procesos advectivos hasta los 500 m, luego de lo cual éstos pueden ser transportados fuera de las áreas de puesta.

Un aspecto discutido respecto a la biología y conducta de bacalao de profundidad es su capacidad de desplazamiento, lo que tiene una influencia directa sobre el flujo génico entre individuos distribuidos en áreas geográficas distantes, y por tanto sobre la posibilidad de conformar unidades poblacionales genéticamente distintas. Agnew et al., (1999) infirió migraciones reproductivas entre las áreas de South Georgia y Shag Rocks a partir de distribución de frecuencias de tamaño y estados de madurez, aunque no efectuó mediciones directas. Williams et al., (2002), mediante experimentos de marcaje-recaptura, determinaron que la mayor parte de los peces recapturados raramente se movieron más de 15 millas del lugar de liberación, aún cuando se detectó 4 peces cuyo lugar de recaptura se distanció desde 210 a 1.033 millas de su lugar original (Fig. 47), y en todos los casos a profundidades mayores a las que fueron liberados (< 1.000 m). Aquellos individuos liberados en áreas de pesca en torno a islas Heard y capturados posteriormente en islas Crozet, fueron capaces de superar barreas geográficas y térmicas.

En otro experimento de marcaje-recaptura, Marlon et al., (2003) marcaron y liberaron ejemplares en áreas de pesca en torno a Shag Rocks y South Georgia, encontrando que de 37 peces recapturados alrededor de South Georgia, 28 (76%) estuvieron dentro de los 25 km del lugar de liberación. Sin embargo, 2 peces se desplazaron 192 y 163 km desde el sudeste y este, respectivamente. Los autores indican que la migración de estos

2 ejemplares coincide con la dirección de prevalencia de las corrientes alrededor de las islas. Marlon et al., (2003) también reportan que peces liberados en la plataforma Patagónica (42°S 58°W) también se recapturaron en general a distancia menores a 20 km, sin embargo, 1 ejemplar fue recapturado a 322 km de su punto de liberación después de 217 días, y otro a una distancia de 46 km luego de 409 días. En este caso, la dirección de movimiento desde la zona de liberación hacia la zona de recaptura coincide con la dirección de la Corriente de Brazil.

Caracterización oceanográfica

Entre las corrientes que se pueden observar en el Océano Austral, destacan la Corriente Circumpolar Antártica que posee un flujo alrededor del continente antártico desde el oeste al este, esta corriente da lugar a una corriente que se dirige al norte en la costa oeste de Sudamérica conocida como corriente de Humboldt y en la costa este como la corriente de las Malvinas. Entre la corriente circumpolar y el continente antártico es posible apreciar dos corrientes locales originadas en el Mar de Weddell y Mar de Ross (Fig. 48), precisamente las aguas de estos mares son las que aportan con el Agua Antártica de Fondo que se caracteriza por su baja temperatura (menor a 0ºC) y alta salinidad. La parte norte de la corriente forma el Frente Polar Antártico, donde se une la región Antártica con la región Subantártica. Justamente es en el norte de la Convergencia Antártica en donde la mezcla superficial produce el Agua Intermedia Antártica, la que posee propiedades bastantes definidas: temperatura cercana a los 2,2 º C, salinidad de 33,8‰ y una profundidad de alrededor de los 2000 m (Pickard 1979; Pinet, 1998) (Fig. 49).

Sverdrup considera esencialmente por analogía con el océano Atlántico que el movimiento del agua profunda es de manera lenta hacia el sur (entre el agua de fondo y el agua intermedia). Este movimiento del agua profunda hacia el sur debe ser suplido por un movimiento hacia el norte del agua de fondo que esta bajo ella y del agua intermedia arriba de ella (Fig. 50). Las indicaciones son, por lo tanto, que dada la poca estratificación de las aguas bajo los 2000 m, el movimiento del agua profunda y de fondo en el pacifico son muy lentas, lo que provocaría que existiría solo un pequeño cambio entre el pacifico norte y el sur en contraste a lo que ocurre en el Atlántico.

En la Figura 51 es posible observar que existen características topográficas del fondo interesantes de resaltar por ejemplo en el paso Drake existe una profundidad alrededor de 500m y el Scotia Ridge (Cordillera Escocesa) tiene una profundidad menor a los 2000 m de profundidad, pero existen algunas aberturas de alrededor de 3000m de profundidad. Estos efectos combinados en la corriente circumpolar son muy dramáticos acelerando el flujo al chocar con ese obstáculo, lo que produce altas turbulencias (Thomzak & Godfrey, 2001)

El *Kerguelen Plateau* (meseta de Kerguelen) el que posee unas pocas islas tiene una profundidad entre los 2000 y 3000 m de profundidad, este tiene una estrecha abertura entre el y la antártica en cual el flujo puede alcanzar los 3000m, no obstante no se han identificado desviaciones importantes a través de la meseta (Thomzak & Godfrey, 2001).

Finalmente, el sur este de Australia y Nueva Zelandia (Macquarie Ridge) el Antartic Pacific Ridge y el Sur este Indian Ridge, se combinan para formar el tercer obstáculo a la corriente circumpolar que alcanza el nivel de los 3000 m. La única abertura para esa profundidad se encuentra al sur de Macquarie Ridge en los 59ºS. Por otro lado gran parte de Macquarie Ridge se encuentra encima de los 2000m, como causa de la complicada topografía la corriente se desvía hacia el norte (Thomzak & Godfrey, 2001).

Como es posible observar todas las características mencionadas anteriormente ayudan o no a que poblaciones de bacalao de profundidad estén ligados a estas zonas de islas cercanas a la antártica y que puedan o no tener algún tipo de conexión entre ellas. En el caso de la población que se encuentra en Chile lo mas probable es que tenga una fuerte conexión con la población que se encuentra en el lado Argentino e Islas Malvinas, dado que en ese sector se observa un continium en la plataforma que podría facilitar la migración entre las Islas Malvinas, la Plataforma Patagónica Argentina y el sur de Chile.

Con respecto a la costa de Chile, esta posee una plataforma por el norte que es muy estrecha con un ancho menor a los 10 Km., hacia el sur la plataforma continua ensanchándose levemente alcanzando aproximadamente los 70 km entre los 36º-42ºS (Figueroa, 2002 *fide* Montecinos et al., 2004), más al sur la plataforma se angosta y se quiebra reapareciendo en forma extensa en el lado Argentino.

La corriente de Humbolt tiene dos ramas que se dirigen hacia el norte transportando aguas de origen subantártico (frías y relativa baja salinidad), una costera y otra oceánica alcanzando una profundidad aproximada de sobre los 500 m (Pinet, 1998). En contraposición a este flujo hacia el norte existen dos corrientes, la primera la Contracorriente del Perú la que esta constituida por aguas de origen subtropical y que se sitúa entre las dos ramas de la corriente de Humbolt y el segundo flujo hacia el sur se denomina Contracorriente Costera de Chile, la que se presenta más claramente en la zona norte del país, como una corriente débil que afecta hasta los 150 m aproximadamente. Por debajo de la rama costera de la corriente de Humboldt, es posible detectar la influencia de la contracorriente Subsuperficial Perú-Chile, que se extiende desde la zona norte del Perú hasta alrededor de los 48ºS, la que lleva aguas de origen Ecuatorial Subsuperficial caracterizadas por su bajo contenido de oxígeno disuelto.

Desde la zona norte hasta aproximadamente los 30ºS se pueden identificar cinco masas de agua: en la capa superficial se encuentra el agua Subtropical y agua Subantártica, en la capa subsuperficial se ubica el agua Ecuatorial Subsuperficial, bajo ella está el agua Intermedia Antártica y más abajo el agua Profunda del Pacífico. En la zona central del país se encuentran las mismas masas de agua que en la zona norte, con excepción del agua Subtropical que ocasionalmente alcanza estas latitudes.

En la Tabla XXI se aprecian las distintas masas de agua descritas para Chile por Robles (1979) citado por Bernal et al., (1982).

Con estos antecedentes podríamos suponer que el bacalao podría estar utilizando el Agua Intermedia Antártica para aumentar su rango de distribución hacia el norte, íntimamente ligado al talud y plataforma continental. El agua Intermedia Antártica por un lado le entregaría el rango de temperatura óptimo para su distribución y el talud actuaría como una barrera donde profundidades mayores a los 4000 m serian el límite de su rango de distribución batimétrica.

Dado que los primeros estados de desarrollo del bacalao de profundidad son en aguas más someras, es necesario caracterizar de buena manera el flujo de las corrientes superficiales del océano del sur. Precisamente puede que justamente sea en estos estadíos cuando se produzca la mayor migración entre las zonas.

RESUMEN DE LA INFORMACIÓN GENERADA

Informes técnicos FIP

El resumen de la información generada en los proyectos FIP realizados por diferentes instituciones es presentado en la Tabla XXII, donde se indican los diferentes aspectos abordados como objetivos de proyectos FIP. Se observa una clara secuencia de investigación en los años '90, la cual se interrumpió desde el año 2003 a la fecha de licitación del presente proyecto de unidades poblacionales de bacalao.

La cobertura espacial de las diferentes investigaciones financiadas por el FIP ha permitido obtener información a lo largo de toda la distribución chilena de la especie, lo que permite contrastar los resultados obtenidos entre zonas tan separadas como lo son la I-II regiones con la XI-XII (Ver Tabla XXIII).

La matriz de conocimiento (Tabla XXIV) para el bacalao de profundidad planteada a partir de los estudios financiados por el FIP muestra aspectos bastante estudiados como son los índices de abundancia, aspectos reproductivos como talla de primera madurez sexual, mortalidad natural, etc., pero otros muy deficitarios, como son la alimentación, fecundidad, ciclo migratorio, entre otros, que pueden estar abordados por otras investigaciones (e. g. seguimiento del IFOP), o debieran ser abordados a futuro a

fin de completar la dinámica de la especie para una adecuada administración de la misma.

Desde el punto de vista de la estructura poblacional para la especie como se presentó en los resultados los únicos proyectos que intentan producir resultados en este aspecto corresponden a los de Oyarzún et al., (2003 a y b) utilizando electroforesis de proteínas, pero lamentablemente no pertenecen a un objetivo específico de los proyectos (FIP 2001-16 y FIP 2001-17), sino más bien a una Sobreoferta que se entrega en cada uno a partir de los mismos datos. Sin embargo, las conclusiones obtenidas de los análisis genéticos realizados permitieron a los autores los sistemas polimórficos y compararlos con los reportados por otros autores (Ver Oyarzún et al., 2003a), al a vez, dichos autores no encuentran diferencias significativas entre los bacalaos capturados de Lebu al sur, planteando que el bacalao de profundidad presente frente a las costas chilenas muestra una alta homogeneidad genética considerando la distancias geográficas y que correspondería a una sola población o stock como posible hipótesis de estructura poblacional.

Lo anterior, se ve corroborado por los análisis reproductivos realizados hasta la fecha y que muestran que existiría un gradiente latitudinal en la maduración reproductiva del bacalao de profundidad desde peces inmaduros, y más pequeños, al norte de Quellón a peces en proceso de vitelogénesis avanzada (madurez), y de mayor tamaño, hacía el extremo austral (Young et al., 1999; Oyarzún et al., 2003a).

Informes técnicos IFOP

Los estudios IFOP describen los hechos históricos y el conocimiento actual de la pesquería de bacalao de profundidad en aguas chilenas. Esta rica información permite generar una descripción de la dinámica del recurso, cuestionando la hipótesis de la existencia de una unidad de stock solo presente en aguas chilenas. Es probable que los estudios de genética y la información generada de las restantes revisiones bibliográficas sugiera la factibilidad de la existencia de una sola unidad de stock presente en el cono sur. Específicamente, un stock que se distribuye entre el norte de Chile, pasando por el extremo austral, y distribuyéndose en la plataforma y talud de Argentina e Islas Malvinas.

Revistas nacionales e internacionales ISI y Scielo

La gran mayoría de la información encontrada en revistas científicas internacionales, son de trabajos realizados en la zona sur austral (Mar de Ross, islas Malvinas, islas Georgias del Sur, Príncipe Eduardo, entre otros), existiendo casi nula información de sectores de menores latitudes (costas de Chile y Argentina). Además existe muy pocas estimaciones de mortalidad natural (M), y en el caso de la mortalidad por predación

(M2) y mortalidad por pesca (F), no existen estimaciones. También existe una carencia de información que permita reconocer áreas y épocas de reclutamiento.

El contar con información de la distribución e historia de vida del recurso y su pesquería es de gran utilidad para poder diferenciar distintas poblaciones de *D. eleginoides*, si las hubiera, y de esta manera establecer medidas de manejo que permitan asegurar la sustentabilidad de esta pesquería.

Es por ello que se hace extremadamente necesario contar con información biológico-pesquera del recurso en las costas de Chile, de manera identificar patrones reproductivos, migraciones, biomasas, parámetros de vida, etc, que ayuden a entender de mejor forma la dinámica del recurso y de esa manera establecer medidas administrativas indicadas que aseguren el bienestar del recurso y la pesquería.

Publicaciones CCAMLR

Las investigaciones efectuadas por la Convención para la Conservación de los Recursos Marinos Vivos Antárticos (CCAMLR), sugieren la existencia de stocks discretos de bacalao de profundidad en torno a islas que rodean la Corriente Circumpolar Antártica, y en las áreas por sobre la plataforma y talud continental Patagónica. Aún cuando el bacalao de profundidad es una especie longeva, pudiendo alcanzar tamaños superiores a los 2 m de longitud total, se reconoce que presenta una baja movilidad. Esta condición junto con la existencia de áreas reproductivas definidas permitiría la existencia de unidades poblacionales aisladas.

Los estudios de marcaje-recapturan apoyan la idea de peces de baja movilidad, la cual en promedio no superaría los 20 a 30 km anuales. Sin embargo estos mismos estudios han demostrado que existe una baja proporción de ejemplares que son capaces de recorrer importantes distancias, incluso superiores a las 1000 millas. Estos antecedentes deben ser considerados a la hora de discutir el número crítico de individuos para mantener la homogeneidad de marcadores genéticos.

Análisis bibliográfico integrado

Durante la revisión de la bibliografía existente sobre bacalao de profundidad, se logró recopilar un sin número de referencias provenientes de reportes técnicos y publicaciones científicas, tanto a nivel nacional como internacional, los cuales informan sobre diversos aspectos de la biología de esta especie (i.e. distribución espacial y batimétrica, proporción sexual, estructura demográfica, reproducción, edad y crecimiento, mortalidad, alimentación, parasitología, genética, migraciones). Gran parte

de estas piezas de información no se encuentran conectadas, por lo que existen aún muchas interrogantes sobre el ciclo de vida del bacalao de profundidad y la forma en que se relacionan los distintos stocks bajo explotación.

Como una forma de dar respuesta a la pregunta sobre la presencia de uno o más stocks discretos de bacalao de profundidad a lo largo de la costa de Chile en el Océano Pacifico Sur Este, se presenta a continuación la integración del análisis bibliográfico bajo el título de "Historia de vida del bacalao de profundidad".

Historia de vida del bacalao de profundidad

El bacalao de profundidad presenta una distribución circumpolar, encontrándose principalmente en aguas antárticas del Hemisferio Sur, en los océanos Pacífico Suroriental, Atlántico e Índico, y en áreas circundantes a las plataformas peninsulares de islas subantárticas como las Islas Malvinas, Georgias del Sur, Príncipe Eduardo, Bouvet, Crozet, Kerguelen, Heard y Macquerie. Alrededor del cono sur de América, ha sido reportado en el Pacífico desde el Perú (6° L.S. en este estudio) a Chile continental, y en Atlántico desde Uruguay (35° L.S.) al sur de Argentina, bordeando toda el área de la Patagonia. También se encuentra en la Península Antártica, isla Rey Jorge (61º24' S) en el Pacífico sur, y en el Mar de Ross.

El ciclo de vida del bacalao de profundidad se desarrolla en aguas frías influenciadas por las aguas Subantárticas (ASA), Intermedia Antártica (AIA) y masas de agua más profundas. El rango batimétrico conocido para la especie se encuentra entre los 70 y 3.850 m de profundidad, habitando por sobre la plataforma y talud continental de Sudamérica e islas Sub-antárticas.

Se ha descrito que el desove toma lugar en la zona pelágica de aguas profundas, por sobre el talud, donde los huevos alcanzan profundidades de hasta 1000 m; posteriormente, y gracias a corrientes advectivas, los huevos ascenderían hacia aguas más someras, distribuyéndose más cerca de la plataforma. A medida que el desarrollo ontogenético continúa, las larvas se encuentran más cerca de la superficie, pudiendo distribuirse en la zona pelágica por sobre la plataforma, así como también sobre el quiebre de la plataforma y el talud. El ascenso de los estadíos tempranos de desarrollo desde la zona de aguas profundas hacia la superficie, permite el encuentro con otras masas de aguas que facilitan el transporte hacia áreas más lejanas, ampliando con esto el área de influencia del desove. Además, al distribuirse en aguas más someras las postlarvas pueden alimentarse de zooplancton.

Así como avanza el desarrollo desde pre-reclutas hacia juveniles y adultos, los individuos van cambiando de hábito de vida. En las primeras etapas de vida se distribuyen por sobre la plataforma en aguas cercanas al fondo, donde son activos

predadores de especies nectónicas tales como peces y calamares, pero raramente sobre grupos taxonómicos demersales o bentónicos (i.e. isópodos, anfípodos, crustáceos, pulpos). Al llegar a la edad adulta habitan preferentemente sobre el borde del talud donde continúan asociados a aguas del fondo (zona mesopelágica); los ítems presa continúan siendo peces y calamares, aún cuando los peces constituyen la mayor parte de la dieta. Luego, a medida que alcanzan mayores tamaños los individuos se profundizan aún más, ubicándose en la columna de agua de la zona batipelágica. En esta etapa aumenta la importancia de presas menos activas, como peces y calamares de pequeño tamaño, camarones e incluso gelatinosos. De esta forma uno de los hábitos de vida del bacalao de profundidad comprende migrar batimétricamente hacia aguas más profundas a medida que se desarrolla ontogenéticamente.

Este esquema general se ve modificado cuando se acerca el periodo reproductivo, durante el cual los peces adultos maduros ascienden hacia aguas menos profundas para desovar. No obstante, ya sea durante la época reproductiva o fuera de ésta, el bacalao de profundidad juvenil y adulto desarrolla gran parte de su vida asociado a masas de agua cercanas al fondo marino.

Es probable que esta asociación con aguas cercanas al fondo marino sea una de las variables que explique la distribución geográfica del bacalao de profundidad. La información proveniente de la captura directa e incidental sobre bacalao de profundidad en el Océano Austral, indica su presencia sólo en torno a islas subantárticas, cuya plataforma y talud ofrece un hábitat que se extiende desde la superficie y hasta los 4.000 de profundidad; no existiendo registros de su presencia en masas de agua a profundidades mayores. Otra variable que también estaría limitando su distribución sería la temperatura del agua, la cual impediría su penetración hacia la parte sur del Océano Austral, donde habita su símil *Dissostichus mawsoni*. El bacalao de profundidad, a diferencia de *D. mawsoni*, carece de glicoproteínas en la sangre que impidan que ésta se congele a temperaturas cercanas al punto de congelación del agua, encontrándose en aguas por sobre los 2°C.

De esta forma, el límite sur del área de distribución del bacalao de profundidad se corresponde, en general, con el Frente Polar Antártico, aunque en ciertas áreas es capaz de penetrar esta barrera, tal como en Islas Georgias del Sur y en el Mar de Ross. El límite norte de su área de distribución estaría dado por una combinación entre la influencia de las aguas frías de origen antártico, y la continuidad de la plataforma y el talud; mientras que en sentido este-oeste, principalmente por esta segunda variable. Esto podría explicar porque el bacalao de profundidad no se encuentra de forma continua alrededor de la Zona Circumpolar Antártica, y porque extiende su hábitat en Sudamérica incluso hacia latitudes subtropicales.

Las barreras físicas naturales que limitan el área de distribución del bacalao de profundidad alrededor del área subantártica, sumado a su baja capacidad de migración, han permitido sugerir la existencia de varias unidades poblacionales discretas entre las

cuales existe una baja o nula tasa de mezcla. Estas unidades poblacionales estarían ubicadas en torno a las áreas de: 1) Islas Macquarie; 2) Islas Heard y McDonald; 3) Islas Georgias del Sur y Shag Rocks; y, 4) el área Patagónica. La existencia de estas unidades poblacionales está apoyada por diversos estudios que han determinado diferencias significativas mediante técnicas de análisis genético (mtADN y microsatélites) y radiometría de otolitos. Además, en estas áreas se ha observado la presencia de indicadores de desove (adultos en condición madura y postdesovante, huevos y larvas), a excepción de la población de Islas Macquarie, donde tal condición no ha sido detectada a la fecha.

En la costa chilena existiría una sola unidad poblacional de bacalao de profundidad (Fig. 52), la cual también estaría presente en la plataforma y talud de aguas Atlánticas de las costas de Argentina e Islas Malvinas, como también en las costas del Perú. En esta amplia área de distribución, el recurso presentaría migraciones, principalmente de la fracción adulta, y de ejemplares con estados juveniles de más avanzada edad, presentes en profundidades entre 800 y 2000 m.

Previo a los meses de junio a agosto (pudiendo pasar para septiembre) el recurso migraría hacia el extremo austral del cono sudamericano (entre los 54º-57º S y 66º-76º O) procedentes de las diferentes áreas de distribución con fines de desovar (Fig. 52): Este proceso de desove podría acaecer posiblemente a menor profundidad y sobre la plataforma continental. Posterior al proceso reproductivo, el recurso presentaría una migración por alimentación, retornando a las áreas previas al desove. Este proceso migratorio de alimentación es coincidente con el inicio de la temporada de pesca industrial y artesanal entre septiembre y diciembre, pudiendo la temporada de pesca durar hasta los primeros meses del año siguiente. No obstante estos procesos de migratorios, es probable que no toda la población participe en el proceso reproductivo, permaneciendo una fracción menor de ejemplares adultos, como también de ejemplares juveniles de avanzada edad, en las áreas de alimentación, los cuales permiten mantener una actividad de pesca, pero con bajos rendimientos.

Por otro lado, la zona de desove en el extremo austral de Chile está afecta a la Corriente del Cabo de Hornos, que tiene una dirección en sentido oeste a este. Luego, esta corriente podría trasladar los huevos y larvas producto del desove de bacalao; los cuales por crecimiento forman parte de la fracción de juveniles presentes en el área identificada como de reclutamiento frente a la Isla de los Estados en las costas argentinas, y que actualmente está bajo regulación y restricción para la pesca de arrastre.

Posteriormente, estos juveniles van alcanzando edades más avanzadas, los cuales se distribuirían a mayor profundidad (hacia el talud); y van adquiriendo comportamientos de mayor desplazamiento, los cuales migran hacia zonas de alimentación en el cono sur, tanto en lado Pacífico como en el Atlántico, y los cuales son capturados por la flota artesanal en Chile. Finalmente, estos juveniles se incorporan a la fracción adulta, al

alcanzar la edad de la primera madurez sexual, posiblemente durante el proceso reproductivo, como también durante los procesos de alimentación.

Durante esta dinámica, el recurso es explotado en la fracción adulta y en la fracción juvenil de edades avanzadas en la costa chilena, Argentina-Malvinas, y en menor medida en Perú; situación a considerar al momento de establecer las medidas de manejo, analizar la evaluación del stock, y establecer el estado del recurso.

Sin embargo, muchos de los planteamientos expuestos en la dinámica de bacalao requieren ser verificados con estudios, como: marcación, reproducción, alimentación, genética, parasitología, cruceros huevos-larvas, cruceros de reclutamiento, cruceros de indicadores de biomasa desovante, y en donde se requiere que también participen los científicos de las instituciones de investigación encargadas del estudio de las pesquerías en Argentina, Malvinas y Perú.

Hipótesis poblacional

El análisis integrado de la investigación bibliográfica de bacalao de profundidad en toda su área de distribución, nos permite plantear la siguiente hipótesis sobre la existencia de unidades poblacionales a lo largo de la costa de Chile.

H_0: A lo largo de la costa de Chile no existe discontinuidad de la plataforma y talud continental, ni barreras térmicas en el rango de profundidad donde el bacalao de profundidad se distribuye. Además, sólo se ha detectado actividad reproductiva en muestras provenientes al sur del paralelo 47° L.S. Por tanto, a lo largo de la costa de Chile existiría una sola unidad poblacional genéticamente discreta.

6. ANÁLISIS Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS

La presente investigación tuvo como objetivo caracterizar genéticamente poblaciones del Bacalao de Profundidad presentes en la costa Pacífica Chile - Perú y Atlántica en Islas Malvinas e Islas Georgias del Sur, analizando un total de 11 localidades, apoyando los resultados obtenidos con la información biológica – pesquera existente en la bibliografía gris y formal del recurso.

A partir del análisis integrado de la información biológica – pesquera del recurso se planteo la siguiente hipótesis de trabajo: A lo largo de la costa de Chile no existe discontinuidad de la plataforma y talud continental, ni barreras térmicas en el rango de profundidad donde el bacalao de profundidad se distribuye. Además, sólo se ha detectado actividad reproductiva en muestras provenientes al sur del paralelo 47° L.S. Por tanto, a lo largo de la costa de Chile existiría una sola unidad poblacional genética discreta.

Para contrastar la hipótesis y dar cumplimiento al objetivo se trabajó con 6 marcadores moleculares tipo microsatélites y 2 genes mitocondriales.

El análisis de los resultados genéticos permite inferir la existencia de un quiebre o discontinuidad del recurso *Dissostichus eleginoides* entre las localidades del Pacífico (Chile - Perú) en conjunto con Islas Malvinas versus Islas Georgias del Sur.

Los resultados basados en las secuencias de los genes mitocondriales para todos los individuos mediante aproximaciones filogenéticas Bayesianas, construcción de red de haplotipos y semejanza de localidades en cuanto a los haplotipos presentes, son consistentes al señalar que la única localidad con alta probabilidad de constituir una población genéticamente distinta es la ubicada en Islas Georgias del Sur. Esta localidad no sólo muestra una alta frecuencia de ciertos haplotipos con baja frecuencia en el resto de las localidades, si no que también varios haplotipos únicos característicos. Hay que destacar que los haplotipos con mayor frecuencia en Islas Georgias del Sur son compartidos en baja frecuencia con el resto de las localidades, sin embargo los haplotipos con mayor frecuencia en el resto de las localidades no están presentes en Islas Georgias del Sur. Esto nos sugiere primero que individuos de Islas Georgias pueden desplazarse al menos a las localidades más cercanas, pero el flujo inverso es poco probable, y segundo que existe una fuerte barrera biogeográfica aislando genéticamente la localidad de Islas Georgias del Sur.

El alto número de haplotipos observados en Puerto Williams e Islas Georgias del Sur, sugieren que cercano a estas localidades debieran existir áreas de reproducción que constituirían fuentes de nuevos haplotipos para las respectivas poblaciones (i.e. Islas Georgias del Sur, y el resto de las localidades), lo que es corroborado por la información existente de que el área con mayor actividad reproductiva se encontraría entre los 53 y 57°LS. Estas zonas de reproducción permitirían la mantención de

haplotipos de baja frecuencia que luego podrían migrar a otras localidades en un proceso de expansión. Esta hipótesis se puede ver fortalecida por los antecedentes que aportan los análisis de redes de haplotipos y distribución mismatch que indican procesos de expansión geográfica reciente desde un punto de vista microevolutivo. Por otra parte, la baja diversidad haplotípica observada en localidades del extremo Norte (e.g. Perú Sur) indica que esta zona sería el extremo de la distribución de la población del Pacifico Sureste, hasta la cual llegan sólo unos pocos haplotipos que seguramente son producidos en el área de reproducción del sur de Chile.

La diferenciación genética observada a partir del mtADN es consistente con los resultados obtenidos por Smith & McVeagh (2000a.b), (único estudio previo donde se incluyen muestras desde Chile) quienes analizando muestras procedentes de Chile (zona de Puerto Montt- Chiloé), la Plataforma Patagónica de Argentina e Islas Malvinas, concluyen que estas son muy similares y a la vez distintas de las muestras provenientes del sur del Frente Polar, como Islas Georgias.

La discontinuidad genética observada entre Islas Georgias del Sur y áreas de la Plataforma Patagónica ha sido corroborada por variados estudios (e.g: Reilly & Ward, 1999; Appleyard et al., 2004; Shaw et al., 2001)

Los resultados arrojados por los marcadores microsatélites, como el índice de fijación Fst y Rst entrega valores de diferenciación no significativos para las comparaciones entre las localidades de la costa chileno – peruana e Islas Malvinas, no así al comparar Islas Georgias con el resto de las poblaciones en estudio, donde los valores de Fst son del orden de 0.07 a 0.01 ($P < 0.0001$), concordante con poblaciones diferenciadas genéticamente, mostrando 2 grupos bien definidos; a) Islas Georgias del Sur y b) Islas Malvinas + Costa Chileno - Peruana, grupos sustentados también por el análisis de componentes principales y el test de diferenciación. Los resultados de homogeneidad genética entre las localidades de la costa chilena son consistente con los obtenidos en estudios previos sobre aloenzimas durante le realización de los proyectos FIP 2001-16 y 2001-17, donde se analizan muestras provenientes desde la zona de pesca centro – sur de Lebu, Valdivia, Quellón y Puerto Williams (Galleguillos & Astete, 2003). Sólo un estudio anterior realizado por el NIWA (Smith & McVeagh, 2000a.b) trabaja con aloenzimas con muestras provenientes del Océano Austral, sin incluir muestras de la plataforma chileno – peruana ni plataforma patagónica, no encontrando diferencias en poblaciones del Océano Austral para el Bacalao de Profundidad.

Los antecedentes biológicos de la especie apoyan la discontinuidad genética evidenciada del análisis de loci microsatélites y de los genes mitocondriales ND2 y DLoop entre las localidades en estudio. Los datos indican que esta discontinuidad podría deberse a la barrera que representaría el frente polar y el frente subantártico, principalmente a las características térmicas con aguas menores a 2°C donde el Bacalao de profundidad no puede habitar dado que carece de proteínas anticongelantes a diferencia de su símil *D. mawsoni*. Esta barrera impediría la mezcla entre poblaciones al sur de los frentes (Islas

Georgias) y las presentes al norte de los frentes (localidades de la costa chileno - peruana e Islas Malvinas). Sumado a esto, las aguas entre Islas Malvinas e Islas Georgias exceden los 3000 metros de profundidad (zonas abisales), ubicándose bajo el rango de distribución del Bacalao de Profundidad (< 2200), limitando el flujo de la fase larval y por consiguiente del flujo génico entre ellas, constituyendo así dos unidades poblacionales independientes.

Los resultados de diferenciación poblacional concuerdan con la baja capacidad de migración propuesta para el Bacalao de Profundidad (DeWitt et al., 1990) a través de programas de marcaje y recaptura en aguas australianas donde se indica que los peces no se desplazarían más de 20 a 30 kilómetros de su lugar de liberación. Sumando que los estudios genéticos realizados con el propósito de resolver la estructura poblacional de la especie han demostrado una marcada diferenciación de las poblaciones del Bacalao de Profundidad en aguas del Océano Austral.

A partir de la información recopilada y los resultados genéticos obtenidos en el presente proyecto, la hipótesis de una sola unidad poblacional genética para el bacalao de profundidad de las costas de Sudamérica resulta la más plausible. Siendo una sola gran población que se distribuiría desde el norte del Perú hasta el extremo austral y desde allí hasta las costas de Argentina, incluyendo Islas Malvinas.

Sin embargo, variables tan importantes para establecer la dinámica de la especie como las zonas y época de desove o ciclo migratorio, aun permanecen sin dilucidar y pueden influir al momento de determinar el tipo de unidad poblacional o stock, ya que diferencias, por ejemplo, en los períodos y/o zonas de desove pueden llevar a el establecimiento de stock de tipo ecológicos, que si bien, corresponden a peces que comparten un mismo pool genético, poseen características de historia de vida que comienzan a separarlos de otros en una escala de tiempo mucho menor que la necesaria para el establecimiento de los stock discretos o genéticos.

En términos del manejo pesquero de la especie para la costa chilena, la evidencia de una unidad poblacional discreta a lo largo de su distribución indica que las prácticas de manejo deberían ser enfocadas conjuntamente para toda el área de pesquería, considerando que factores ambientales pueden ser causantes de diferenciación poblacional a otro nivel, e.g ecológico. Se deben implementar medidas de manejo que permitan mantener la variabilidad genética a lo largo de su distribución, especialmente la zona austral donde se encuentra un pool génico mayor, dado que variantes genéticas pueden ser adaptativas y una reducción de la variabilidad genética, debido a la aplicación de ineficientes planes de manejo, puede resultar en la incapacidad de los organismos para responder a cambios ambientales futuros.

7. CONCLUSIONES

- En aguas chilenas, en la pesquería de Bacalao de Profundidad opera una flota artesanal al norte del 47°S y una flota industrial al sur de dicho paralelo; esta última bajo el régimen de Pesquerías en Desarrollo Incipiente, con asignación de permisos extraordinarios de pesca, según la cuota anual de captura.

- La flota artesanal ha registrado una caída de su desembarque y un desplazamiento de parte importante de la flota en sentido de norte a sur debido al agotamiento de caladeros y la búsqueda de otros con mejores rendimientos de pesca, centrándose actualmente los mayores desembarques de bacalao de la pesca artesanal en la X Región.

- La flota industrial y artesanal tienen similitud en una marcada estacionalidad de la temporada de pesca entre septiembre a diciembre.

- La recuperación en la pesquería austral de un ejemplar de bacalao marcado en aguas argentinas, y los antecedentes de la operación de pesca de la flota industrial al inicio de la temporada de pesca, confirmarían un patrón migratorio en esta especie entre aguas Atlánticas y aguas chilenas.

- La gran mayoría de información de revistas científicas internacionales proviene de estudios realizados en la zona sur austral, existiendo gran carencia de información para zonas de latitudes mas bajas.

- Respecto a su distribución *D. eleginoides* es endémico del hemisferio sur, habitando principalmente al norte del Frente Polar Antártico, en la región sub antártica de los Océanos Atlántico e Índico, cercano a la Convergencia Antártica y a lo largo de las costas del sur de Argentina y Chile. La batimetría de *D. eleginoides* va desde los 70 a 2.500 m de profundidad, existiendo una relación positiva entre el incremento del tamaño de los individuos con la profundidad.

- Los stocks de *D. eliginoides* actualmente son administrados dentro de amplias zonas correspondiendo a grupos de islas bajo la Convención para la Conservación de los Recursos Marinos Vivos Antárticos (CCAMLR) y la Zona Económica Exclusiva (ZEE) de la autoridad de las naciones vecinas.

- *D. eliginoides* es un predador oportunista con un amplio espectro trófico, dentro del que destacan presas como peces, cefalópodos y crustáceos. Sus principales depredadores son las aves, tales como albatros y pingüinos, y mamíferos marinos como ballenas, focas y lobos marinos.

- Las estimaciones de mortalidad natural (M) sólo se han realizado para algunos sectores del océano austral y van en un rango de 0,06 y 0,16 (año^{-1}). No se hallaron estimaciones de mortalidad por predación (M2) y por pesca (F).

- Ocurrirían fuertes clases anuales cada 4 ó 5 años, lo que probablemente debería coincidir con condiciones alimenticias y de retención de larvas favorables.

- *D. eleginoides* posee sexos separados y la madurez sexual en hembras y machos de *D. eleginoides* es alcanzada entre los 70 y 90 cm (LT) (alrededor de los 7-11 años) y entre 90 y 100 cm (LT) (9 a 12 años) respectivamente. La fecundidad es de entre 48 mil y 546 mil huevos,. y los desoves ocurren durante el periodo otoño-invierno, con un desove menor entre abril y mayo y un desove mayor entre julio y agosto.

- Los parámetros de crecimiento Von Bertalanffy descritos para *D. eleginoides* alcanzan una longitud infinita (L_∞) de 209,7 cm, un tasa intrínseca de crecimiento (K) de 0,051 (año^{-1}) y una edad a talla la 0 (t_0) de -0.14.

- *D. eleginoides* realiza migraciones espaciales y temporales desde zonas someras a otras de gran profundidad, dependiendo de su estado de desarrollo ontogénico. Los huevos son puestos en la plataforma a una profundidad de entre 800 y 1.000 m. Las larvas son pelágicas y a medida que crecen y se transforman en juveniles migran a las capas de agua cercanas al fondo a profundidades de entre 70 y 500 m. Al alcanzar la adultez migran a aguas profundas de hasta 2.500 m.

- El bacalao de profundidad tiene una baja tasa de movilidad, en promedio no mayor a 30 km en un año, condición que favorece la existencia de unidades poblacionales discretas. Sin embargo, existen individuos en la población que son capaces de recorrer grandes distancias, cuya contribución podría contribuir a la mantención del flujo génico.

- Los resultados obtenidos a partir del análisis genético realizado sobre seis loci microsatélites y dos genes mitocondriales de *Dissostichus eleginoides* en muestras del Pacífico Chile - Perú y Atlántico Islas Malvinas e Islas Georgias, permiten inferir la existencia de un quiebre o discontinuidad genética del recurso entre muestras ubicadas al sur del frente polar y al norte del frente polar.

- La homogeneidad genética encontrada entre las localidades de la costa chilena es consistente con los resultados obtenidos en estudios previos sobre aloenzimas.

- El análisis de haplotipos del marcador molecular ND2 y DLoop conforma una red de estrella, patrón que es consistente con una expansión poblacional

geográfica reciente en una escala microevolutiva, este resultado es corroborado por el análisis de la distribución mismatch.

- El análisis filogenético Bayesiano es consistente al señalar que la única localidad con alta probabilidad de constituir una población genéticamente distinta es la ubicada en Islas Georgias del Sur.

- El análisis de las frecuencias de haplotiposs del ND2 y DLoop indica que las poblaciones más australes presentan un mayor número de haplotipos, por lo que serían más diversas.

- Los marcadores microsatélites analizados generan niveles de polimorfismos adecuados para fines comparativos entre poblaciones.

- Los loci microsatélites en estudio, indican altos niveles de diferenciación poblacional, mostrando dos grupos poblacionales bien definidos; a) Islas Georgias del Sur, b) Islas Malvinas y la costa Chileno – Peruana

- Los resultados genéticos se ven sustentados por la información biológica – pesquera obtenidad del recurso. Estudios genéticos y de la química de otolitos han encontrado diferencias entre individuos recolectados en zonas del océano Pacífico y Atlántico, corroborando la existencia de una unidade poblacional en la plataforma sudamericana llamesé Perú, Chile, Argentina e Islas Malvinas versus Islas Georgias del Sur.

- Este aislamiento podrían ser producto de barreras hidrogeográficas entre los sectores, impidiendo el flujo génico, lo que contribuiría a la formación de poblaciones discretas.

- En aguas de jurisdicción chilena existiría sólo una unidad genética poblacional del recurso *Dissostichus eleginoides*.

- La unidad genética poblacional del *D. eleginoides* presente en las costas chilenas se compartiría con los estados de Argentina e Islas Malvinas.

- En términos del manejo pesquero, la evidencia de una unidad poblacional discreta a lo largo de su distribución en Chile indica que las prácticas de manejo deberían ser enfocadas para toda el área de pesquería, considerando que factores ambientales pueden ser causantes de diferenciación poblacional a otro nivel, e.g ecológico.

- Se deben implementar medidas de manejo que permitan mantener la variabilidad genética a lo largo de su distribución, especialmente la zona austral donde se encuentra un pool génico mayor.

8. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

Aguayo, M. 1992. Preliminary analysis of growth *Dissostichus eleginoides* from the Austral zone of Chile and South Georgia. Document WG-FSA 92/30. Commision for Conservation of Antartic Marine Living Resources (CCAMLR), Hobart, Australia, Pp 1-8.

Aguayo, M. & L. Cid. 1990. Recopilación, proceso y análisis de los antecedentes biológico pesqueros en la pesca exploratoria de bacalao de profundidad (Frioaysén 18). SUBPESCA. Informe Técnico, IFOP, 12 p. (más anexos).

Agnew, D.J., L. Heaps, C. Jones, A. Watson, K. Berkieta & J. Pearce. 1999. Depth distribution and spawning pattern of *Dissostichus eleginoides* at South Georgia. CCAMLR Science, 6: 19-36.

Agnew, D.J., G.P. Kirkwood, J. Pearce & J. Clark. 2006. Investigation of bias in the mark–recapture estimate of toothfish population size at south Georgia. CCAMLR Science, 13: 47-63.

Allendorf, F., N. Ryman & F. Utter. 1987. Genetics and fishery management: past, present and future. En: Ryman, N. & Utter, F., eds. Population Genetics and Fishery Management. Seattle and London: Washington Sea Grant Publications/ Univ. Washington Press. 1-19.

Appleyard, S.A., R.D. Ward & R. Williams. 2002. Population structure of the Patagonian toothfish around Heard, McDonald and Macquarie Islands. Antarctic Science, 14: 364-373.

Appleyard, S., R. Willimas & R. Ward. 2004. Population structure of the Patagonian toothfish in the West Indian Ocean sector of the Southern Ocean. CCAMLR Science, 11: 21-32.

Arana, P., M. Arredondo & V. Venturini. 1994. Pesca del bacalao de profundidad (*Dissostichus eleginoides*), efectuada por la flota chilena en torno a la isla Georgia del Sur (1991/1992). Investigaciones Marinas, Valparaíso, 22: 67–84.

Arana, P.M. & R. Vega. 1999. Exploratory fishing for *Dissostichus* spp. in the Antarctic region (Subareas 48.3, 48.2 and 88.3). CCAMLR Science, 6: 1-17.

Aris, L., P. Gálvez, R. Céspedes, A. Olguín, H. Miranda, L. Adarme & Z. Young. 1999. Estudio biológico pesquero de los recursos demersales explotados por la flota artesanal en el litoral de la III y IV Regiones. Informe Final FIP–IFOP 97-17, 97 p + Anexo.

Arkhipkin A., P. Brickle & V. Laptikhovsky. 2003. Variation in the diet of the Patagonian toothfish with size, depth and season around the Falkland Islands. Journal of Fish Biology, 63: 428-431.

Arrizaga, A., M. Fuentealba, V. Yáñez & C. Oyarzún. 1996. Observaciones sobre la alimentación de *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1898 (Perciformes, Nototheniidae) en el sur de Chile. Gayana Oceanología, 4: 13-19.

Ashford, J.R., S. Wischniowski, C. Jones, S. Bobko & I. Everson. 2001. A comparison between otoliths and scales for use in estimating the age of *Dissostichus eleginoides* from South Georgia. CCAMLR Science, 8: 75-92.

Ashford, J.R., C.M. Jones, E. Hofmann, I. Everson, C. Moreno, G. Duhamel & R. Williams. 2005. Can otolith elemental signatures record the capture site of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides)*, a fully marine fish in the Southern Ocean?. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 62: 2832-2840.

Ashford, J., A. Arkhipkin & C.M. Jones. 2006. Can the chemistry of otolith nuclei determine population structure of Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides*?. Journal of Fish Biology, 69: 708-721.

Ashford, J. & C. Jones. 2007. Oxygen and carbon stable isotopes in otoliths record spatial isolation of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*). Geochimica et Cosmochimica Acta, 71: 87-94.

Atlas, R. & A. Bej. 1994. Polymerase Chain Reaction. 418- 435 pp. En. Methods for general and molecular bacteriology. Capítulo XIX. Washington, D.C.

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

Barrera-Oro, E.R., R.J. Casaux & E.R. Marschoff. 2005. Dietary composition of juvenile *Dissostichus eleginoides* (Pisces, Nototheniidae) around Shag Rocks and South Georgia, Antarctica. Polar Biology, 28: 637-641.

Becerra, V. & M. Paredes. 1999. Uso de los marcadores bioquímicos y moleculares en estudios de diversidad genética. Agricultura Técnica, 60: 270-279.

Bembo, D., G. Caravalho, M. Snow, N. Cingolani & T. Pitcher. 1995. Stock discriminations among european anchovies *Engraulis encrasicolus*, by means of PCR-amplified mitocondrial DNA analysis. Fishery Bulletin, 94: 31-40.

Brickle, P., V. Laptikhovsky & A. Arkhipkin. 2005. Reproductive strategy of a primitive temperate notothenioid *Eleginops maclovinus*. Journal of Fish Biology, 66: 1044-1059.

Brickle, P., K. MacKenzie & A. Pike. 2005. Parasites of the Patagonian toothfish, *Dissostichus eleginoides* Smitt 1898, in different parts of the Subantarctic. Polar Biology, 28: 663-671.

Bustos, R., M. Aguayo, J. Sateler & C. Vera. 1989. Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona centro sur, 1988. Estado de situación y perspectivas del recurso. IFOP, 92 p. (AP/89-176).

Bustos, R., M. Aguayo, J. Sateler, J. Donoso, S. Avilés & C. Vera. 1991. Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona centro sur, 1990. Estado de situación y perspectivas del recurso. IFOP, 62 p. (AP/91-7).

Céspedes, R., Z. Young, V. Ojeda, L. Adasme, F. Cerna, H. Miranda, C. Vera & R. Bravo. 1997. Investigación Situación de las Pesquerías Demersales Zona Sur-Austral 1996. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe Final. IFOP, 97 p.

Céspedes, R., Z. Young, V. Ojeda, F. Cerna, L. Adasme, H. Hidalgo, R. Bravo; H. Miranda & C. Vera. 1998. Investigación situación de las pesquerías demersales zona sur-austral 1997. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe Final. IFOP: 93 p.

Céspedes, R., Z. Young, V. Ojeda, F. Cerna, L. Adasme, H. Hidalgo, R. Bravo, H. Miranda & C. Vera. 1999. Investigación Estado de Situación Pesquería Demersal Zona Sur - Austral, 1998. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Principales Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe final, IFOP, 122 p.

Céspedes, R., Z. Young, V. Ojeda, F. Cerna, L. Adasme, H. Hidalgo, R. Bravo, G. Ojeda, H. Miranda & C. Vera. 2000. Investigación Estado de Situación Pesquería Demersal Zona Sur - Austral, 1999. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Principales Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe final corregido, IFOP, 90 p.

Céspedes, R., L. Adasme, V. Ojeda, M. Nilo, F. Cerna, E. Palta, H. Hidalgo, R. Bravo, L. Cid, L. Muñoz & L. Chong 2002. Investigación Situación Pesquería Demersal Zona Sur - Austral, 2001. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Principales Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe final, IFOP, 184 p. (más anexos).

Céspedes, R., L. Adasme, M. Nilo, E. Palta, V. Ojeda, M. Montecinos, V. Espejo, Z. Young, L. Muñoz, F. Cerna, H. Hidalgo, R. Bravo, L. Cid, & L. Chong 2003. Investigación Situación Pesquería Demersal Zona Austral, 2002. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Principales Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe final, IFOP, 224 p. (más anexos).

Céspedes, R., L. Adasme, V. Ojeda, C. Toledo, E. Palta, L. Muñoz, H. Hidalgo, R. Bravo, L. Cid, L. Chong, K. Hunt & F. Cerna. 2004. Investigación Situación Pesquería Demersal Austral, 2003. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Principales Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe final, IFOP, 159 p. (más anexos).

Céspedes, R., L. Adasme, V. Ojeda, C. Toledo, L. Muñoz, H. Hidalgo, R. Bravo, L. Cid, L. Chong & K. Hunt. 2005. Investigación Situación Pesquería Demersal Austral, 2004. Programa de Seguimiento del Estado de Situación de las Principales Pesquerías Nacionales. SUBPESCA. Informe final, IFOP, 186 p. (más anexos).

Cherel, Y. & G. Duhamel. 2003. Diet of the squid *Moroteuthis ingens* (Teuthoidea: Onychoteuthidae) in the upper slope waters of the Kerguelen Islands. Marine Ecology Progress Series, 250: 197-203.

Cherel, Y., H. Weimerskirch & C. Trouvé. 2000. Food and feeding ecology of the neritic-slope forager black-browed albatross and its relationships with commercial fisheries in Kerguelen waters. Marine Ecology Progress Series, 207: 183-199.

Collins M., K. Ross, M. Belchier & K. Reid. 2007. Distribution and diet of juvenile Patagonian toothfish on the South Georgia and Shag Rocks shelves (Southern Ocean). Marine Biology, 152:135-147.

Cortés, N., C. Oyarzún & R. Galleguillos. 1996. Diferenciación poblacional en sardina común, *Strangomera bentincki* (Norman, 1936) II: Análisis multivariado de la morfometría y merística. Revista de Biología Marina, 31: 91-105.

Chikov, V.N. & Y.S. Melnikov. 1990. On the question of fecundity of the Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides* in the region of the Kerguelen Islands. Journal of Ichthyology, 30): 122-125.

Chow, S. & H. Takeyama 2000. Nuclear and mitocondrial DNA analyses reveal four genetically separated breeding units of the swordfish. Journal of Fish Biology, 56: 1087-1098.

Daniels, R.A. & J.H. Lipps. 1982. Distribution and ecology of fishes of the Antarctic Peninsula. Journal of Biogeography, 9: 1-9.

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

Eastman, J.T. & J.P. Barry. 2002. Underwater video observation of the Antarctic toothfish *Dissostichus mawsoni* (Perciformes: Nototheniidae) in the Ross Sea, Antarctica. Polar Biology, 25: 391-395.

Evseenko, S.H., K.H. Kock & M.M. Nevinsky. 1995. Early life history of the Patagonian toothfish, *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1898 in the Atlantic sector of the Southern Ocean. Antarctic Science, 7: 221-226.

Excoffier, L., P. Smouse & J. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA control region. Marine Biology, 127: 359-367.

Ferreira, M. & D. Grattapaglia. 1989. Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético. Embrapa, Brasilia. 221 pp.

Figueroa, D. & P. Dávila. 2000. On the seasonal and interannual variability of the bifurcation of the West Wind Drift Current off southern Chile. Enviado a Journal of Physical Oceanography.

Flores, H. & P. Rojas. 1987. Contenido gástrico de *Dissostichus eleginoides* Smitt 1898, capturado frente a Valparaíso (Perciformes – Nototheniidae). Investigaciones marinas, Valparaíso, 15: 33-40.

Folmer, O., M. Black, W. Hoeh, R. Lutz & R. Vrijenhoek. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. Mol. Mar. Biol. Biotechnology, 3: 294-297.

Gaffney, P.M. 2000. Molecular tools for understanding population structure in Antarctic species. Antarctic Science, 12: 288-296.

Galleguillos, R., L. Troncoso & C. Oyarzún. 1997. Diferenciación poblacional en la sardina chilena *Strangomera bentincki* (Pisces: Clupeidae) análisis genético de variabilidad proteínica. Revista Chilena de Historia Natural, 70: 351-361.

Galleguillos, R. & S. Astete. 2003. Caracterización genética de *D. eleginoides* y comparación de las poblaciones presentes entre la VIII y XI Regiones. *En*: Monitoreo de la pesquería artesanal de bacalao de profundidad entre la VIII y XI Regiones. Oyarzún *et al.* (Eds). Informe Final Proyecto FIP N° 2001-16, 225 pp.

Ghigliotti, L; F. Mazzei; C. Ozouf-Costaz; C. Bonillo; R. Williams; C. Cheng & E. Pisano. 2007. The two giant sister species of the Southern Ocean, *Dissostichus eleginoides* and *Dissostichus mawsoni*, differ in karyotype and chromosomal pattern of ribosomal RNA genes. Polar Biol. 30: 625-634.

Glaubitz, J. 2004. CONVERT: a user friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. Molecular Ecology Notes 4: 309-310.

Goldstein, D. & D. Pollock. 1997. Lauching microsatellites: A review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. J. Hered. 88: 335-471.

Goldstein, D. & C. Schlotterer. 1999. Microsatellites: Evolution and Applications. Oxford University. Press England. 15: 25-36.

Goldsworthy, S.D., M. Lewis, R. Williams, X. He, J.W. Young & J. van den Hoff. 2002. Diet of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) around Macquarie Island, South Pacific Ocean. Marine and Freshwater Research, 53: 49-57.

Goldsworthy, S.D., X. He, G.N. Tuck, M. Lewis & R. Williams. 2001. Trophic interactions between the Patagonian toothfish, its fishery, and seals and seabirds around Macquarie Island. Marine Ecology Progress Series, 218: 283-302.

González, F., F. Alay, J. Cabello & R. Chávez. 1996. Definición de unidad de stock desde el punto de vista genético en el recurso jurel (*Trachurus symmetricus murphy*) Nichols, 1920 (Carangidae, Perciforme). Gayana Oceanologica, 4: 183-196.

Grijalva-Chon, J., J. Numachi, K. Sosa- Nishizaki & J. de la Rosa-Vélez 1994. Mitochondrial DNA analysis of North Pacific swordfish *Xiphias gladius* population structure. Marine Ecology Progress Series, 115: 15-19.

Guo, S & E. Thompson. 1989. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. Biometrics, 48: 361-372.

Hall, T. 1999. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor analysis program for windows 95/98/NT. Nucli. Acids. Symp.Ser. 41: 95-98.

Hartl, D. 1980. The causes of Evolution. In: Principles of populations genetics. Sinauer Associates, Inc. Massachussets. 141-166.

Hartl, D & A. Clark. 2007. Principles of Population Genetics. Fourth Edition. Sinauer Associates, Inc. Publishers. Massachusetts. USA. 652 pp.

Hebert, P; S. Ratnasingham & J. Waard. 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proc. R. Soc. Lond. B (Suppl.). doi:10.1098/rsb1.2003.0025.

Hedgecock, D; E. Hutchinson; G. Li; F. Sly & K. Nelson. 1989. Genetic and morphometric variation in the Pacific sardine, *Sardinops sagax caerulea*: Comparisons and

contrasts with historical data and with variability in the northern anchovy, *Engraulis mordax*. Fishery Bulletin, 87: 653-671.

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

Horn, P.L. 2002. Age and growth of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) and Antarctic toothfish (*D. mawsoni*) in waters from the New Zealand subantarctic to the Ross Sea, Antarctica. Fisheries Research, 56: 275-287.

IFOP. 1996. Seguimiento de las principales pesquerías chilenas 1995. IFOP, 272 p.

Jarne, P & L. Lagoda. 1996. Microsatellites, from molecules to populations and back. Trends Ecol. Evol. 11: 424-430.

Kock, K.-H., 1993. The early life history and the onset of scale formation in the patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1897. CCAMLR paper WG-FSA-93/14. Hobart, Australia.

Kock, K.H., L.K. Pshenichnov & A.L. Devries. 2006. Evidence for egg brooding and parental care in icefish and other notothenioids in the Southern Ocean. Antarctic Science, 18: 223-227.

Kock, K.H., M.G. Purves & G. Duhamel. 2006. Interactions between cetacean and fisheries in the Southern Ocean. Polar Biology, 29: 379-388.

La Mesa, M. & M. Vacchi. 2001. Age and growth of high Antarctic notothenioid fish. Antarctic Science, 13: 227-235.

Laptikhovsky, V., A. Arkhipkin & P. Brickle. 2006. Distribution and reproduction of the Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides* Smitt around the Falkland Islands. Journal of Fish Biology, 68: 849-861.

Laptikhovsky V. & P. Brickle. 2005. The Patagonian toothfish fishery in Falkland Islands' waters. Fisheries Research, 74: 11-23.

Leth, O. 2000. Ocean Circulation in the eastern South-Pacific: an observational and numerical modelling study. Ph. D. Thesis, University of Copenhagen, Faculty of Science. 175 pp.

Leth, O. & G. Shaffer. 2001. A numerical study of the seasonal variability in the circulation off central Chile. Journal of Geophysical Research. 106: 22229-22248.

Litt, M & A. Luty. 1989. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. Am. J. Hum. Genet. 44: 397-401.

Marlow, T.R., D.J. Agnew & M.G. Purves. 2003. Movement and growth of tagged *Dissostichus eleginoides* around South Georgia and Shag Rocks (SUBAREA 48.3). CCAMLR Science, 10: 101-111.

McArthur, T. E.C.V. Butler & G.D. Jackson. 2003. Mercury in the marine food chain in the Southern Ocean at Macquarie Island: an analysis of a top predator, Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) and a mid-trophic species, the warty squid (*Moroteuthis ingens*). Polar Biology, 27: 1-5.

Mendez, E., H. Giudice, A. Pereira, G. Inocente & D. Medina. 2001. Preliminary Report on the Total Mercury Content of Patagonian Toothfish (*Dissostichos eleginoides*). Journal of Food Composition and Analisys, 14: 547-549.

Meyer, A; T. Kocher, P. Basasibwaki & A. Wilson. 1990. Monophyletic origin of Lake Victoria cichlid fishes suggested by mitochondrial DNA sequences. Nature, 347: 550-553.

Moller, P.R., J.G. Nielsen & I. Fossen. 2003. Fish migration: Patagonian toothfish found off Greenland. Nature, 421: 599.

Montoya, R, P. Gómez, M. Gonzáles, M. Henríquez & A. Candia. 1996. Amplificación de genes por PCR y su aplicación al estudio de la biodiversidad. Boletín Sociedad de Concepción, 67: 43-51.

Moreno, C.A. & P. Rubilar. 1992. Notas sobre la mortalidad de *Dissostichus eleginoides* de la subarea 48.3. Selected Scientific Papers 9, 21-30. CCAMLR, Hobart, Australia.

Moreno, C., R. Hucke-Gaete & J. Arata. 2003. Interacción de la pesquería del bacalao de profundidad con mamíferos y aves marinas. Informe Final FIP–Universidad Austral de Chile 2001-31, 199 p.

Mouillot, D., M. George-Nascimento & R. Poulin. 2003. How parasites divide resources: a test of the niche apportionment hypothesis. The Journal of Animal Ecology, 72: 757-764.

Movillo, J. & N. Bahamonde. 1971. Contenido gástrico de *Dissostichus amissus* Gill y Townsend en San Antonio. Noticiario Mensual, Museo Nacional.

Near, T.J., S.E. Russo, C.D. Jones & A.L. DeVries. 2003. Ontogenetic shift in buoyancy and habitat in the Antarctic toothfish, *Dissostichus mawsoni* (Perciformes: Nototheniidae). Polar Biology, 26: 124-128.

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

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

Nel, D.C., P.G. Ryan & B. P. Watkins. 2002. Seabird mortality in the Patagonian toothfish longline fishery around the Prince Edward Islands 1996-2000. Antarctic Science, 14: 151-161.

North. A.W. 2002. Larval and juvenile distribution and growth of Patagonian toothfish around South Georgia. Antarctic Science, 14: 25-31.

Nuñez, R.H. 1996. A study of the ocean circulation off the coast of Chile. Ph. D. Thesis, The Florida State University, College of Arts and Sciences. 115 pp.

Oliva, J. Z. Young & F. Martínez. 1999. Caracterización de las pesquerías de cojinova del norte y bacalao de profundidad en la I y II Regiones. Informe Final FIP–IFOP 97-18, 46 p + Anexo.

Ovenden, J. 1990. Mitochondrial DNA and marine stock assesment: A review. Aust. J. Mar. Freshwater Res. 41: 835-853.

Oyarzún, C. & P.W. Campos. 1987. *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1898; consideraciones sobre su determinación taxonómica e implicancias biogeográficas (Pisces, Perciformes, Nototheniidae). Revista de Biología Marina, Valparaíso, 23: 173-192.

Oyarzún, C., S. Gacitúa, M. Araya, L. Cubillos, R. Galleguillos, C. Pino, G. Aedo, M. Salamanca, M. Pedraza & J. Lamilla. 2003a. Monitoreo de la pesquería artesanal de bacalao de profundidad entre la VIII y XI Regiones. Informe Final FIP–Universidad de Concepción 2001-16, 225 p.

Oyarzún, C., S. Gacitúa, M. Araya, L. Cubillos, M. Salamanca, C. Pino, R. Galleguillos, G. Aedo & J. Lamilla. 2003b. Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad. Informe Final FIP–Universidad de Concepción 2001-17, 130 p.

Pakhomov, E.A., T. Bushula, S. Kaehler Watkins, B.P. & R.W. Leslie. 2006. Structure and distribution of the slope fish community in the vicinity of the sub-Antarctic Prince Edward Archipelago. Journal of Fish Biology, 68: 1834-1866.

Palumbi, S., M. Romano; S. McMillan; W. Stice & G. Grabowski. 1991. The simple fool's guide to PCR. Honolulu, Hawaii: Departament of Zoology, University of Hawaii.

Parker, L., K. Brainard; M. Dightman & G. Winans. 1993. Low levesl of intraspecific variation in the mitochodrial DNA of chum salmon (*Onkorhynchus keta*). Molecular Marine Biology and Biotechnology, 2: 362-370.

Parker, R.W., K.N. Paige & A.L. DeVries. 2002. Genetic variation among populations of the Antarctic toothfish: evolutionary insights and implications for conservation. Polar Biology, 25: 256-261.

Payá, I., J. Sateler, J. Donoso y S. Mora. 1992. Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona centro sur, 1991. Estado de situación y perspectivas del recurso. IFOP, 25 p. (SGI/IFOP 92/3).

Payá, I., S. Mora; J. Sateler y J. Donoso. 1993. Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona centro sur, 1992. Estado de situación y perspectivas del recurso. IFOP, 41 p. (SGI/IFOP 93/2).

Payá, I., S. Mora; J. Sateler, J. Donoso, J. Arias, J. Olivares, G. Walter, L. Cid y V. Ojeda. 1994. Diagnóstico de las principales pesquerías nacionales demersales (peces) zona centro sur, 1993. Estado de situación y perspectivas del recurso. IFOP, 49 p. (SGI/IFOP 94/2).

Payne, A., D. Agnew & A. Brandão. 2005. Preliminary assessment of the Falklands Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) population: Use of recruitment indices and the estimation of unreported catches. Fisheries Research: 344-358.

Pilling, G., M. Purves, T. Daw, D. Agnew & J. Xavier. 2001. The stomach contents of Patagonian toothfish around South Georgia (South Atlantic). Journal of Fish Biology, 59: 1370-1384.

Píndaro, D., M. Uribe & E. Ayala. 1999. Variación electroforética entre las poblaciones central y sureña de la anchoveta *Engraulis mordax*, Girard 1854 (Engraulidae, Pisces) de Baja California, México. Ciencias Marinas, 25: 579-595.

Reid, J. 1965. Intermediate waters of the Pacific Ocean. The Johns Hopkins Oceanographic Studies. 2: 85 pp.

Reid, J.L. 1997. On the total geostrophic transport of the Pacific Ocean: Flow patterns, tracers and transports. Progress in Oceanography, 16: 1-61.

Reilly, A. & R. Ward. 1999. Microsatellite loci to determine stock structure of the Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides*. Molecular Ecology, 8: 1753-1756.

Richardson, B., J. Baverstock & M. Adams. 1986. Allozyme Electrophoresis. A Handbook for Animal systematics and Population Studies. 410 pp.

Rodriguez, L. & M. George-Nascimiento. 1996. La fauna de parásitos metazoos del bacalao de profundidad *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1898 (Pisces: Nototheniidae) en Chile central: aspectos taxonómicos, ecológicos y zoogeográficos. Revista Chilena de Historia Natural, 69: 21-33.

Roff, D. & P. Bentzen. 1989. The statistical analysis of mitochondrial DNA Polymorphisms: X2 and the problems of small samples. Mol. Biol. Evol. 6: 539-545.

Rogers, A.D., S. Morley, E. Fitzcharles, K. Jarvis & M. Belchier. 2006. Genetic structure of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) populations on the Patagonian Shelf and Atlantic and western Indian Ocean Sectors of the Southern Ocean. Marine Biology, 149: 915-924.

Rousset, F. & M. Raymond. 1995. Testing Heterozygote excess and deficiency. Genetics, 140: 1413-1419.

Rubilar, P. & C. Moreno. 1998. Ficha Técnica del Bacalao de Profundidad *Dissostichus eleginoides*, Smitt 1898. Universidad Austral de Valdivia, Chile.

Sambrook, J. & D. Russell. 2001. Spectrophotometry of DNA or RNA. Molecular Cloning. Third Edition 3: A8.20-A8.21.

Sanchez, S; A. Dettai; C. Bonillo; C. Ozouf-Costaz; H. Detrich & G. Lecointre. 2007. Molecular and Morphological phylogenies of the Antarctic teleostean family Nototheniidae, with emphasis on the Trematominae. Polar Biol. 30: 155-166.

Sancho, A., B. Ortiz-Von Halle & N. Naranjo. 2003. La pesca y el comercio de bacalao de profundidad *Dissostichus eleginoides* en América del sur: Una perspectiva regional. Informe de la red Traffic. 191 pp.

Scapigliati, G., R. Fochetti, M. Tiberi & M. Mazzini. 2006. Morphological and flow cytometric characterization of leukocytes from the notothenioid teleosts *Dissostichus eleginoides*, *Notothenia coriiceps*, and *Trematomus hansoni*. Polar Biology, 29: 872-877.

Schneider, S., D. Roessli & L. Excoffier. 2000. Arlequin ver. 2000: A software for population genetic data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva. Geneva, Switzerland.

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

Silva, N. & S. Neshiba. 1977. Corrientes superficiales frente a la costa austral de Chile. Ciencia y Tecnología del Mar, Cona, 3: 37-42.

Slatkin, M & N. Barton. 1989. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. Evolution, 43: 1349-1368.

Smith, P. & P. Gaffney. 2000a. Toothfish stock structure revealed with DNA methods. Water & Atmosphere. 8 (4).

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

Smith. P.J., P.M. Gaffney & M. Purves. 2001. Genetic markers for identification of Patagonian toothfish and Antarctic toothfish. Journal of Fish Biology, 58: 1190-1194.

Smith, P., A. Birley, & A. Jamieson. 1989. Electrophoretic studies and stock concept in marine fishes. Journal of Fish Biology, 35: 345-346.

Spanakis, E., N. Tsimenides & E. Zouros. 1989. Genetic differences between population of sardine, *Sardina pilchardus* and anchovy, *Engraulis encrasicolus*, in the Aegena and Ionian seas. Journal of Fish Biology, 35: 417-437.

Subsecretaria de Pesca. 2005. Cuota Global Anual de Captura de Bacalao de profundidad (*Dissostichus eleginoides*), al Sur del paralelo 47º LS, Año 2006. Informe Técnico (R.Pesq.) Nº 94/2005.

Subsecretaria de Pesca. 2006. Cuota Global Anual de Captura 2006 para Bacalao de profundidad (*Dissostichus eleginoides*), al norte del paralelo 47º LS. Informe Técnico (R.Pesq.) Nº 94/2005.

Swofford, D. & R. Selander. 1989. BIOSYS-1. A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Illinois. Natural History Survey. 43 pp.

Tascheri. R., Z. Young, J. Sateler, J. Merino, J. González, E. Díaz, Y. Muñoz, V. Ojeda, J. Olivares, R. Gili, R. Bravo, M. Nilo y E. Palta. 2002. Investigación Situación Pesquería Demersal Centro Sur 2001. SUBPESCA – IFOP, 316 p.

Tuck G.N., W.K. de la Mare, W.S. Hearn, R. Williams, A.D.M. Smith, X. He & A. Constable. 2003. An exact time of release and recapture stock assessment model with an application to Macquarie Island Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*). Fisheries Research, 63: 179-191.

Uribe, M., N. Valdés, P. Díaz, Y. Hornelas & V. Arenas. 1996. Comparación de los cariotipos de las poblaciones central y sureña de la anchoveta *Engraulis mordax*, Girard 1854 (Engraulidae, Pisces). Ciencias Marinas, 22: 361-376.

Van de Hoff, J. 2004. A comparative study of the cephalopod prey of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) and southern elephant seals (*Mirounga leonina*) near Macquarie Island. Polar Biology, 27: 604-612.

Ward, R; T. Zemlak; B. Innes; P. Last & P. Hebert. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. Phil Trans. R. Soc. B. Doi:10.1098/rstb.2005.1716.

Weimerskirch H., Y. Cherel, F. Cuenot-Chaillet & V. Ridoux. 1997. Alternative Foraging Strategies and Resource Allocation by Male and Female Wandering Albatrosses. Ecology, 78: 2051-2063.

Wienecke B. & G. Robertson. 2002. Seabird and seal—fisheries interactions in the Australian Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides* trawl fishery. Fisheries Research, 54: 253-265.

Weir, B & C. Cockerham. 1984. Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. Evolution, 38: 1358-1370.

Whitmore, D. 1990. Electrophoretic and isoelectric focusing techniques in fisheries management. CRS. Press. US 350 pp.

Wiff, R., Z. Young, y J.C. Quiroz. 2006. Investigación evaluación de stock CTP bacalao de profundidad sur 47°, 2006. SUBPESCA. Informe Final, IFOP, 35 p (más anexos).

Williams, R., T. Lamb & A. Constable. 2001. Toothfish tagging at Heard Island: a summary of principal results. CCAMLR paper WG-FSA-01/76, Hobart, Australia.

Williams, R., G.N. Tuck, A.J. Constable & T. Lamb. 2002. Movement, growth and available abundance to the fishery of *Dissostichus eleginoides* Smitt, 1898 at Heard Island, derived from tagging experiments. CCAMLR Science, 9: 33-48.

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

Wöhler, O.C., P.A. Martínez & J.E. Hansen. 2004. Estimación de la abundancia de merluza negra (*Dissostichus eleginoides*) en el Atlántico Sudoccidental mediante la aplicación de un modelo de producción de biomasa estructurado por edades. INIDEP Informe Técnico Interno N° 13. 25 pp.

Wright, S. 1978. Variability within and among natural populations. Vol.4. The Univ. of Chicago Press, Chicago.

www.cona.cl

Xavier, J.C., P.G. Rodhouse, M.G. Purves, T.M. Daw, J. Arata & G.M. Pilling. 2002. Distribution of cephalopods recorded in the diet of the Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) around South Georgia. Polar biology, 323-330.

Yau C., M.A. Collins, P.M. Bagley, I. Everson, C.P. Nolan & I.G. Priede. 2001. Estimating the abundance of Patagonian toothfish *Dissostichus eleginoides* using baited cameras: a preliminary study. Fisheries Research, 51: 403-412.

Young, Z. 2001. Investigación CTP de bacalao de profundidad al sur 47ºL.S. 2002. SUBPESCA. Informe Final, IFOP, 14 p. (más anexo)

Young, Z., A. Zuleta, H. Robotham, M. Aguayo y L. Cid. 1992. Evaluación del stock de bacalao de profundidad entre las latitudes 47°S y 57°S. Informe Técnico. IFOP – SUBPESCA, 63 p.

Young, Z., R. Gili y L. Cid. 1995. Prospección de bacalao de profundidad entre las latitudes 43°S y 57°S. Informe Técnico. IFOP – SUBPESCA, 46 p.

Young, Z., H. Robotham & R. Gili. 1996. Evaluación de la pesquería y del stock de bacalao de profundidad al sur del paralelo 47° L.S. Informe Final FIP–IFOP 94-10, 44 p + Anexo.

Young, Z., H. González & P. Gálvez. 1997. Análisis de la captura y el esfuerzo de pesca en la pesquería de bacalao de profundidad en la zona centro-sur. Informe Final FIP–IFOP 96-32, 63 p + Anexo.

Young, Z., H. González & P. Gálvez. 1998. Análisis de la pesquería de bacalao de profundidad en la zona sur-austral. Informe Final FIP–IFOP 96-40, 54 p + Anexo.

Young, Z., J. Oliva, A. Olivares & E. Díaz. 1999. Aspectos reproductivos del recurso bacalao de profundidad en la I a X Regiones. Informe Final FIP–IFOP 97-16, 51 p + Anexo.

Young, Z. y A. Zuleta. 2000. Investigación CTP de bacalao de profundidad al sur 47° L.S. 2001. SUBPESCA. Informe Final, IFOP, 14 p (más anexos).

Zuleta, A., C. Moreno, P. Rubilar & J. Guerra. 1998. Modelo de estrategias de explotación del bacalao de profundidad bajo incertidumbre del tamaño y rendimiento sustentable del stock. Informe Final FIP–Ecofish Consultores S.A. 96-41, 158 p.

Zuleta, A. y Z. Young. 1998. Investigación CTP de bacalao de profundidad al sur 47ºL.S. 1998. SUBPESCA. Informe Final, IFOP, 14 p. (más anexo).

Zuleta, A. y Z. Young. 1999. Investigación CTP de bacalao de profundidad al sur 47ºL.S., 2000. SUBPESCA. Informe Final, IFOP Informe Final, 39 p. (más anexo)

ANEXO 1

FIGURAS

Figura 1: Ejemplar bacalao de profundidad *Dissostichus eleginoides* (Smitt, 1898)

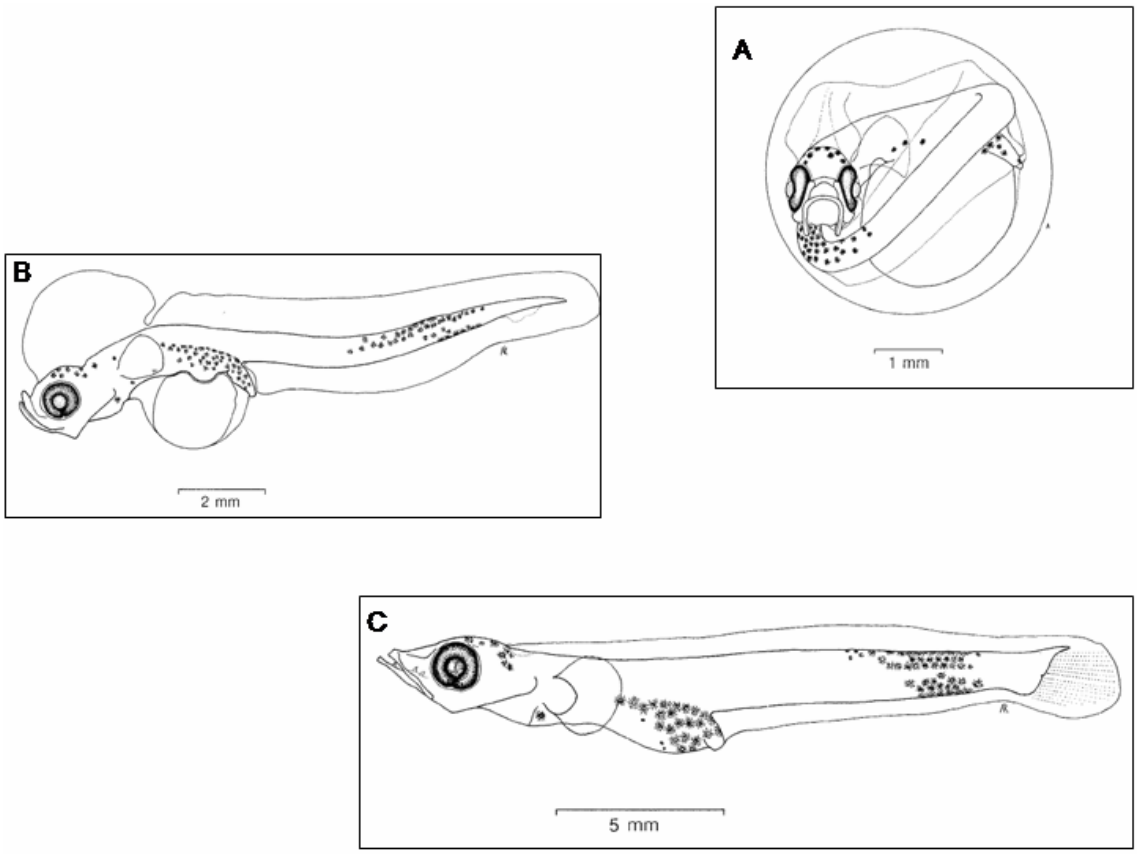


Figura 2: Estadios tempranos, huevos y larvas de *Dissostichus eleginoides*. A: Huevo con embrión 4.61mm diámetro; B: Embrión de 13.1mm LS, salido del huevo C: Larva of 20.5mm, capturadas al norte de South Georgia. Extraído y modificado desde Kellermann, 1990.

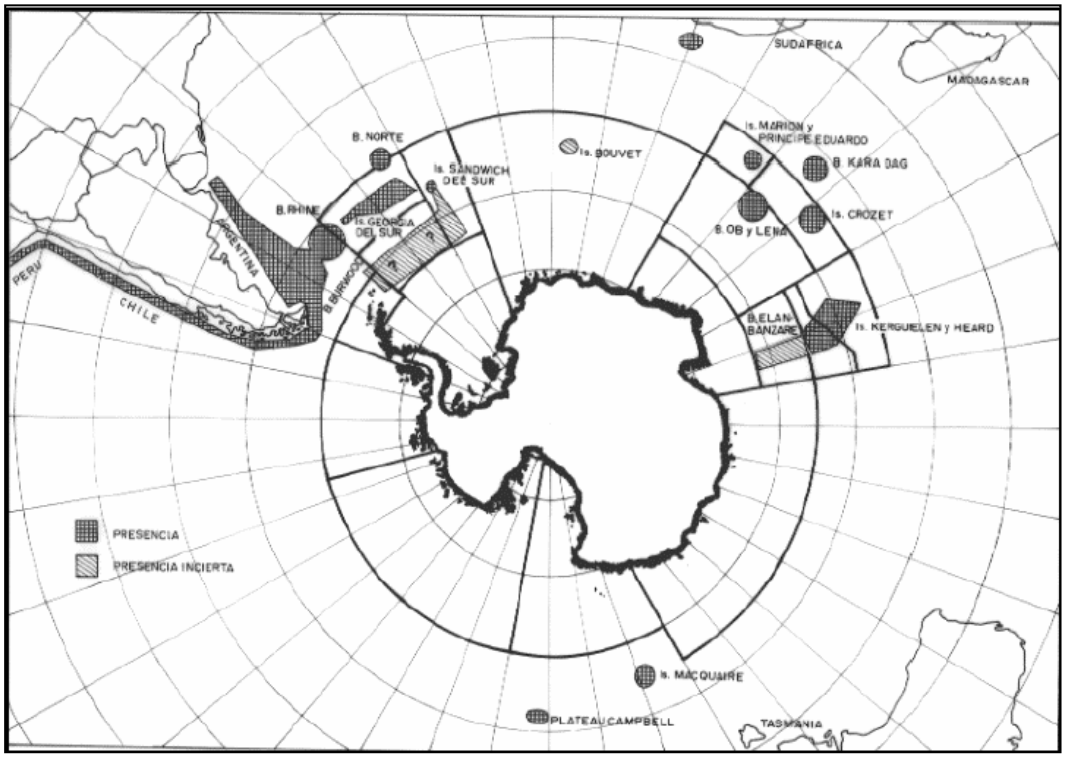


Figura 3: Distribución geográfica de bacalao de profundidad (*Dissostichus eleginoides*).

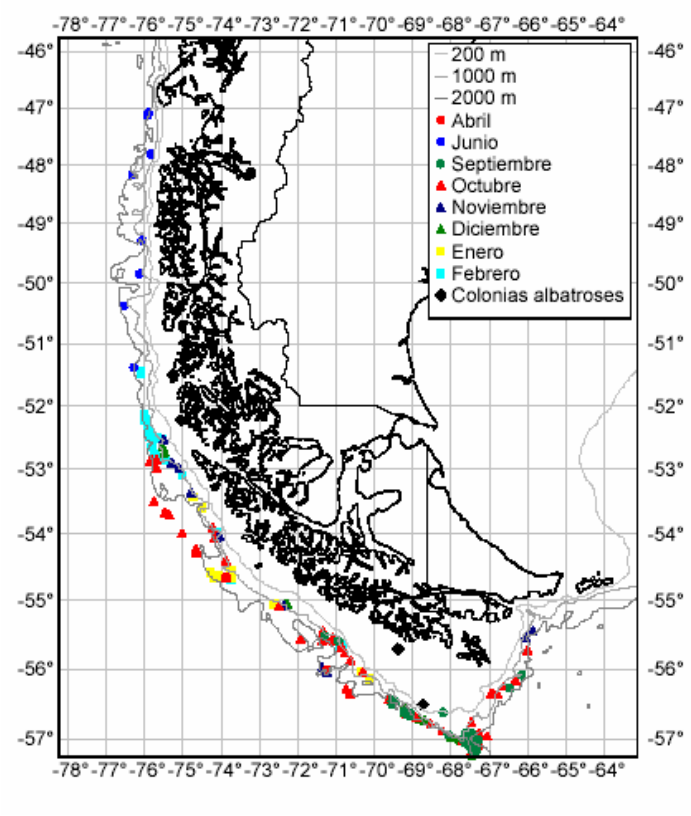


Figura 4: Distribución batimétrica de lances de pesca sobre Bacalao de Profundidad al sur del paralelo 47° L.S. (extraído de Moreno et al., 2003).

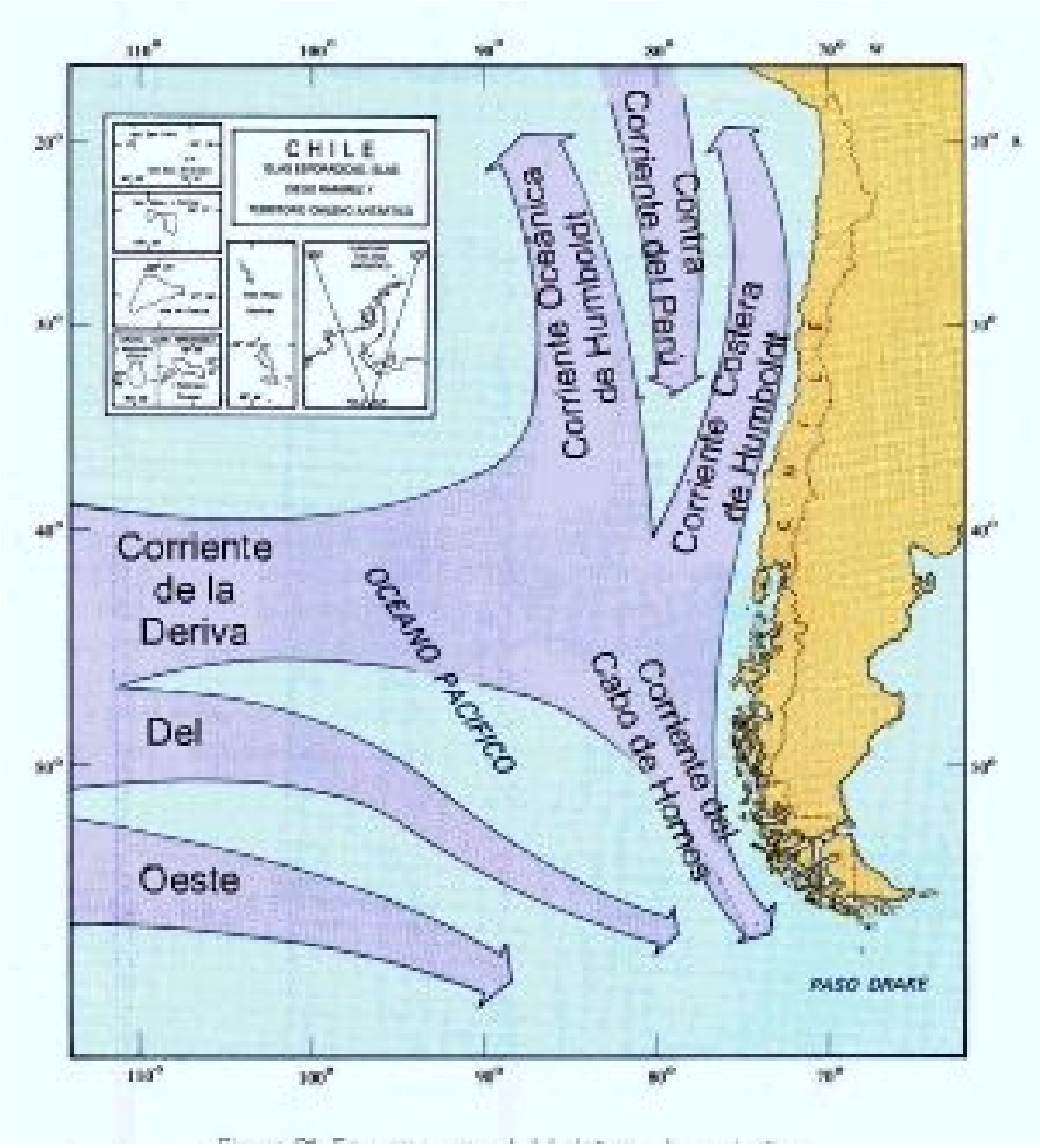


Figura 5: Representación de las corrientes marinas presentes en la costa de chilena. Extraído www.ifop.cl/explora.

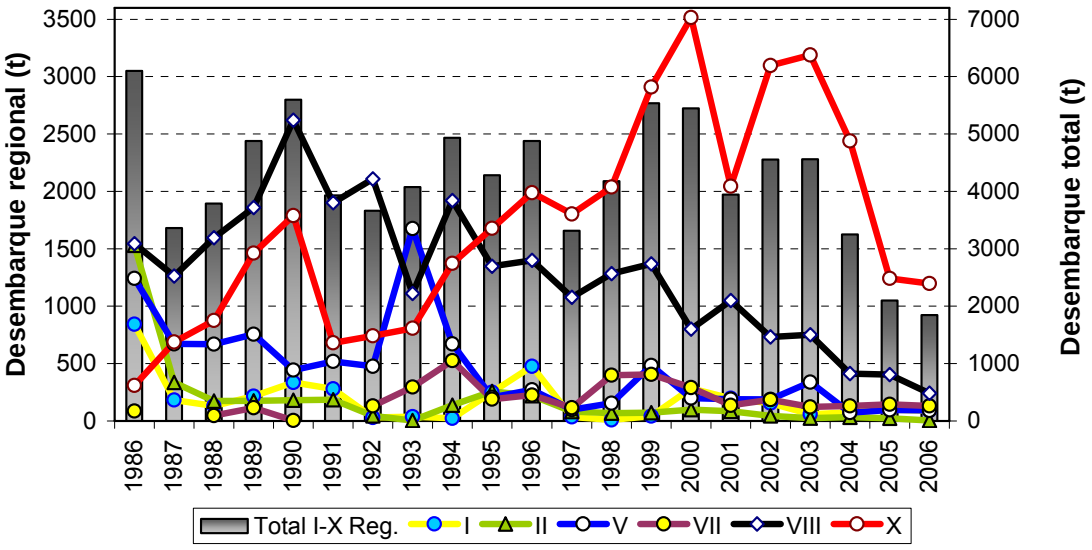


Figura 6: Desembarque (t) de bacalao de profundidad de la flota artesanal entre la I y X Región. Fuente SERNAPESCA.

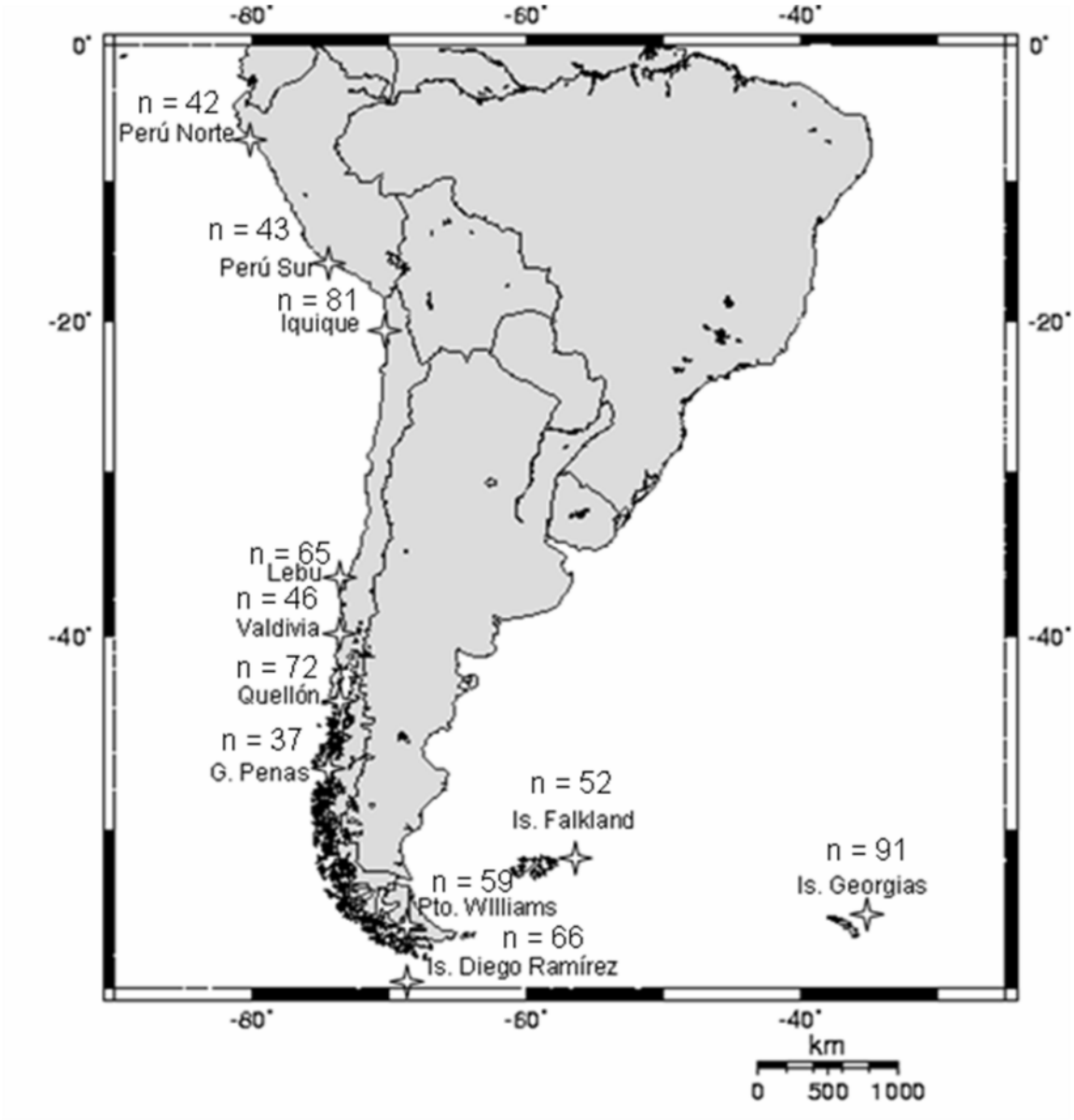


Figura 7: Zonas de muestreo con su respectivo tamaño muestreal para poblaciones de *Dissostichus eleginoides*.

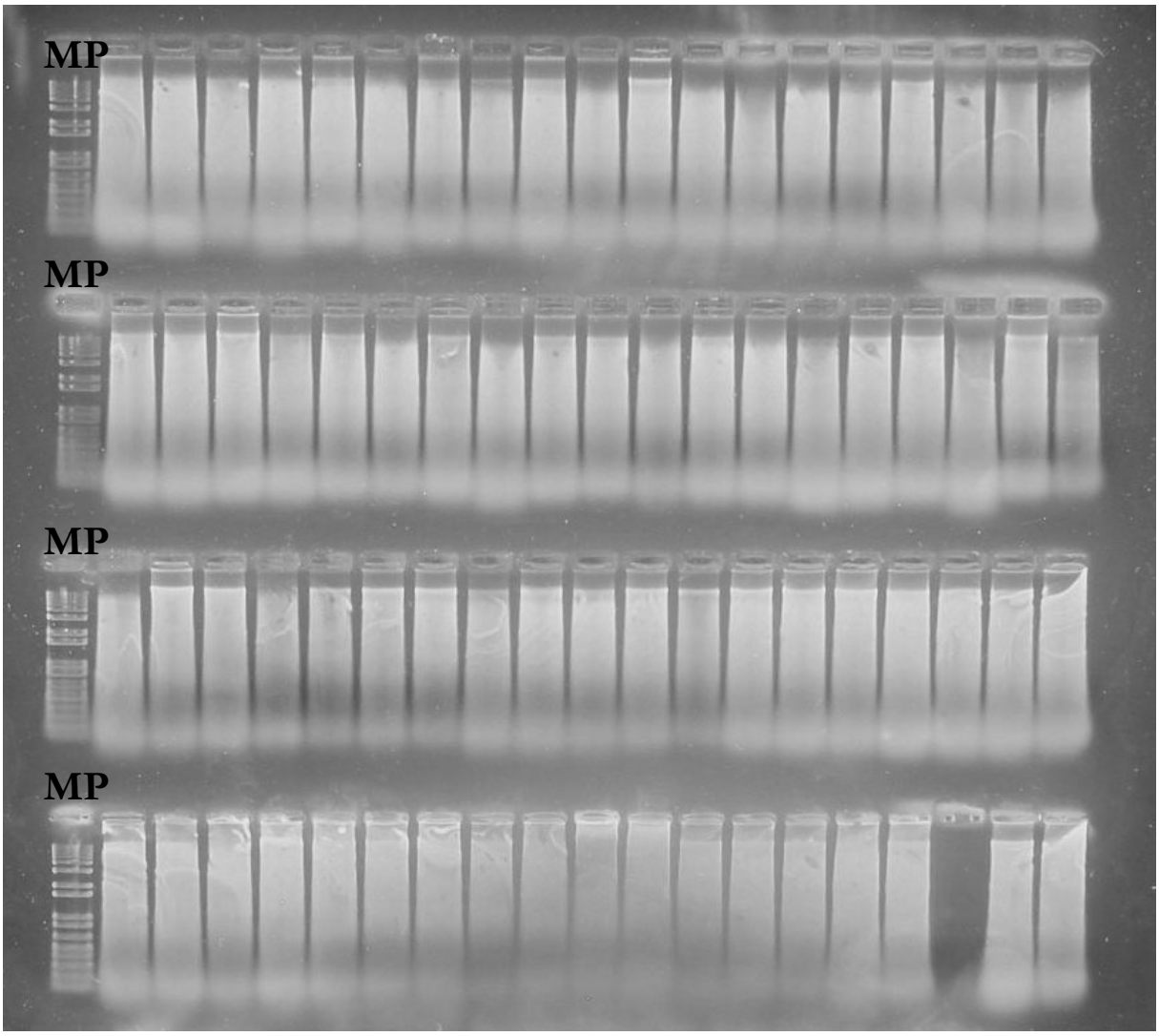


Figura 8: Perfil electroforético de extractos de ADN genómico de *D. eleginoides* provenientes de las zonas de estudio. MP: marcador de peso.

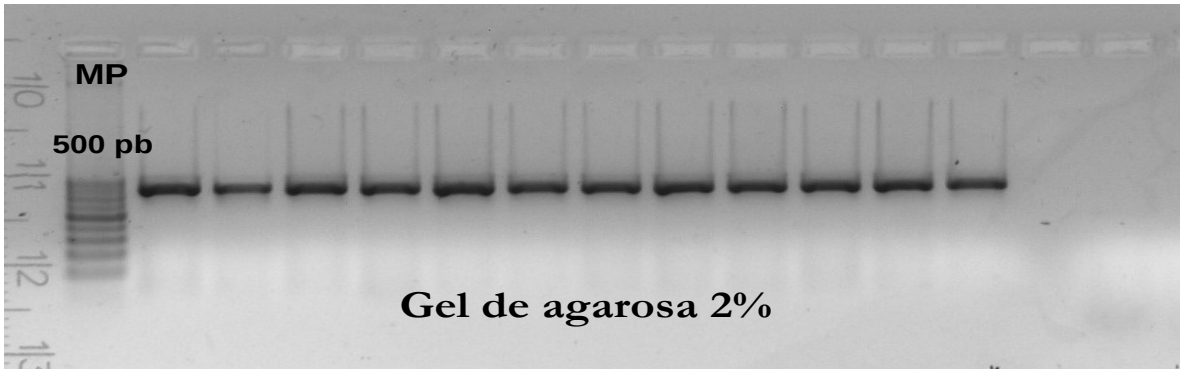


Figura 9: Perfil electroforético de PCR para el segmento DLoop del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*, en gel de agarosa al 2%. Se indican el perfil obtenido con la pareja de primers LPRO2 & HDL2. MP marcador de peso molecular.

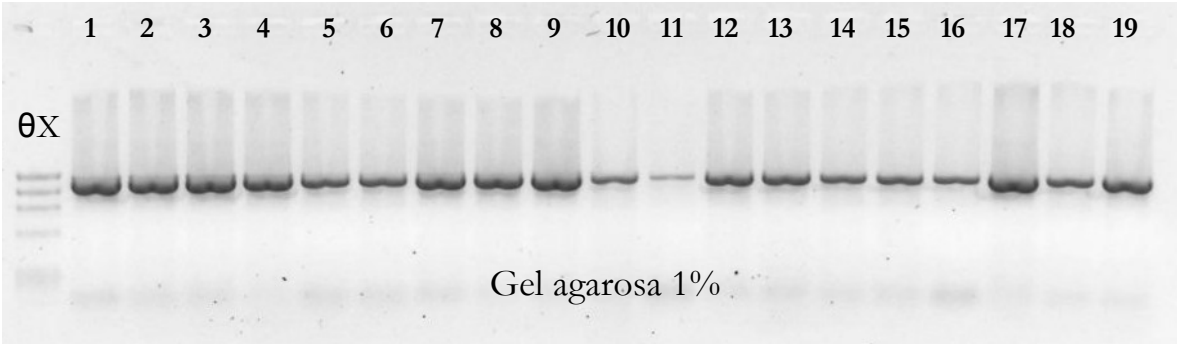


Figura 10. Perfil electroforético de PCR para el segmento ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides*, en gel de agarosa al 1%. Se indican el perfil obtenido con la pareja de primers Mt-76 & t-Met. θX marcador de peso molecular.

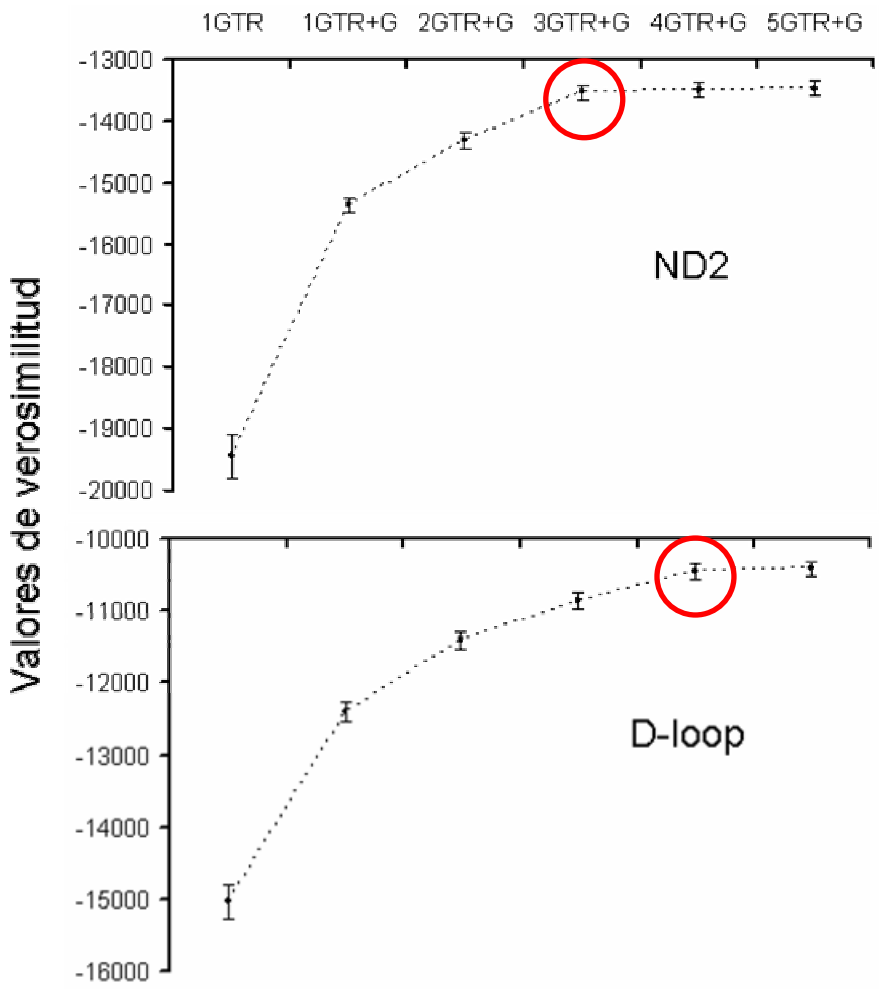


Figura 11: Valores de verosimilitud promedio (± 10 veces el Error Estándar) de los diferentes modelos de múltiples matrices (MM) analizados para las secuencias de ND2 y DLoop.

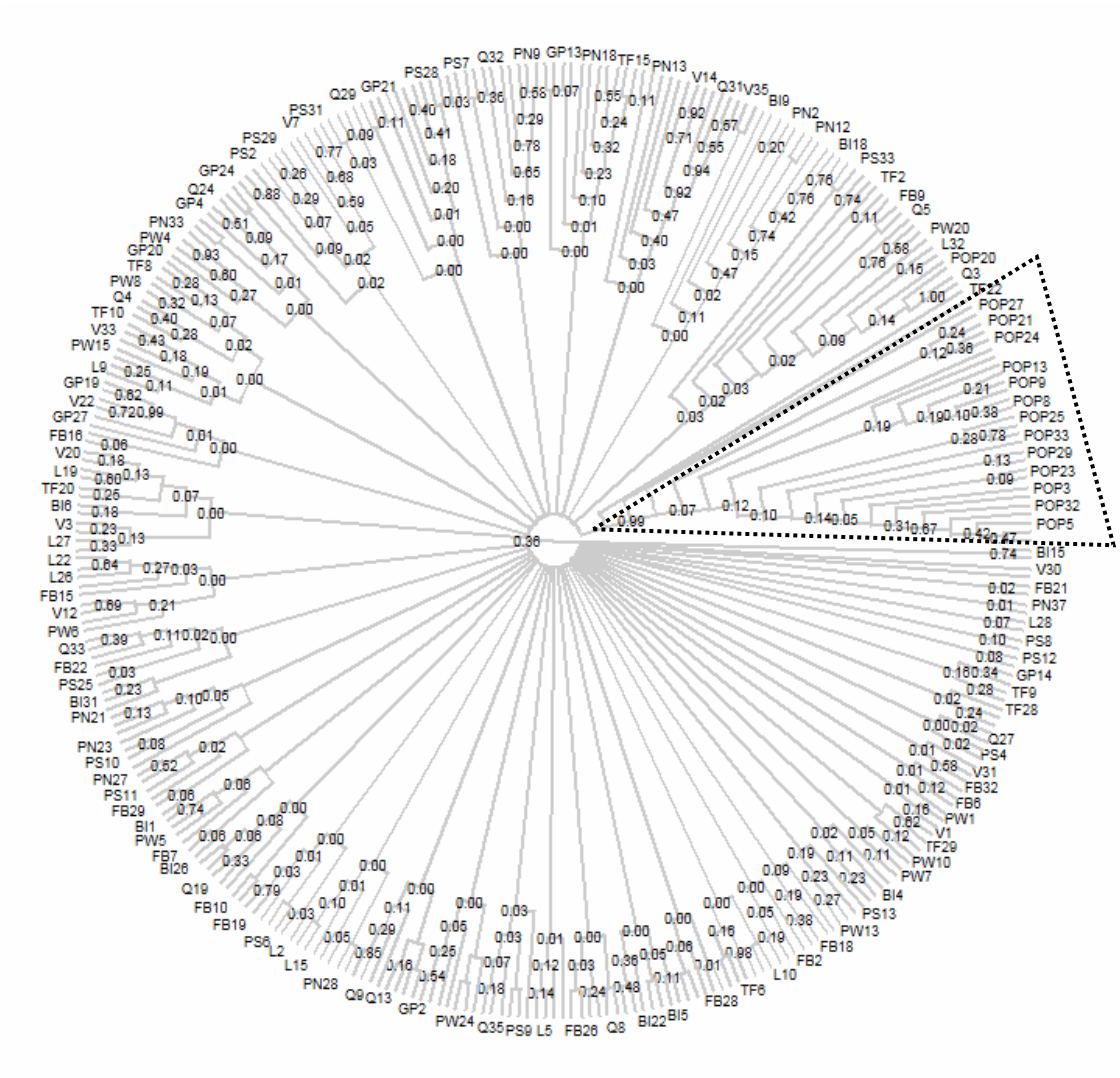


Figura 12: Árbol de consenso (majority-rule) de las muestras analizadas de Bacalao de profundidad para el segmento ND2. Los valores sobre las ramas indican la consistencia de los nodos a partir de la probabilidad *a posteriori* de ocurrencia de los árboles en la zona de convergencia de la cadena de Markov usando un modelo de 3GTR+G.

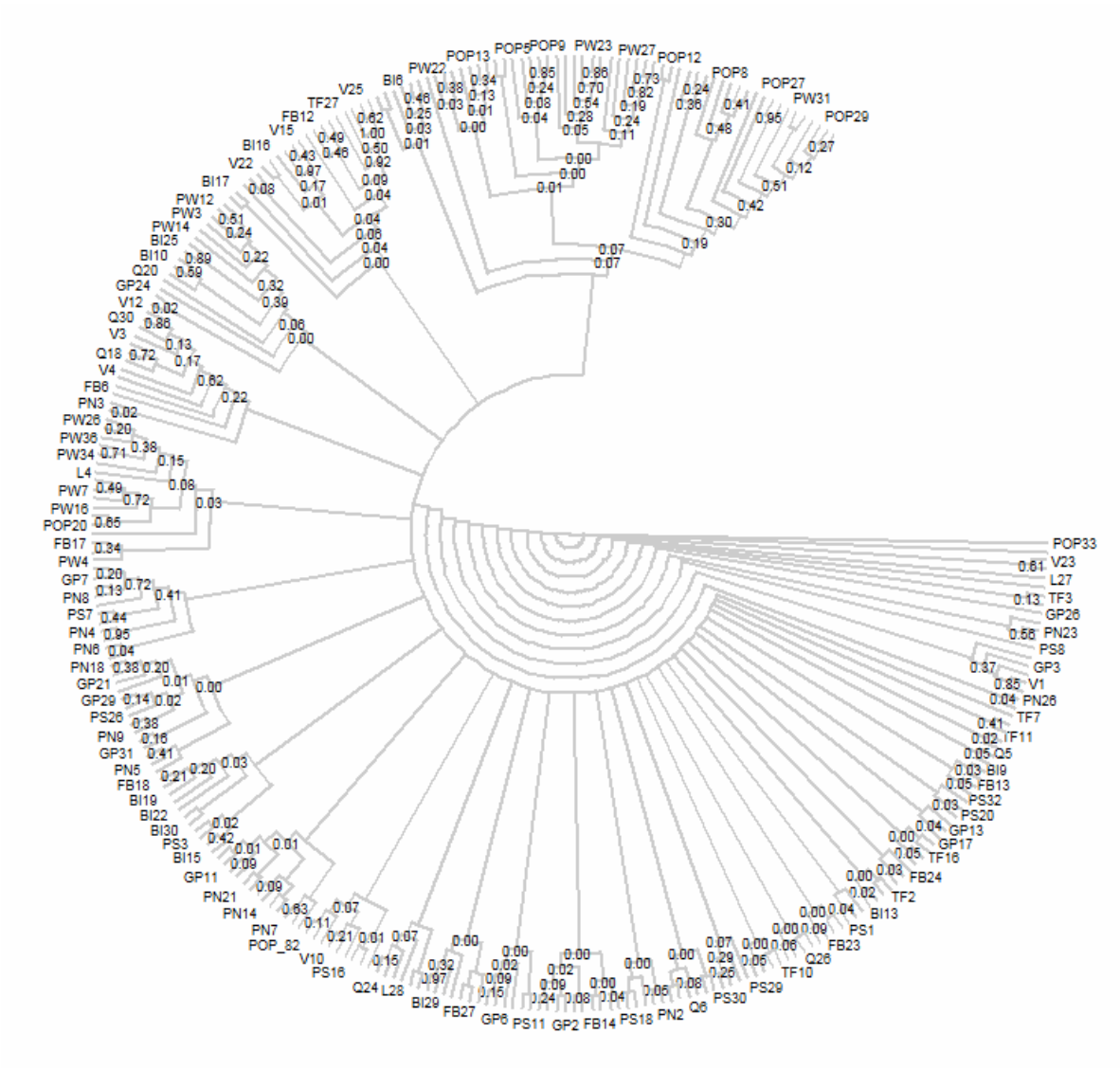


Figura 13: Árbol de consenso (majority-rule) de las muestras analizadas de Bacalao de profundidad para el segmento DLoop. Los valores sobre las ramas indican la consistencia de los nodos a partir de la probabilidad *a posteriori* de ocurrencia de los árboles en la zona de convergencia de la cadena de Markov usando un modelo de 4GTR+G.

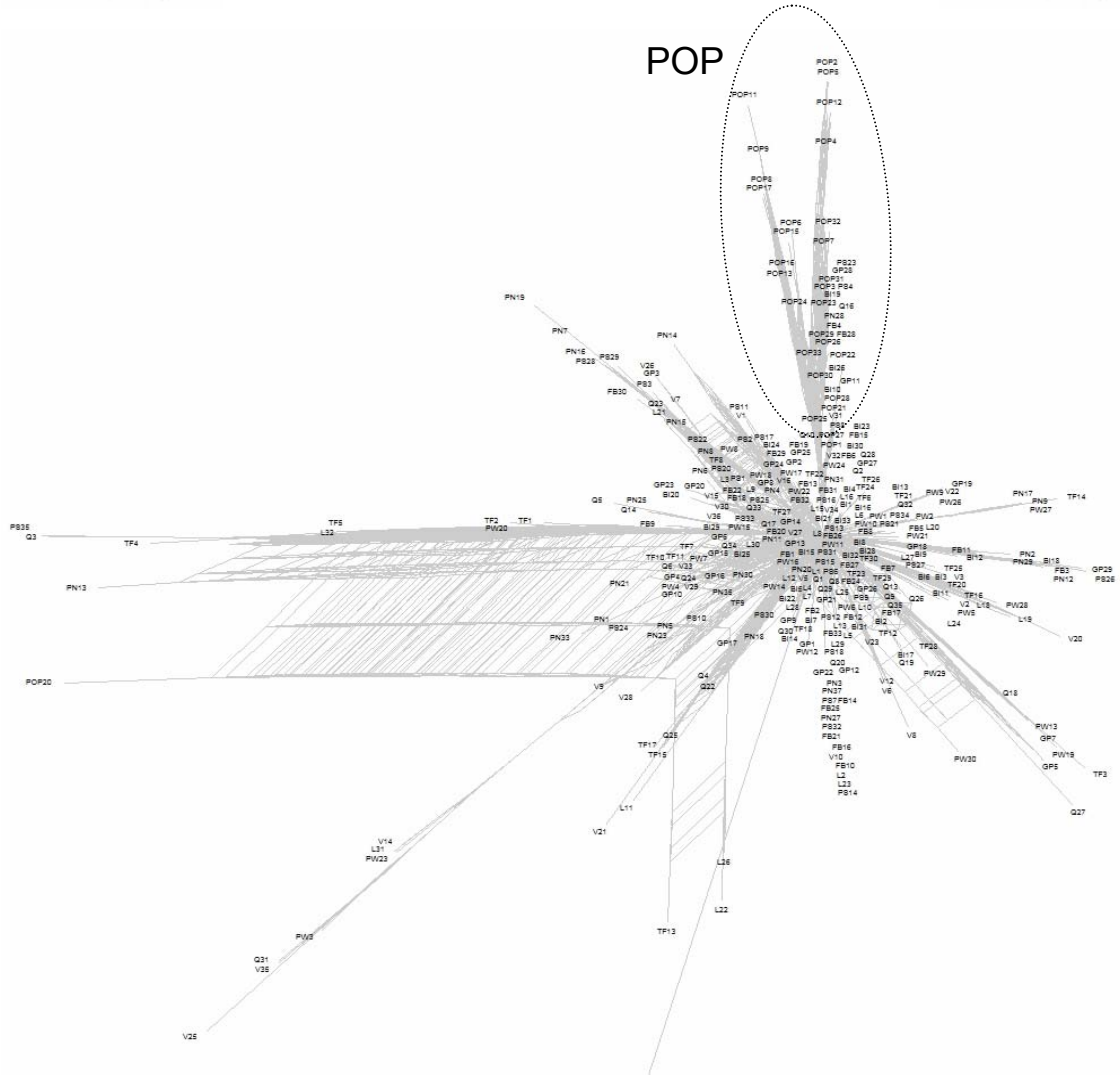


Figura 14: Red de consenso a un umbral de p = 0.05 de las muestras analizadas de Bacalao para el segmento ND2. Esta red de consenso fue construida en base a la propuesta de Holland & Moulton (2003), Holland et al., (2004) y Huson & Bryant (2005), en el programa SplitsTree 4 (Huson & Bryant, 2006).

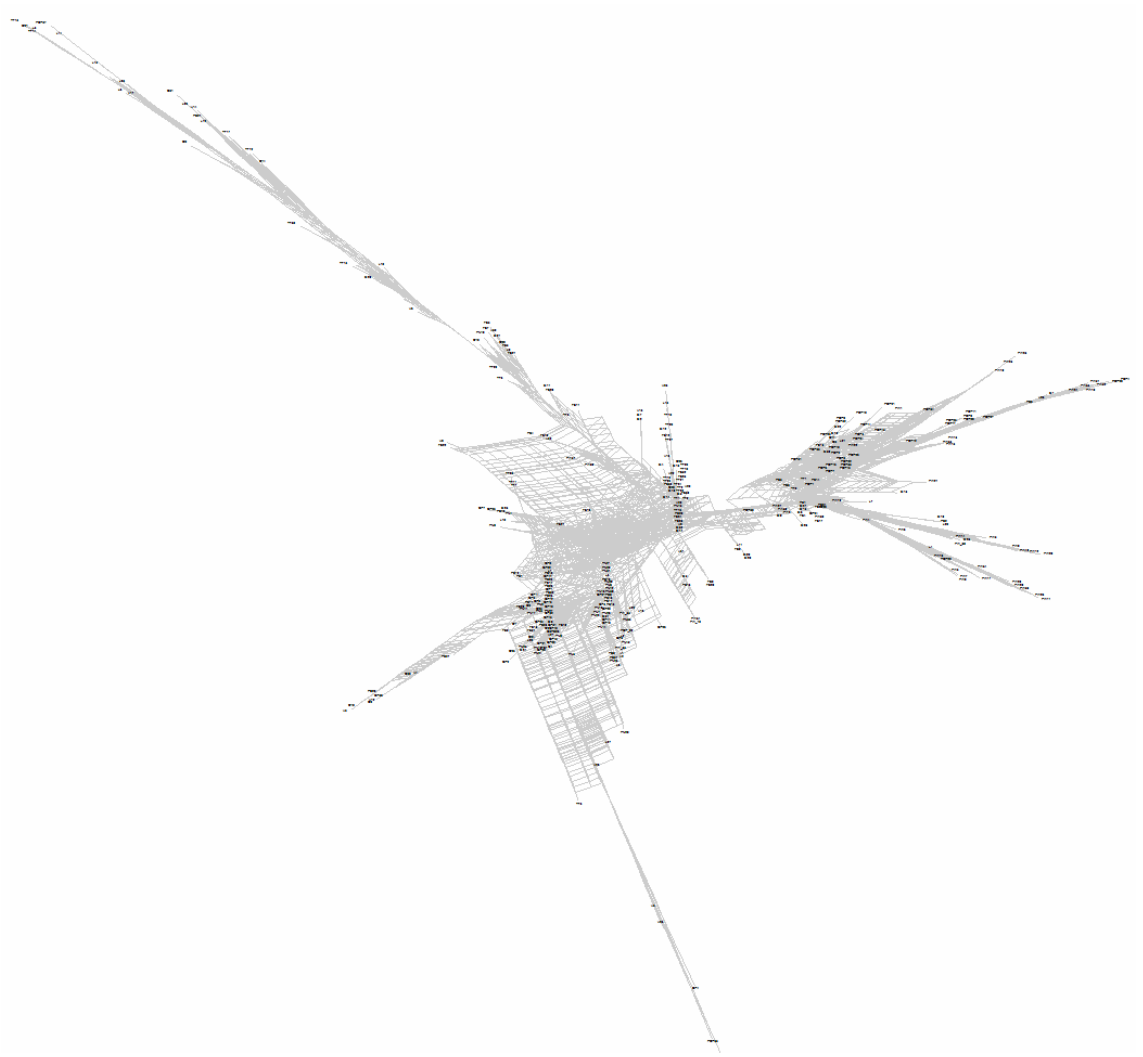


Figura 15: Red de consenso a un umbral de p = 0.05 de las muestras analizadas de Bacalao para el segmento DLoop. Esta red de consenso fue construida en base a la propuesta de Holland & Moulton (2003), Holland et al., (2004) y Huson & Bryant (2005), en el programa SplitsTree 4 (Huson & Bryant, 2006).

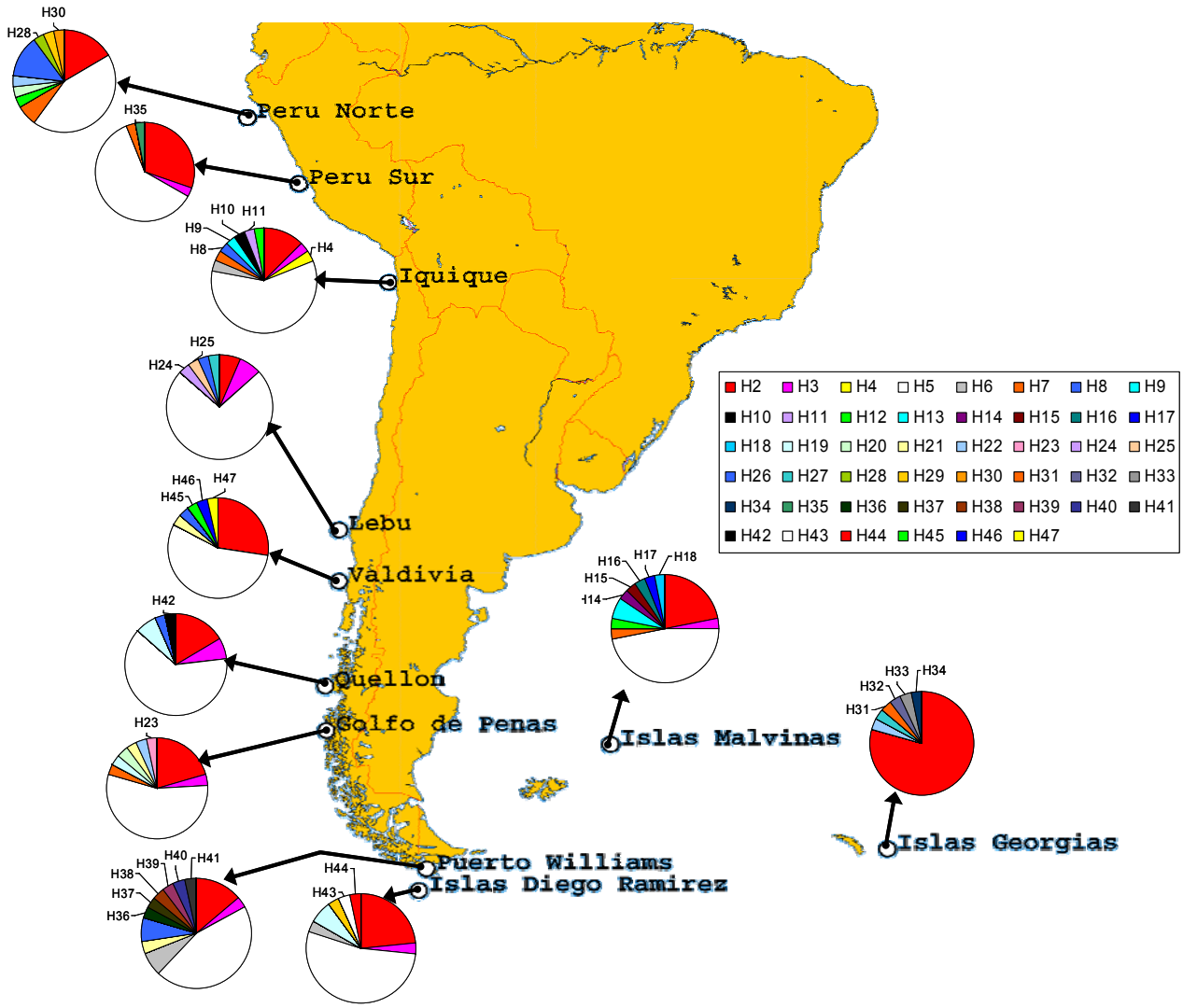


Figura 16: Mapa parcial de Sudamérica donde se indican las localidades de muestreo de Bacalao y la frecuencia de haplotipos de ND2 por localidad. Los haplotipos indicados sobre cada figura (e.g. en Lebu H24 y H25) son haplotipos únicos para cada localidad, los no indicados son compartidos por dos o más localidades.

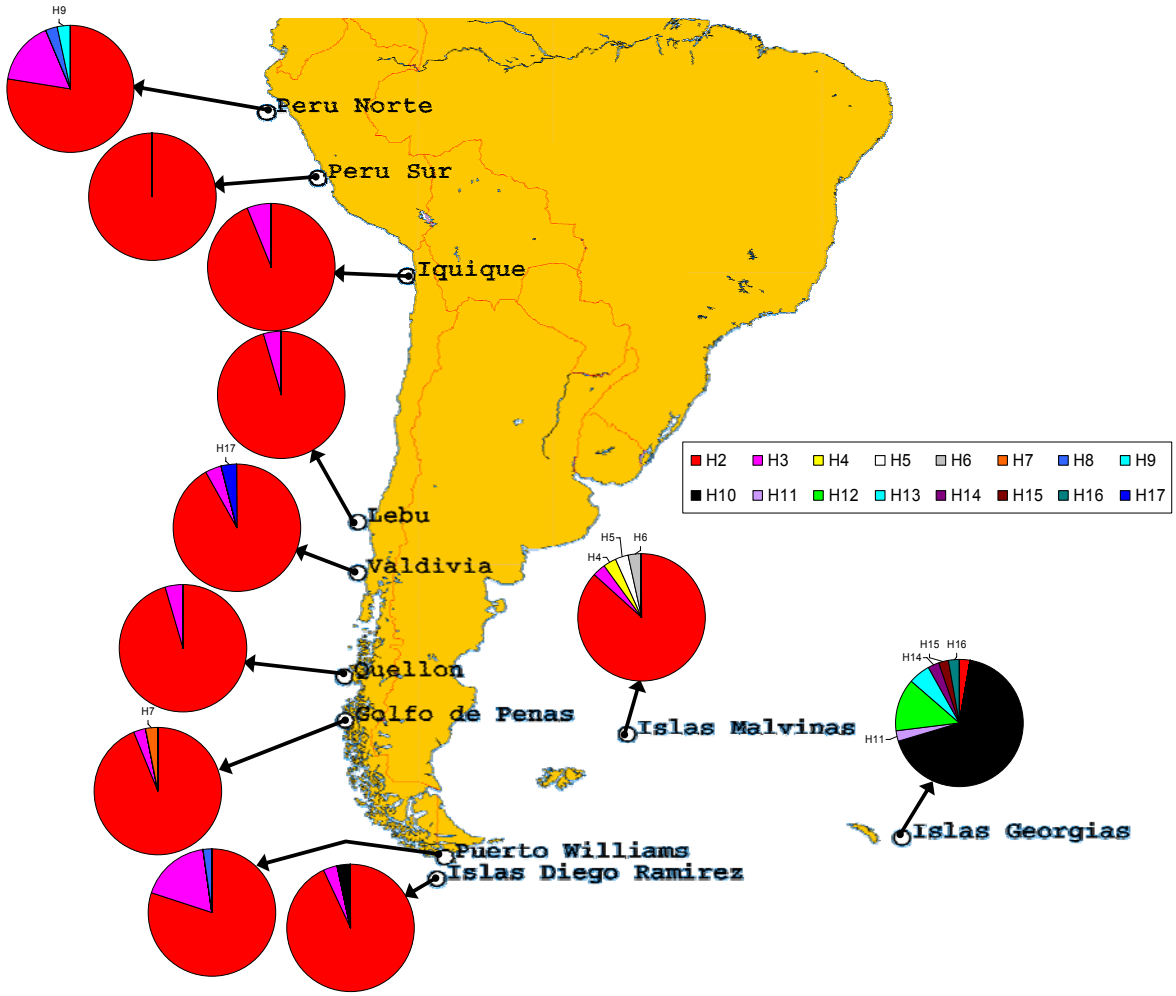


Figura 17: Mapa parcial de Sudamérica donde se indican las localidades de muestreo de Bacalao y la frecuencia de haplotipos de DLoop por localidad. Los haplotipos indicados sobre cada figura (e.g. en Valdivia H17) son haplotipos únicos para cada localidad, los no indicados son compartidos por dos o más localidades.

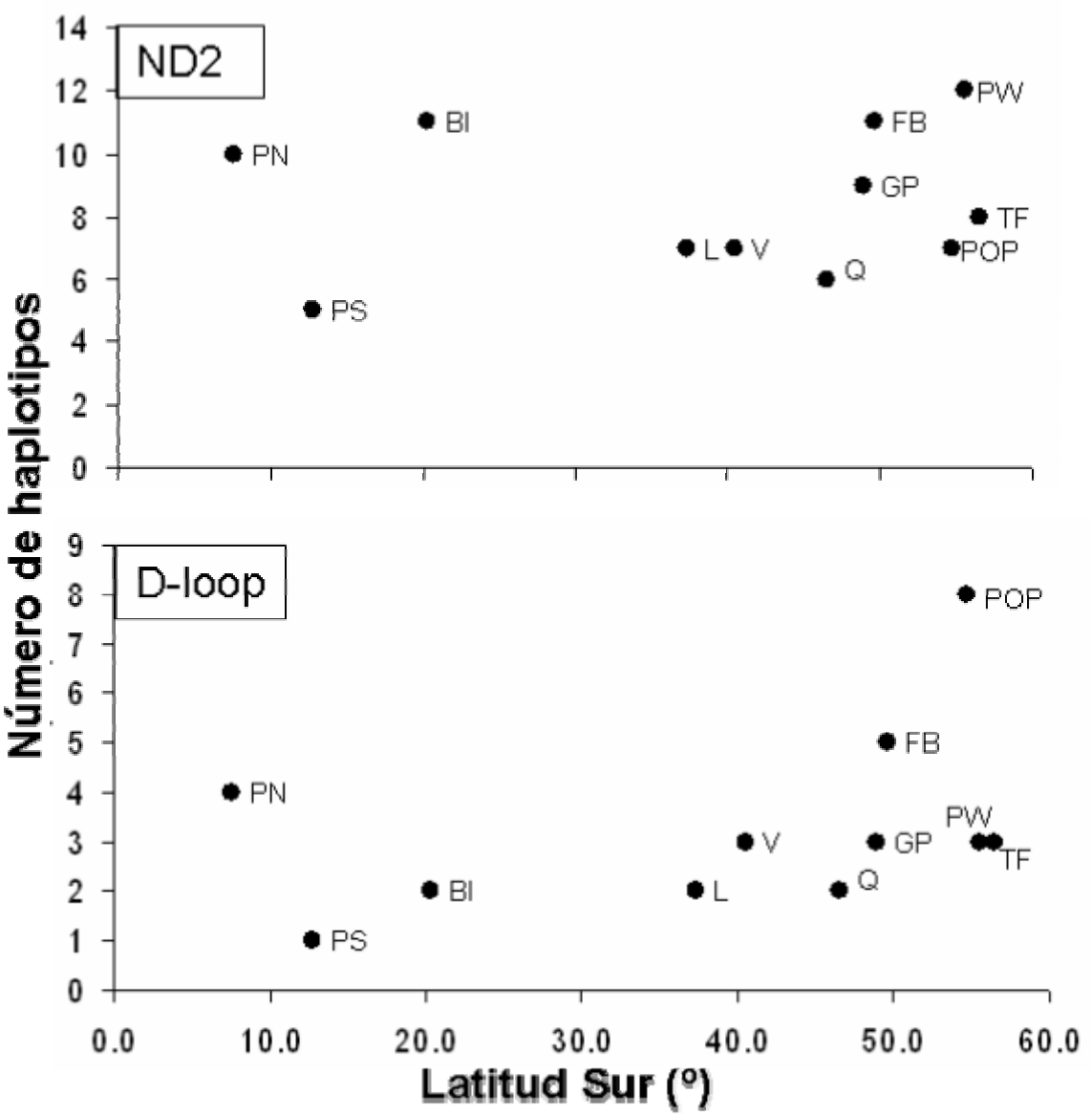


Figura 18: Relación entre el número de haplotipos y la latitud de las localidades de muestreo para ND2 y DLoop.

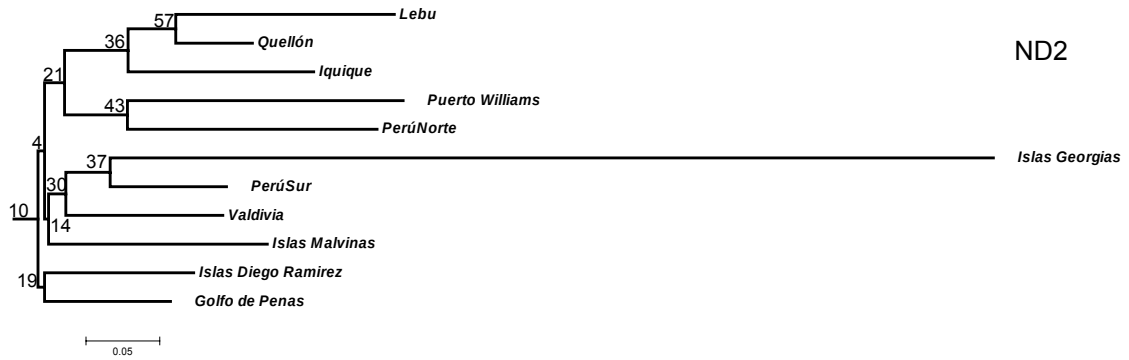


Figura 19: Árbol basado en la aproximación NJ para determinar la semejanza entre las localidades dado la frecuencia de haplotipos presentes en ND2. Antes de cada nodo se muestran los valores de consistencia de bootstrap.

Figura 20: Árbol basado en la aproximación NJ para determinar la semejanza entre las localidades dado la frecuencia de haplotipos presentes en DLoop. Antes de cada nodo se muestran los valores de consistencia de bootstrap.

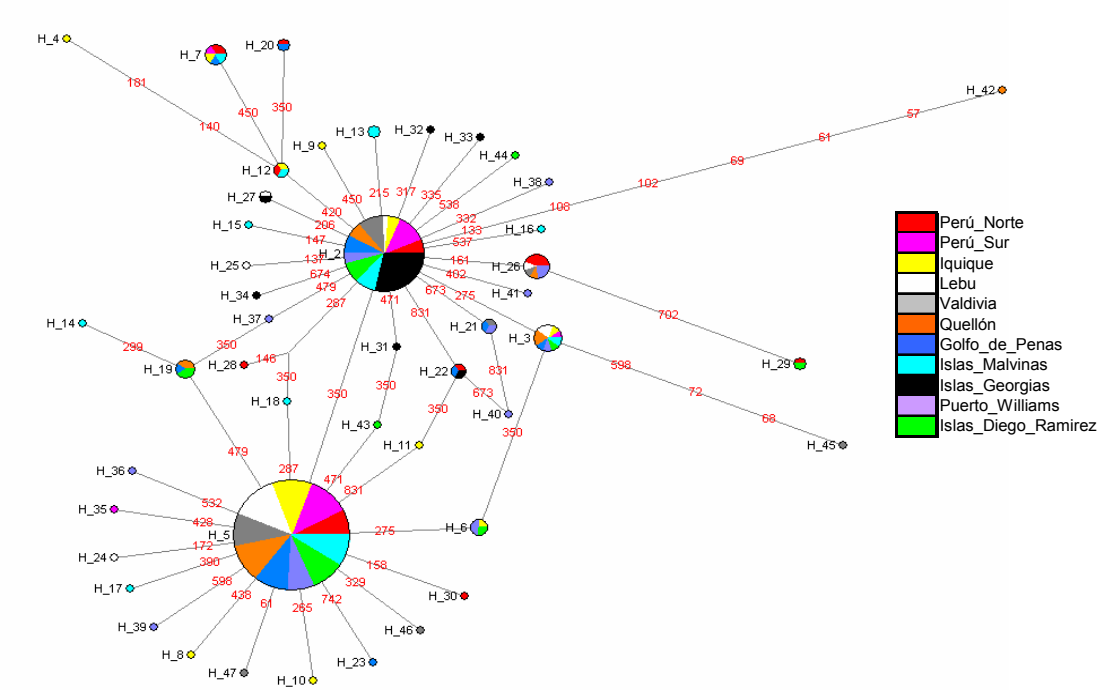


Figura 21: Red de haplotipos basada en la aproximación Median Joining para ND2. Los diferentes colores indican las diferentes localidades, los diferentes tamaños de círculos indican la frecuencia de los haplotipos, y los números en las ramas de la red indican posición de una mutación.

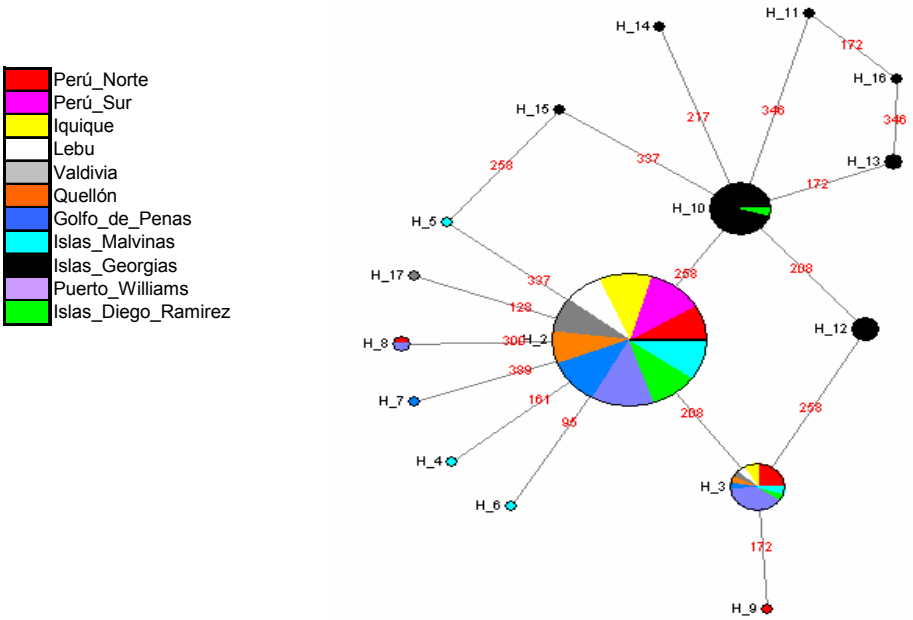


Figura 22: Red de haplotipos basada en la aproximación Median Joining para DLoop. Los diferentes colores indican las diferentes localidades, los diferentes tamaños de círculos indican la frecuencia de los haplotipos, y los números en las ramas de la red indican posición de una mutación.

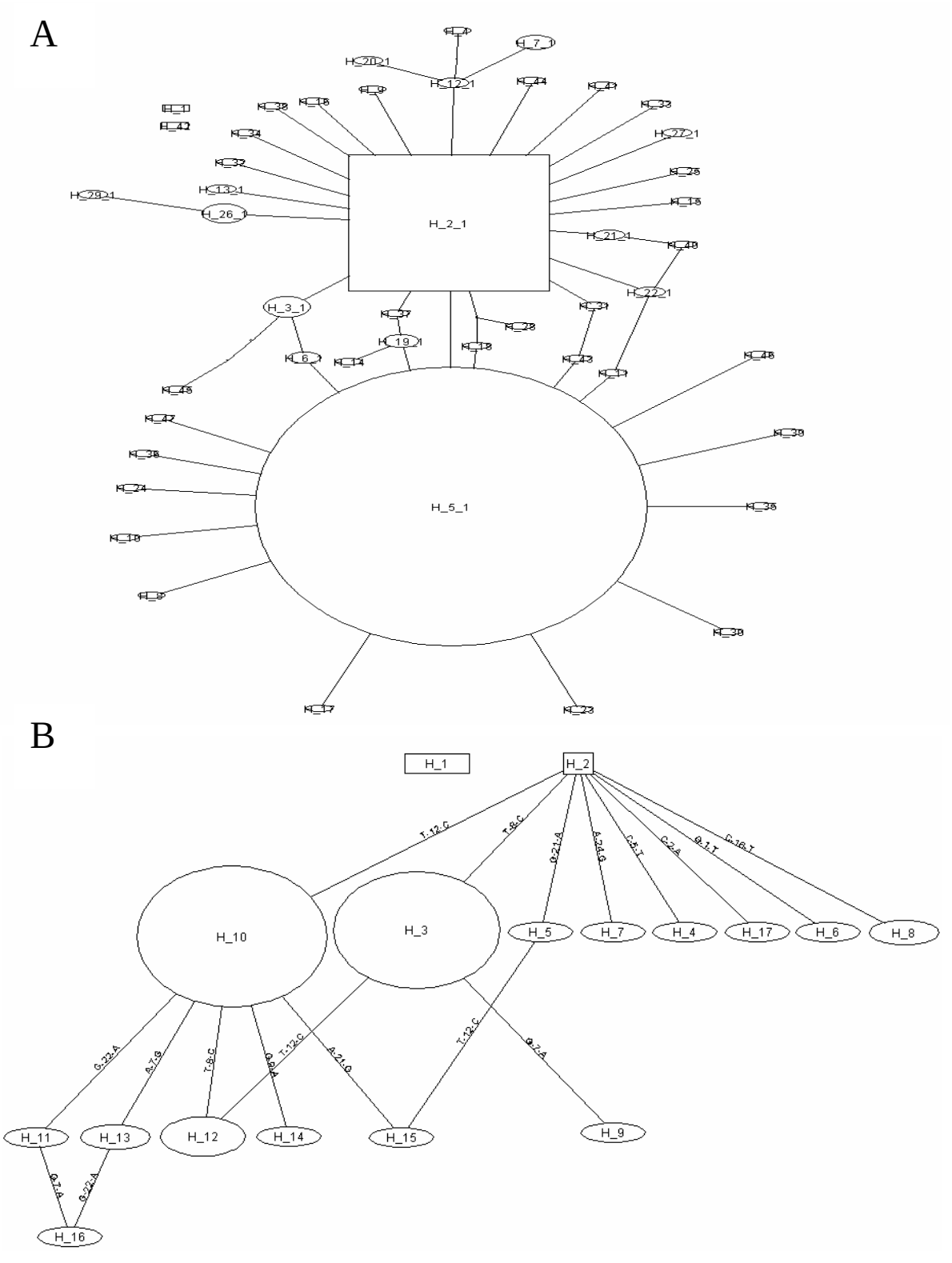


Figura 23: Red de haplotipos basada en la aproximación de parsimonia estadística para ND2 (A) y DLoop (B).

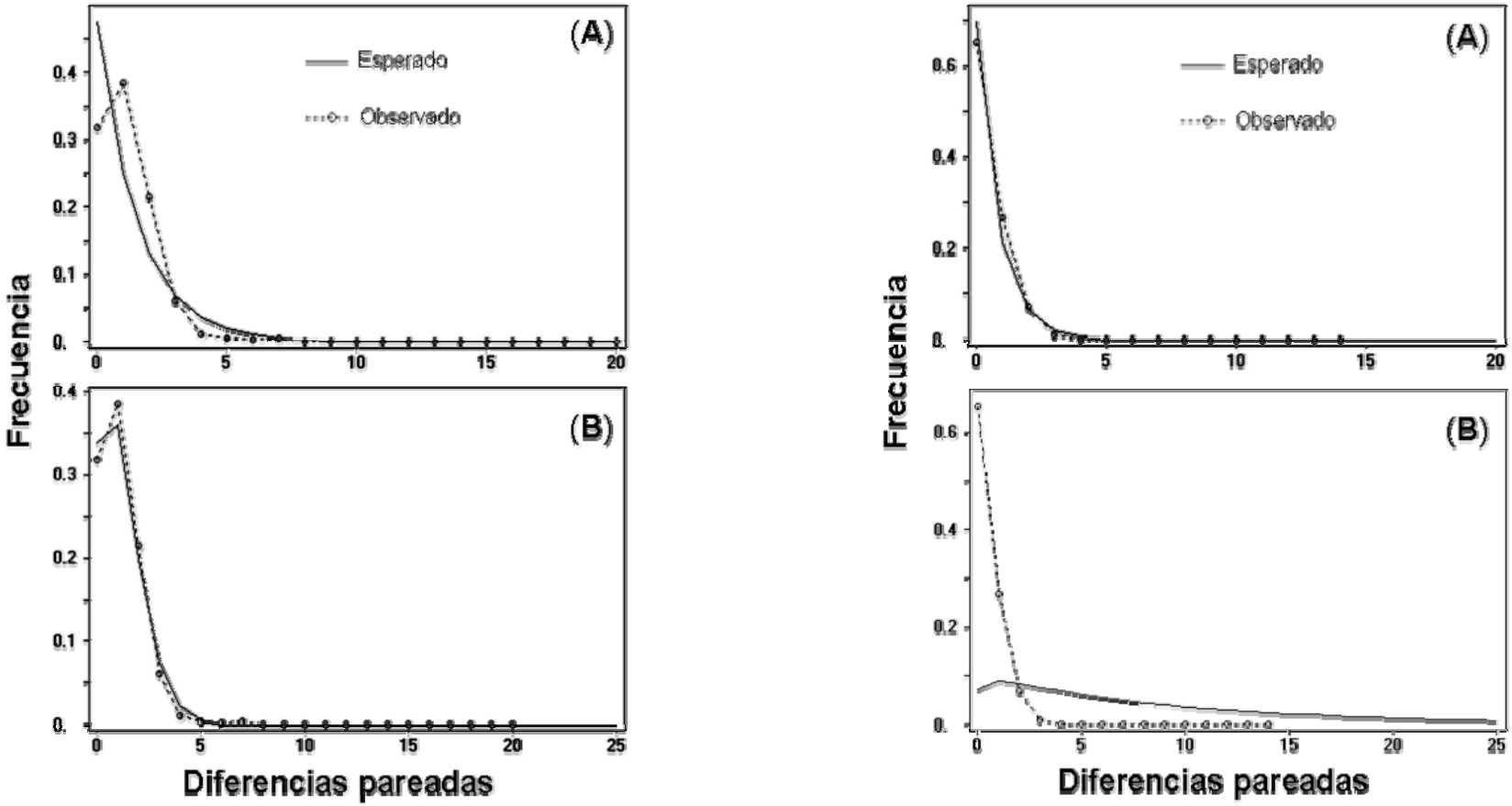


Figura 24: Distribución mismatch observada de los haplotipos de ND2 y DLoop en la muestra total (i.e. líneas discontinuas). En el gráfico en líneas continuas se observan las distribuciones teóricas esperadas bajo los modelos de tamaño poblacional constante (**A**) y de expansión rápida (**B**).

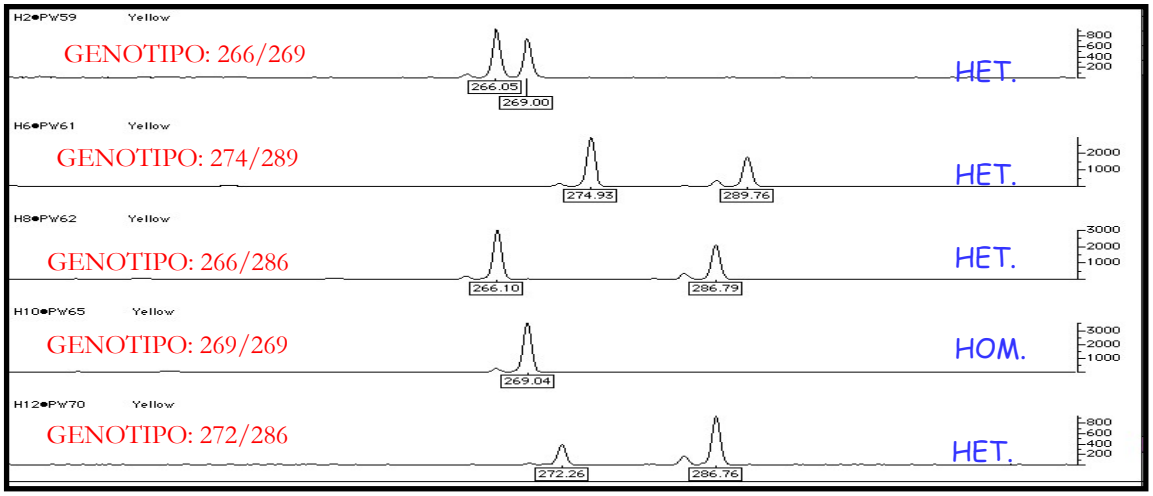


Figura 25: Cromatograma correspondiente a lecturas de fragmentos del microsatélite CmrDe4 (Marcado con Ned de 260 - 299 pb) del Bacalao de Profundidad. HET.: Heterocigoto; HOM.: Homocigoto.

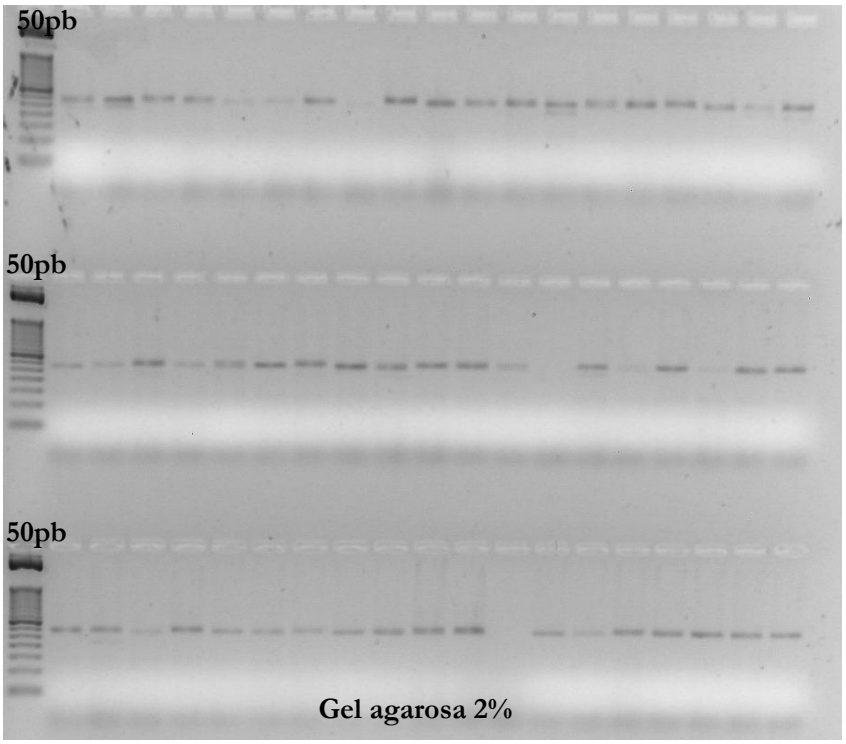


Figura 26: Perfil electroforético del microsatélite CmrDe4 del Bacalao de Profundidad proveniente de Islas Malvinas, en geles de agarosa al 2%. Cada carril corresponde a distintos individuos. 50pb corresponde al marcador de peso molecular para chequear el tamaño de las bandas amplificadas.

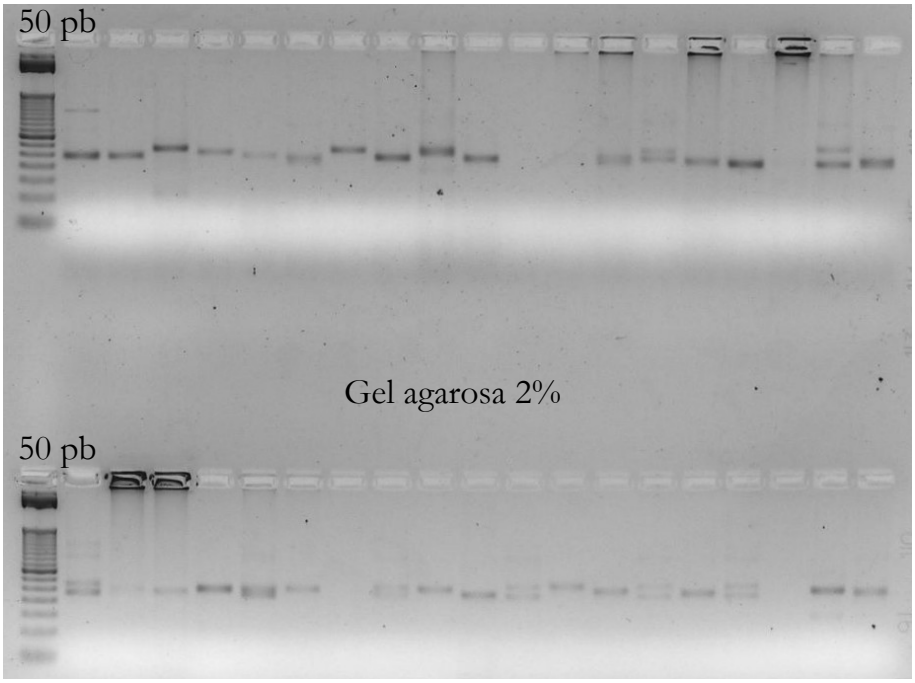


Figura 27: Perfil electroforético del microsatélite CmrDe9 del Bacalao de Profundidad proveniente de Islas Malvinas, en geles de agarosa al 2%. Cada carril corresponde a distintos individuos. 50pb corresponde al marcador de peso molecular para chequear el tamaño de las bandas amplificadas.

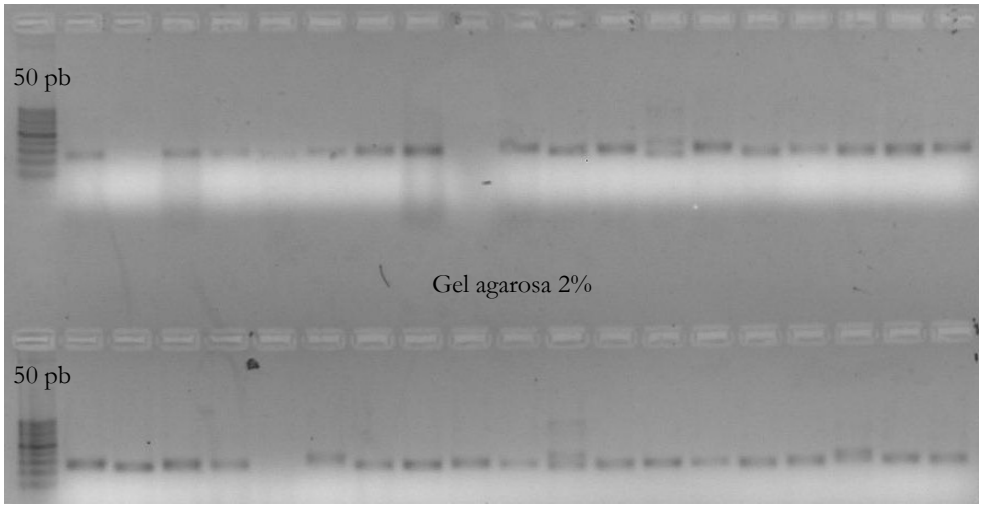


Figura 28: Perfil electroforético del microsatélite CmrDe30 del Bacalao de Profundidad proveniente de Islas Malvinas, en geles de agarosa al 2%. Cada carril corresponde a distintos individuos. 50pb corresponde al marcador de peso molecular para chequear el tamaño de las bandas amplificadas.

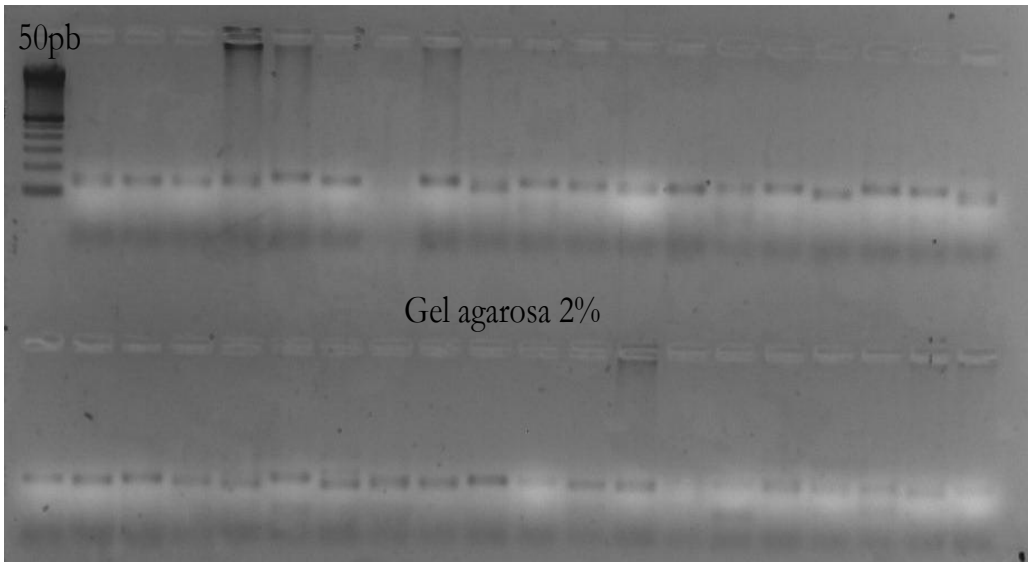


Figura 29: Perfil electroforético del microsatélite CmrDe2 del Bacalao de Profundidad proveniente de Islas Malvinas, en geles de agarosa al 2%. Cada carril corresponde a distintos individuos. 50pb corresponde al marcador de peso molecular para chequear el tamaño de las bandas amplificadas.

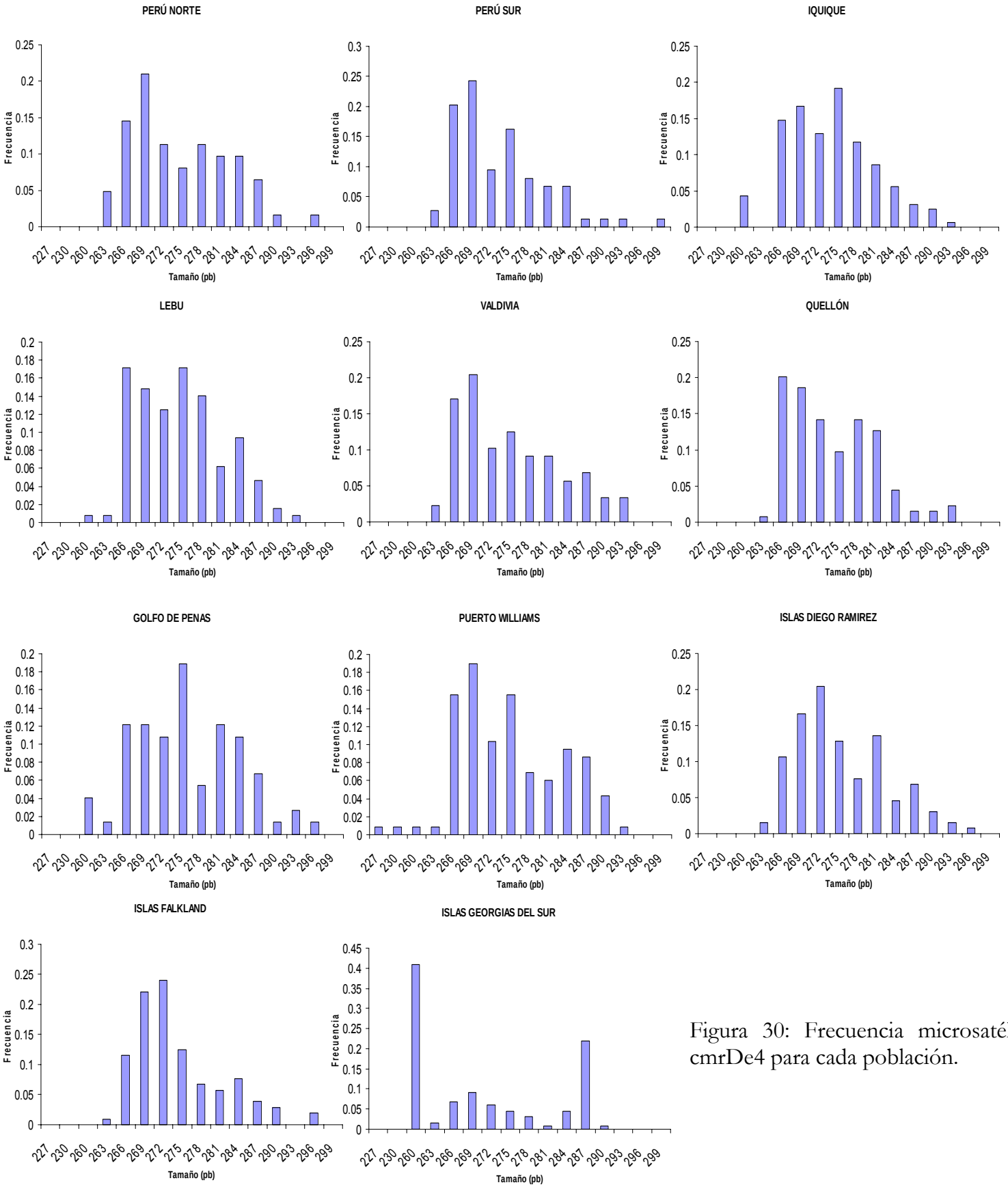


Figura 30: Frecuencia microsatélite cmrDe4 para cada población.

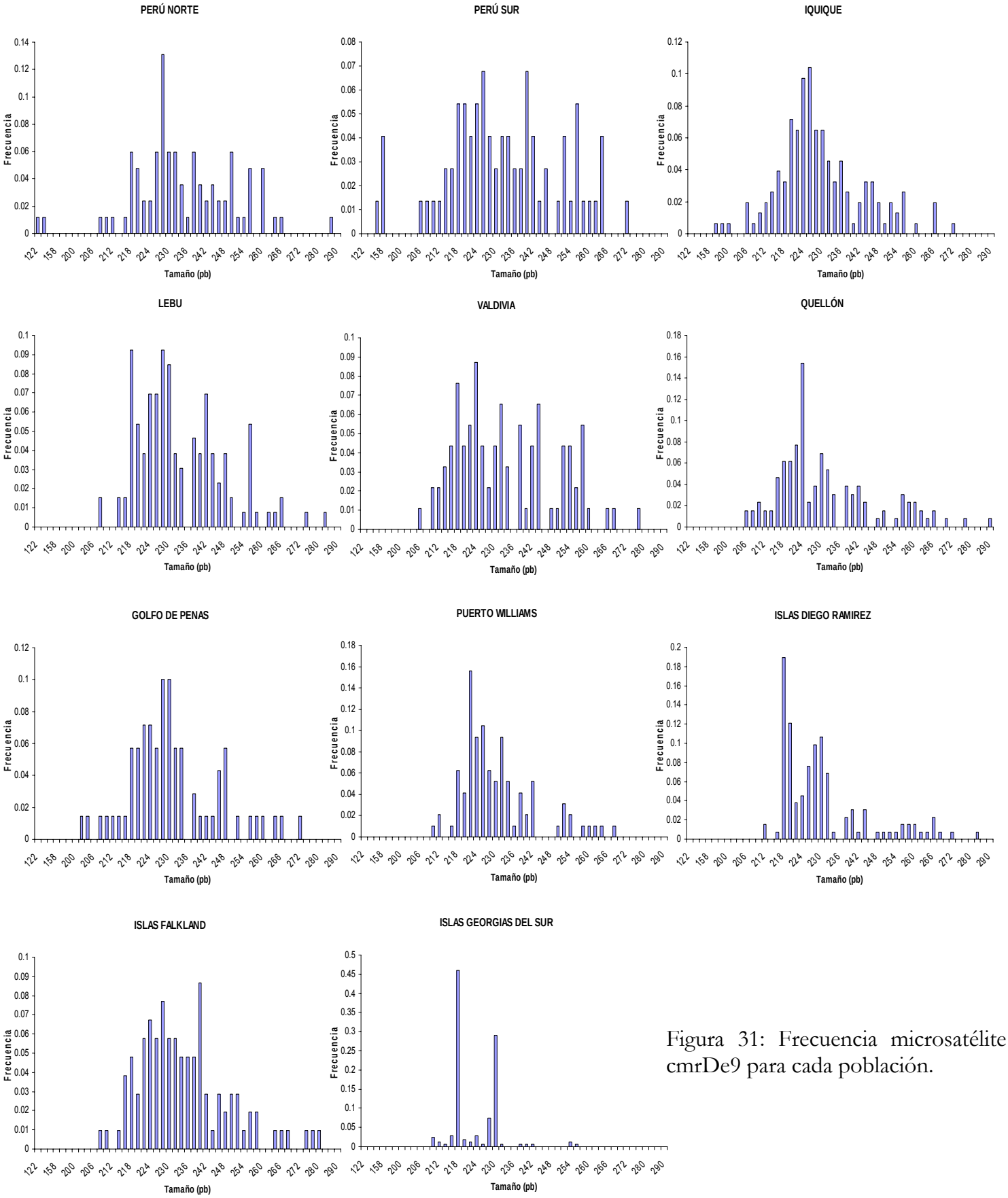


Figura 31: Frecuencia microsatélite cmrDe9 para cada población.

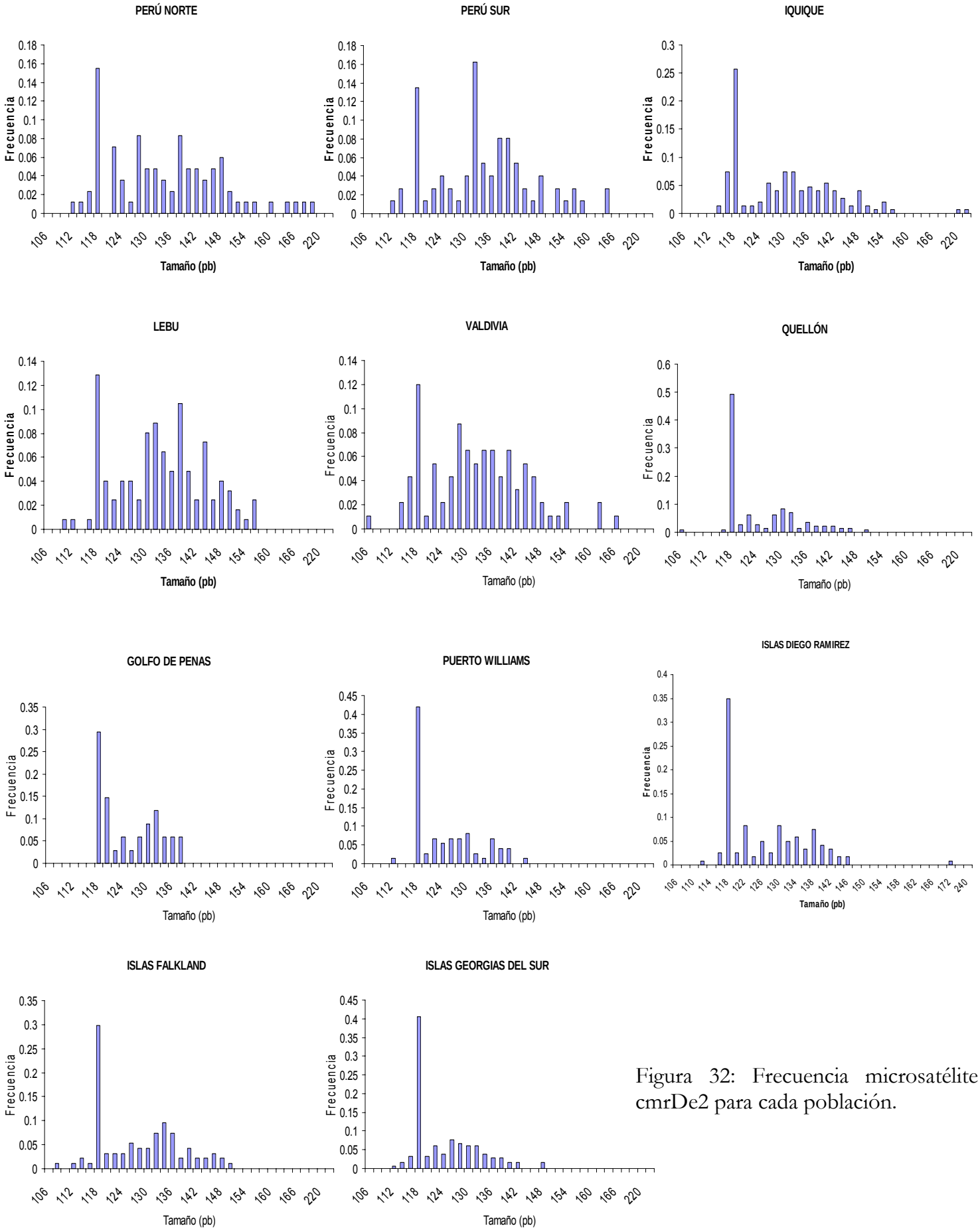


Figura 32: Frecuencia microsatélite cmrDe2 para cada población.

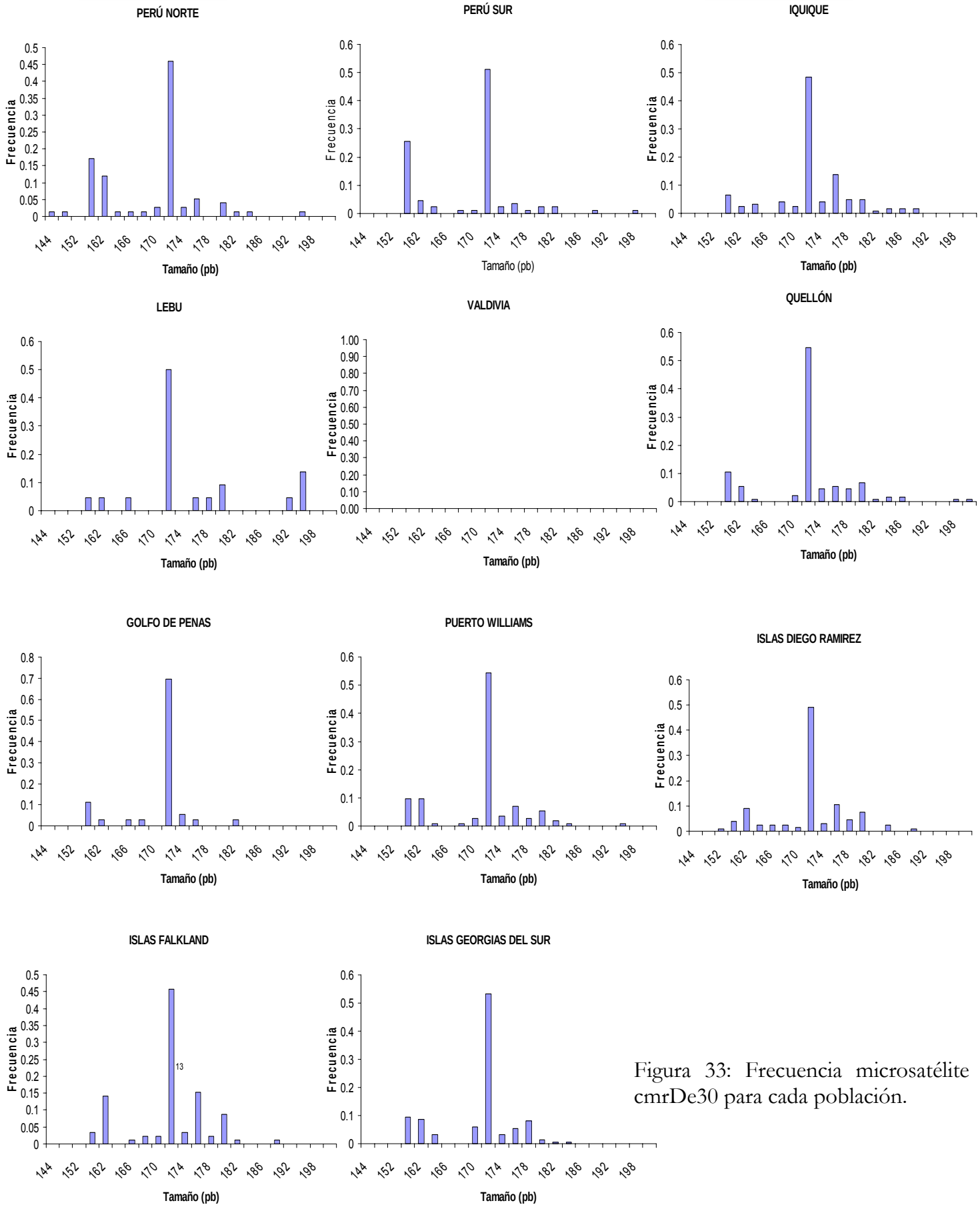


Figura 33: Frecuencia microsatélite cmrDe30 para cada población.

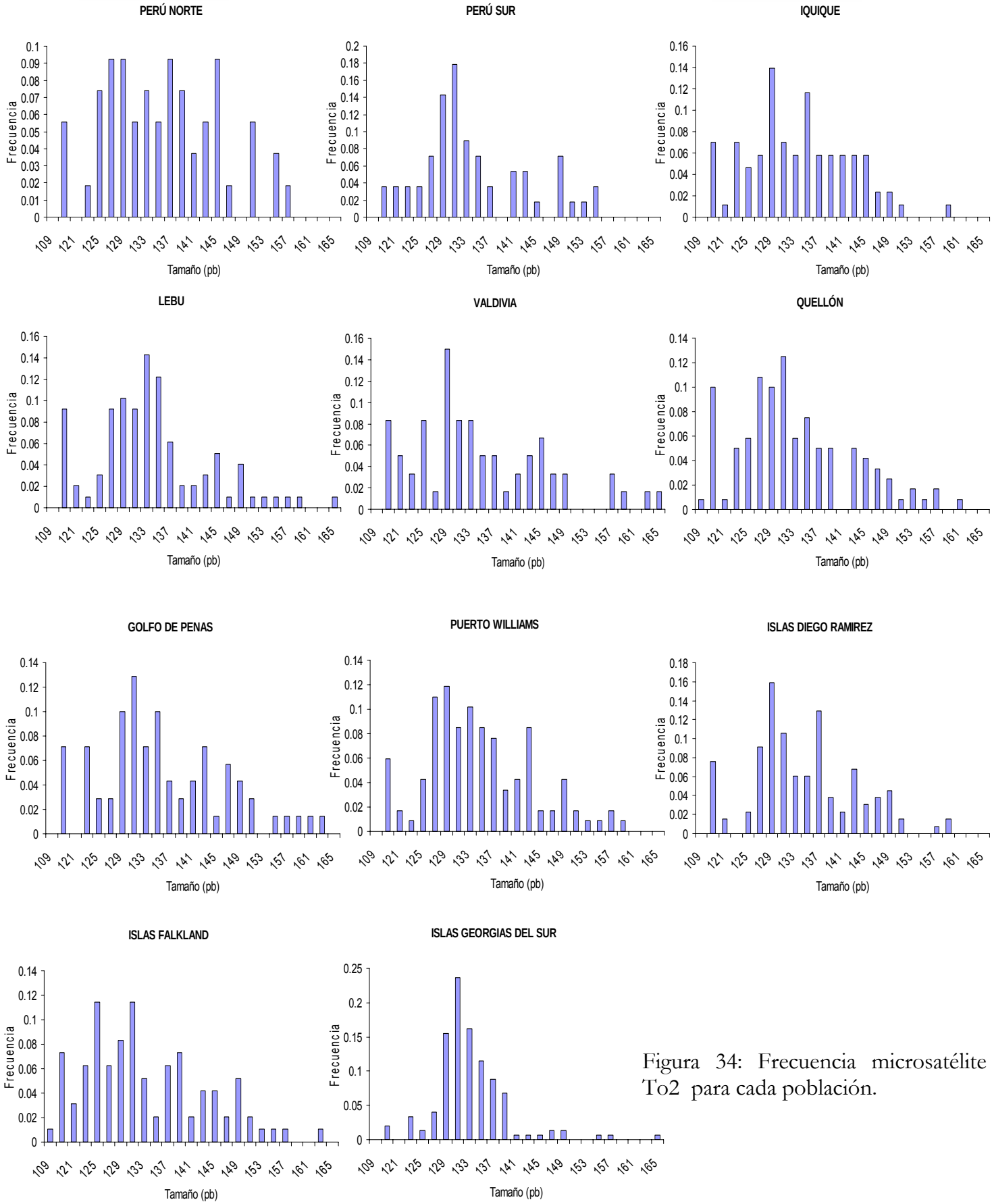


Figura 34: Frecuencia microsatélite To2 para cada población.

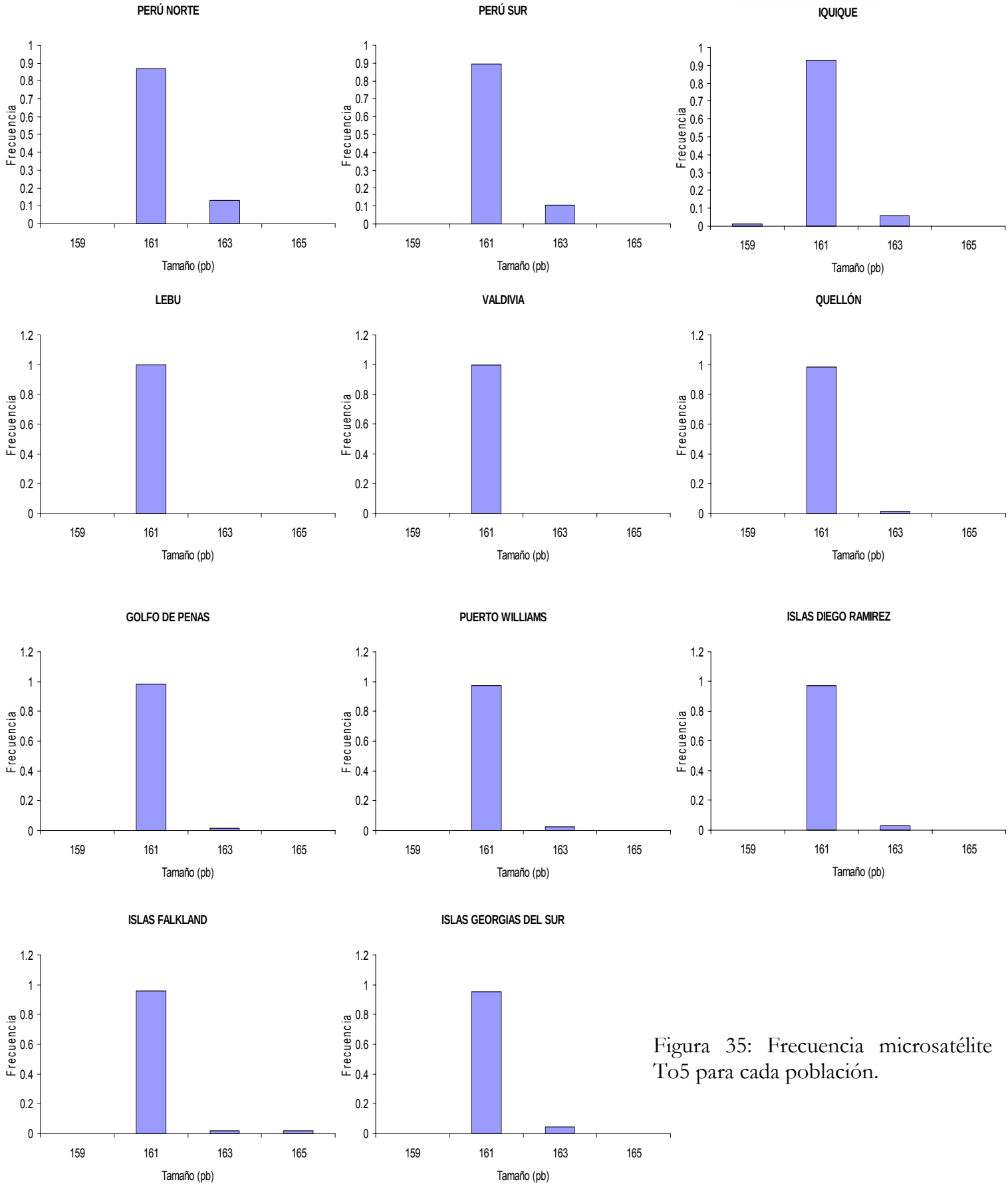


Figura 35: Frecuencia microsatélite To5 para cada población.

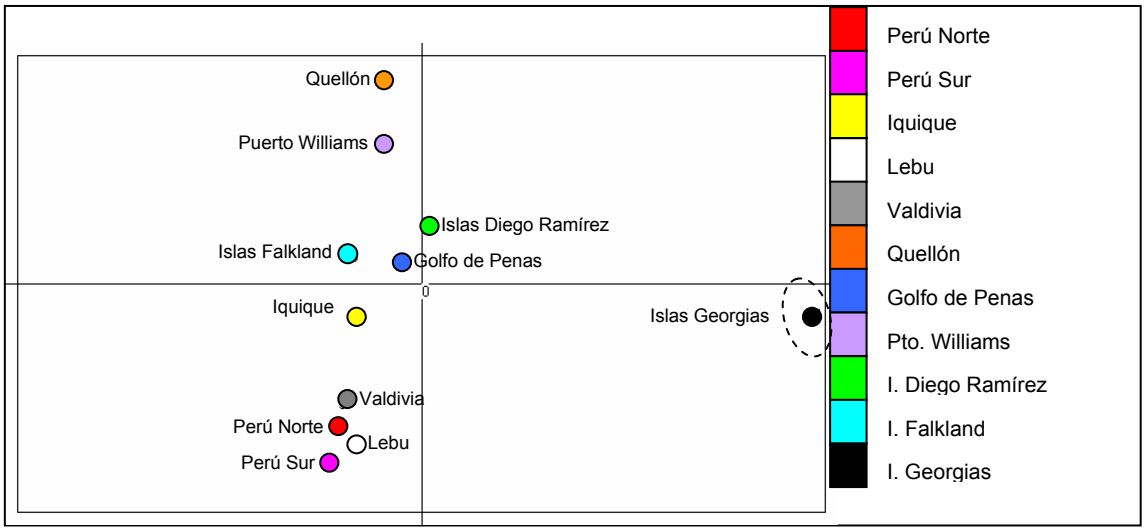
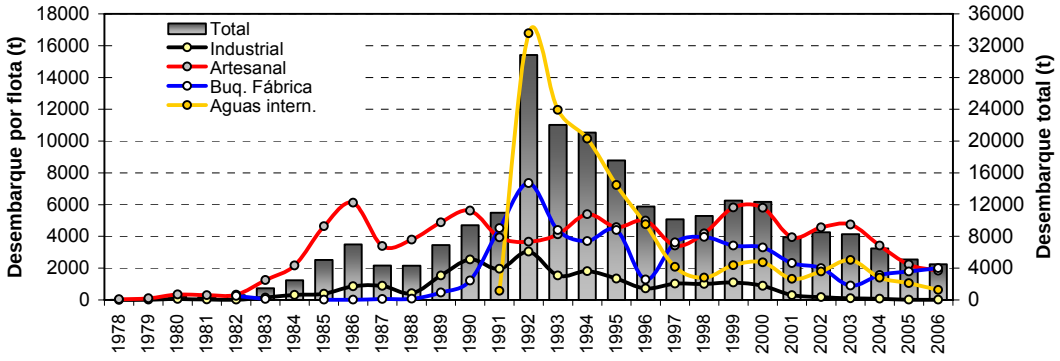


Figura 36: Análisis de componentes principales de las frecuencias alélicas de los microsatélites CmrDe4, CmrDe9, CmrDe30, CmrDe2, To2 y To5 en poblaciones de *D. eleginoides*.



Desembarque t (según anuario Sernapesca)						
Año	Flota (t)			Total Aguas chilenas	Aguas Internacional	Total País
	Industrial	Artesanal	Buq. Fábrica			
1991	1957	3931	4514	10402	567	10969
1992	3040	3664	7344	14048	16780	30828
1993	1530	4122	4397	10049	11959	22008
1994	1815	5387	3702	10904	10149	21053
1995	1337	4582	4401	10320	7232	17552
1996	719	4987	1287	6993	4754	11747
1997	1024	3422	3613	8059	2078	10138
1998	1010	4193	3969	9172	1399	10571
1999	1102	5808	3418	10328	2178	12506
2000	891	5793	3293	9977	2365	12342
2001	294	3944	2326	6564	1327	7891
2002	185	4565	2001	6751	1788	8539
2003	106	4742	907	5755	2519	8274
2004	79	3419	1572	5070	1401	6471
2005	13	2236	1796	4045	1061	5106
2006	9	1845	2003	3857	638	4495

Figura 37: Desembarque (t) de bacalao de profundidad a nivel país según el tipo de flota. Fuente SERNAPESCA.

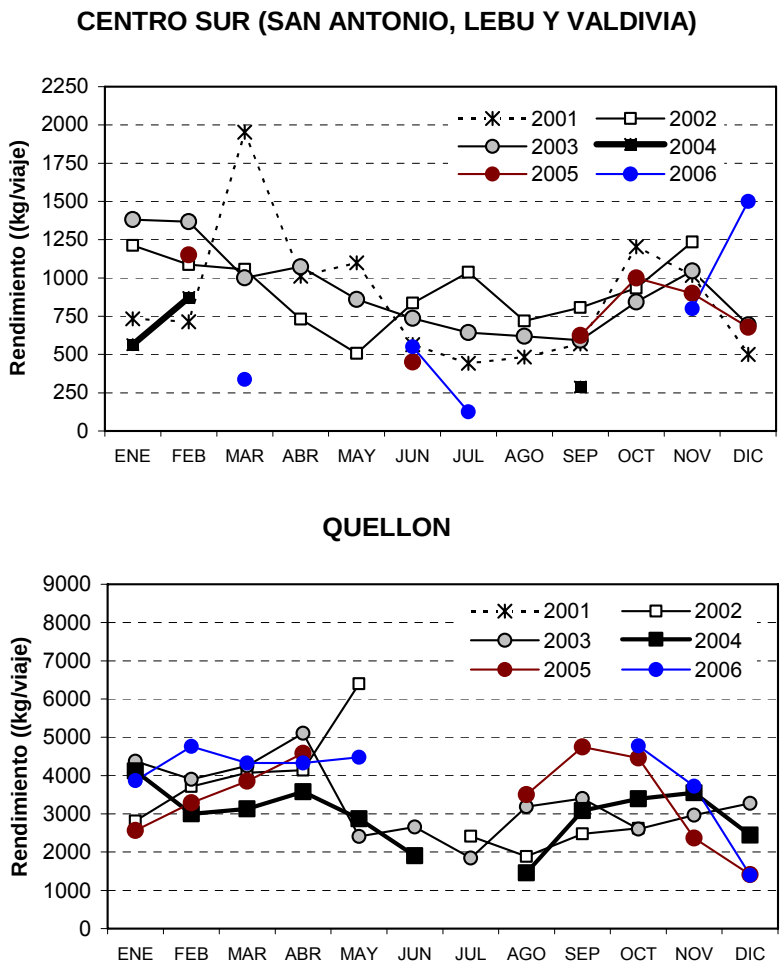


Figura 38: Rendimiento de pesca (kg/viajes) mensuales de bacalao de profundidad para la zona Centro Sur (San Antonio, Lebu y Valdivia) 2001-2004 y Quellón, 2001- 2006. Fuente IFOP.

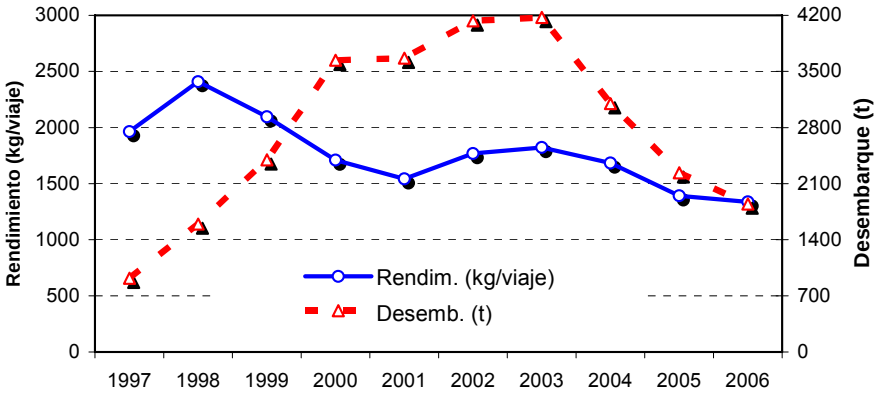


Figura 39: Desembarque (t) y rendimiento de pesca (kg/viaje) en bacalao de profundidad en la flota artesanal, 1997- 2006. Fuente SERNAPESCA.

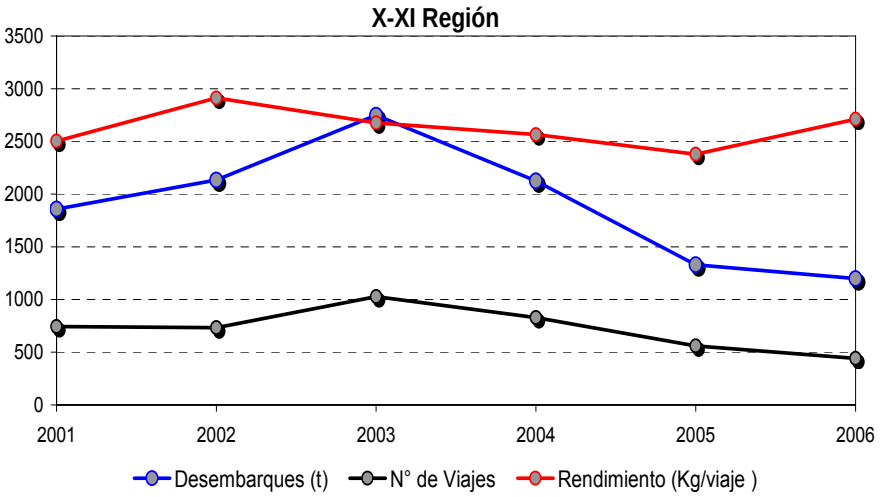


Figura 40: Número de viajes, desembarque (t) y rendimiento de pesca (kg/viaje) en bacalao de profundidad (flota artesanal) para la macrozona de pesca X-XI Región, 2001-2006. Fuente SERNAPESCA.

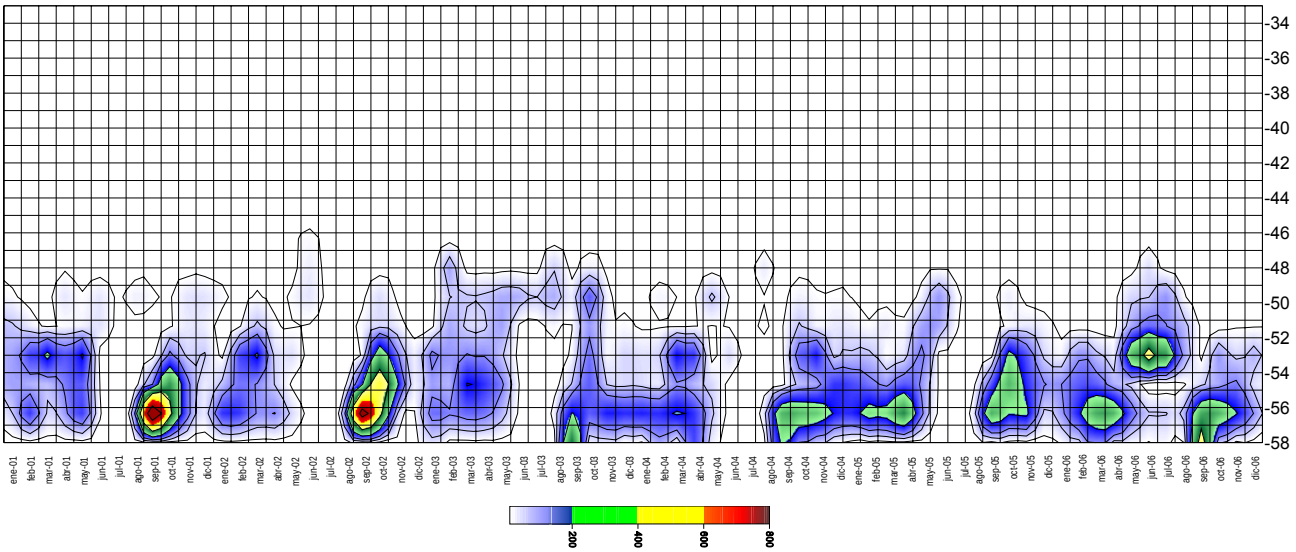


Figura 41: Distribución del esfuerzo de pesca (miles de anzuelos) en bacalao de profundidad por mes y rango de latitud, entre 2001 y 2006. Fuente IFOP.

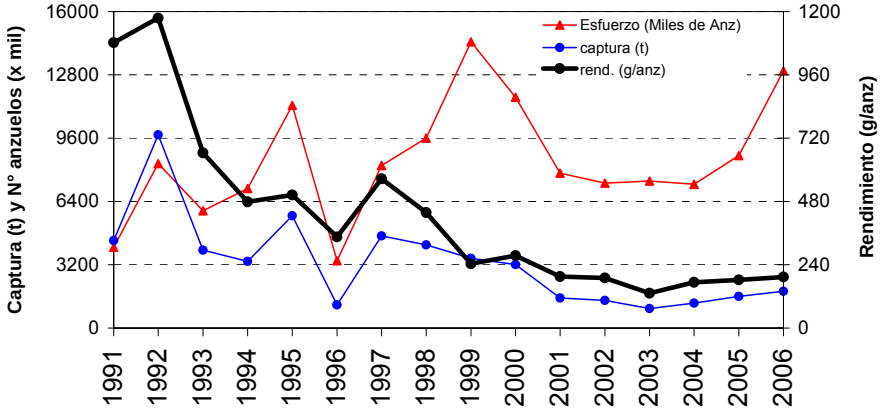
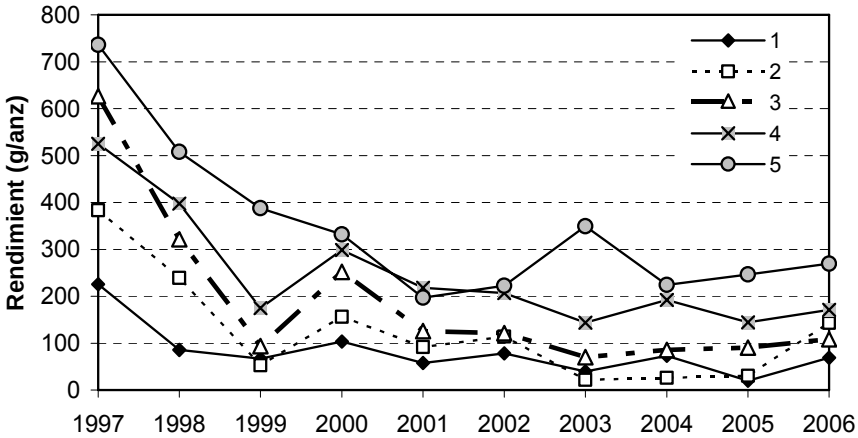


Figura 42: Distribución del esfuerzo, captura y rendimiento de pesca histórico de bacalao de profundidad en la flota bacaladera, área de licitación entre 1991 y 2006. Fuente IFOP.



Caladero 1 = 47º 00' - 50º 15' S **Caladero** 2= 50º15' - 51º45' S
Caladero 3 = 51º45' - 53º00' S **Caladero 4** = 53º00' - 56º00' S
Caladero 5 = (55º00' - 56º00' S 64º00' - 67º00' W) (56º00' - 57º15' S 68º00' - 72º00' W)

Figura 43: Rendimiento de pesca en bacalao de profundidad por caladero entre 1997 y 2006. Fuente IFOP.

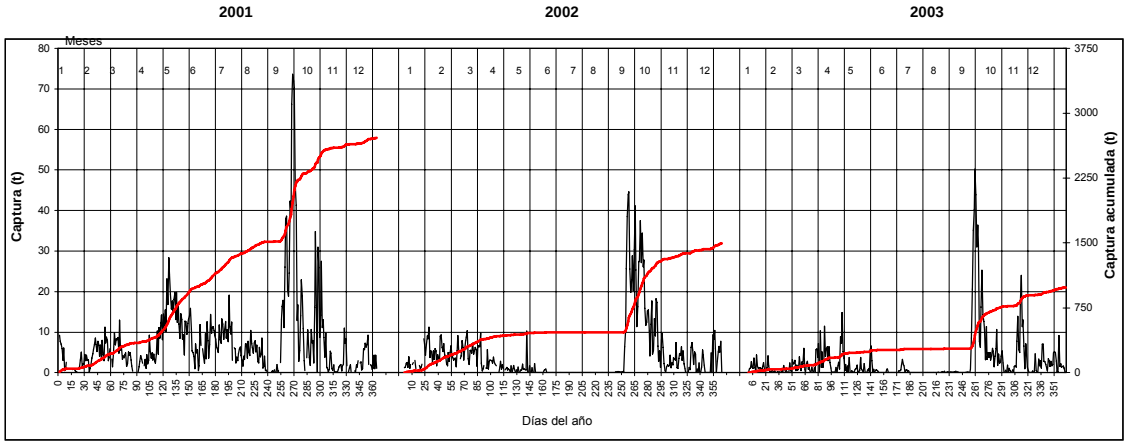


Figura 44: Distribución de la captura (t) y captura acumulada (t) diario de bacalao de profundidad entre 2001 y 2003. Flota bacaladera y área de licitación. Fuente IFOP.

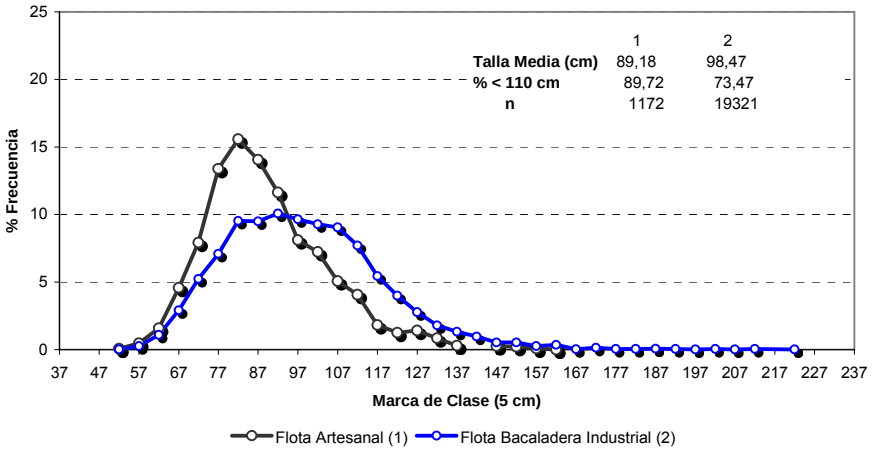


Figura 45: Distribución de talla de bacalao de profundidad en la flota artesanal (1) y la flota industrial (2) bacaladera de la PDA, 2006. Fuente IFOP.

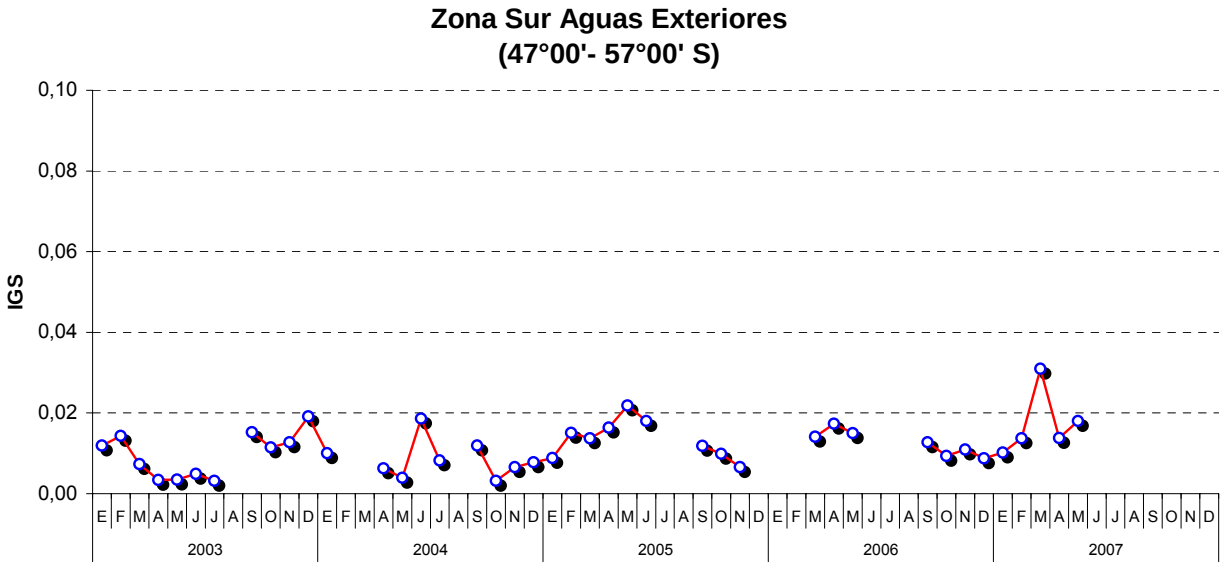


Figura 46: Variación mensual del índice gonadosomático (IGS) de las hembras de bacalao de profundidad entre enero de 2003 y agosto de 2007 en el área licitada. Flota espinelera fábrica. Fuente IFOP.

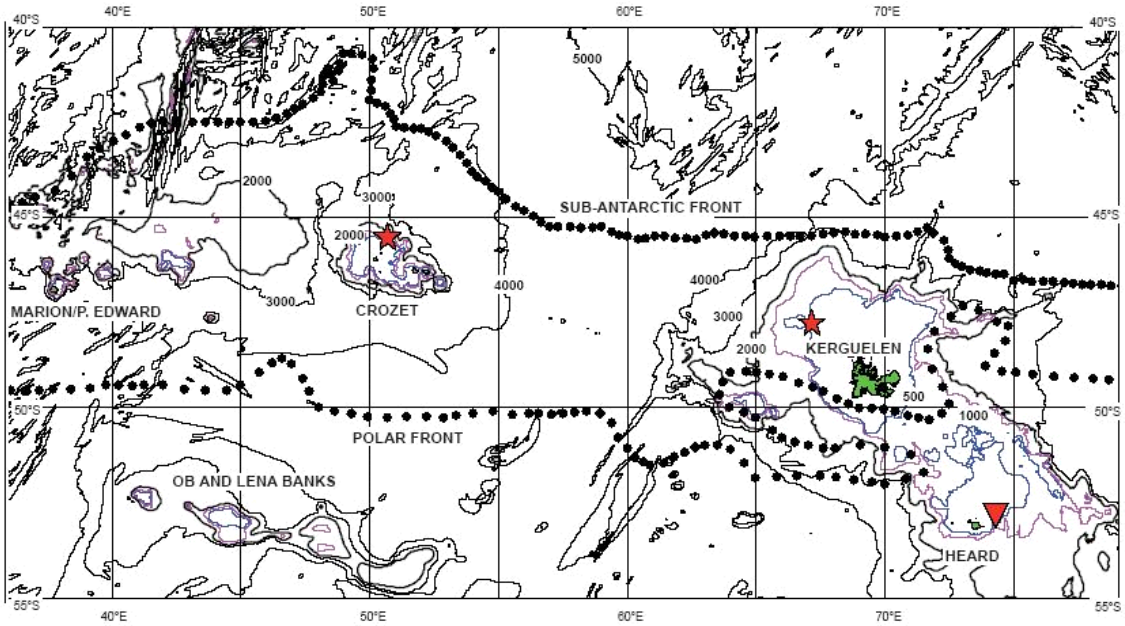


Figura 47: Mapa para ilustrar las áreas de liberación (triángulo) y recaptura (estrella) de ejemplares de bacalao de profundidad. Extraído de Williams et al., (2002)

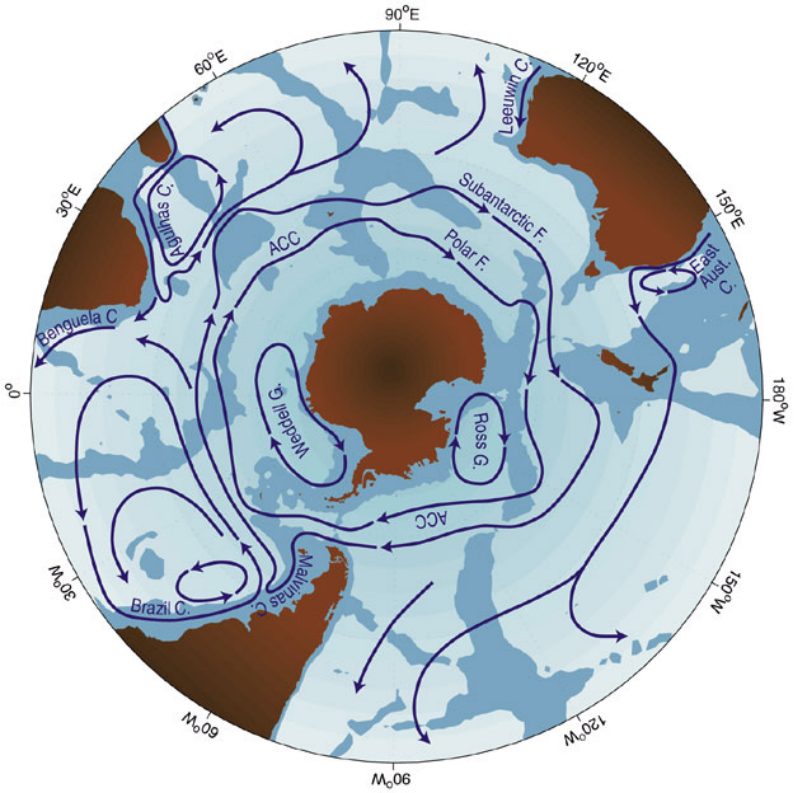


Figura 48: Esquema de las principales corrientes del Océano Austral.

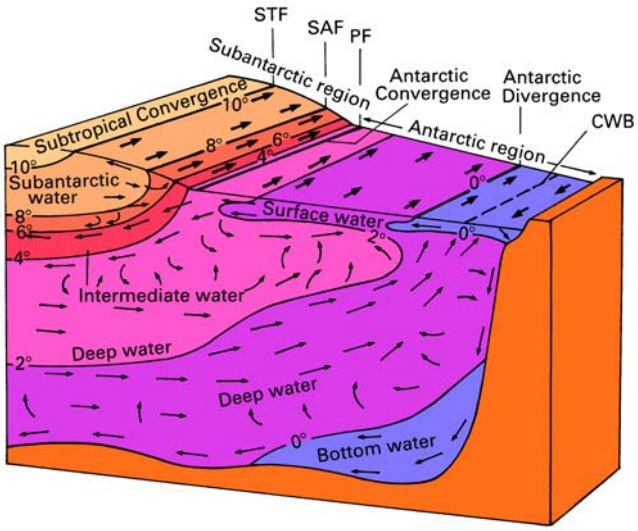


Figura 49: Corte vertical de las principales masas de agua del Océano Austral (STF: Frente Subtropical, SAF: Frente Subantártico, PF: Frente Polar, CWB: Limite del Agua Costera).

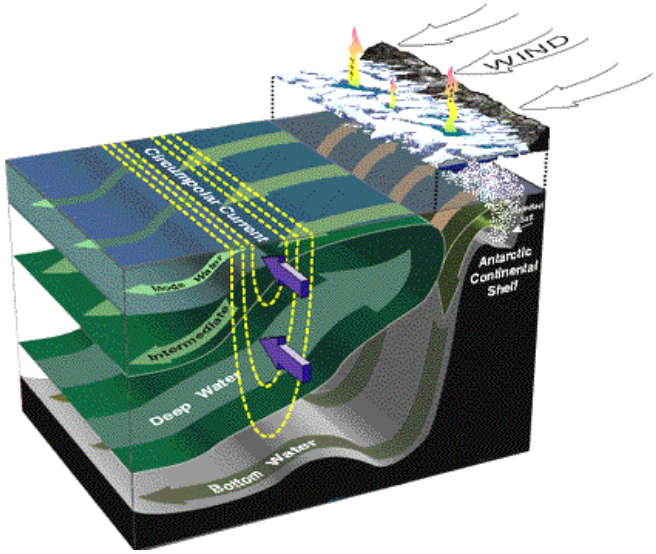


Figura 50: Flujo de las principales masas de agua del Océano Austral.

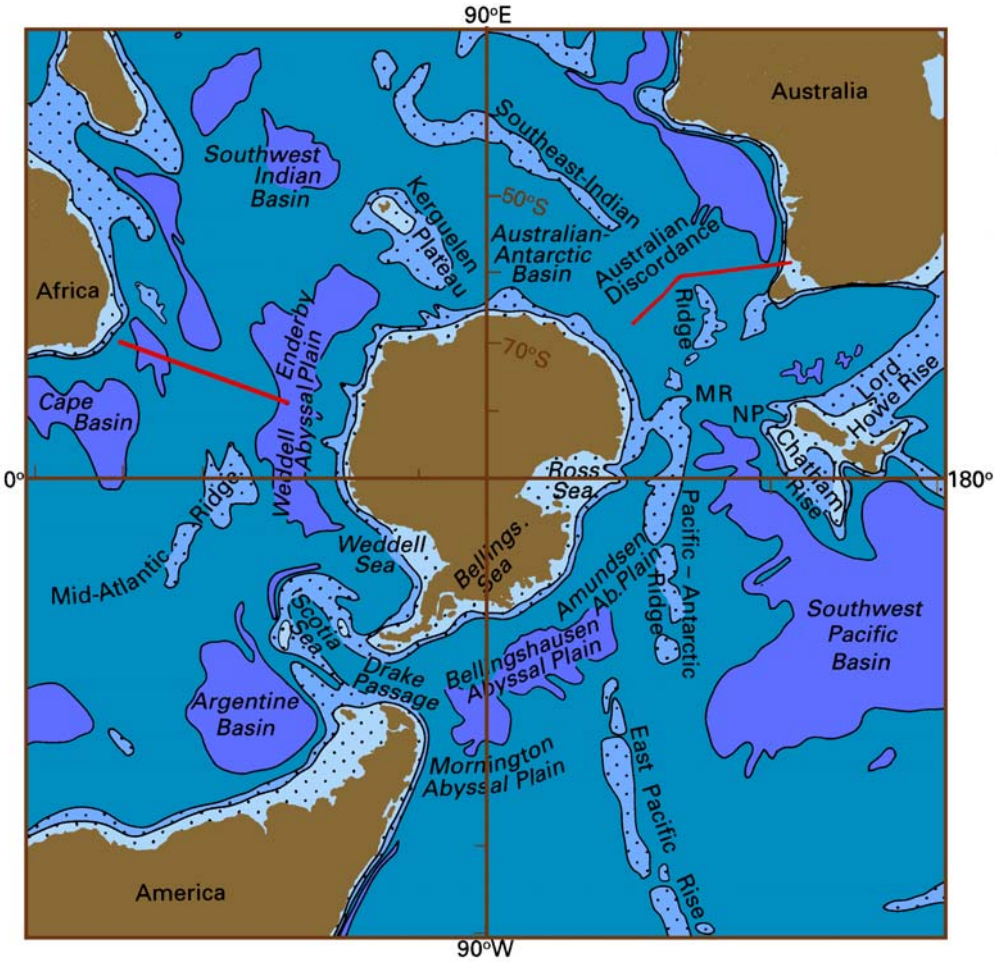


Figura 51: Batimetría de las principales cuencas oceanográficas en torno a la Antártica.

Migración por alimentación
Migración por reproducción

Figura 52: Esquema de la dinámica de bacalao de profundidad en el cono sur de América, entre Perú, Chile y Argentina-Malvinas. Fuente IFOP.

ANEXO 2

TABLAS

Tabla I: Secuencia de primers utilizados para la amplificación por PCR y secuenciación de los segmentos DLoop y ND2 del mtADN en *Dissostichus. eleginoides*.

Primer DLOOP	**Secuencia Primers**	**Autor**
H00651	5'- CAGAAGGCTAGGACCAAACCT-3'	Kocker et al., 1989
12SAR-H	5'- ATAGTGGGGTATCTAATCCCAGTT –3'	Palumbi et al., 1991
CB3R-L	5'- CATATTAAACCCGAATGATATTT-3'	D-loop
L15926	5'- TTACACCAGTCTTGTAAACCG –3'	D-loop
L16007	5'- CCCAAAGCTAAAATTCTA-3'	Kocker et al., 1989
L19	5'- CCACTAGCTCCCAAAGCTA-3'	Bernatchez et al., 1992
LPRO2	5'-AACTCTCACCCCTAGCTCCCAAAG-3'	Meyer et al., 1990
HDL2	5'-AAGTAGGAACCAGATGCCAGG(N)AAT-3'	Derome et al., 2002
GC-L16498	5'-CGCCGCCGCCGCCGCCGCATCTGGTTCCTACTTCAGG-3'	Smith et al., 2001.
Sin GC-L16498	5'-GCATCTGGTTCCTACTTCAGG-3'	Appleyard et al., 2002
Primer ND2	**Secuencia Primers**	**Autor**
t-Met	5'-AAGCTATCGGGCCCATACCC-3'	Park et al., 1993
Mt-76	5'-CCGCTTAGYGCTTTGAAGGC-3'	Gaffney,no publ.,

Tabla II. Secuencia de primers y condiciones de amplificación para loci microsatélites de *Dissostichus eleginoides*.

Locus	Primer (5'-3')	$MgCl_2$ (mM)	Rango Tamaños (pb) y Fluoróforo	Motivo de repetición	T°Annealing
cmrDe4	GCCTTCCCAAACCTGAGC ACCCCCTCATCCCAACAC	2.5	260-299 NED	$(CAA)_8$	52
cmrDe9	TGAGGAGCATCCTAATAC AACCAATAGAATCCAGAG	2.5	212-284 6-FAM	$(CA)_{32}$	48
cmrDe30	CACTGACCTTTAACCTGCG CCAGCCAAAAAACCTCAC	1.5	161-181 6-FAM	$(CA)_{14}$	50
cmrDe2	GAGACCTCTGACAGGGTAG TGACAGATGTTTTCTGATTAAG	1.5	119-149 NED	$(CA)_{29}$	50
TO5	CACAGACCAGCACTACAACCCAAGG AAGTGTAGTAATCCAAATGCACGC	2.5	157-169 6- FAM	$(CA)_n$	54
TO2	CTCTGAAGATGAATTGGTGGATGC CATCATGTCACCCTGTCTTTAACG	2.5	121-151 NED	$(CA)_n$	54

Tabla III: Condiciones de amplificación PCR para el segmento DLoop del ADN mitocondrial de *D. eleginoides,* con la pareja de primers LPRO2 y HDL2.

Reactivos	Concentración Inicial	Concentración Final
Agua Gibco	-	-
Tampón	10X	1x
$MgCl^2$	25mM	2,5 mM
dNTPs	2,5mM	0,3 mM
LPRO2 Forward	10uM	1 uM
HDL2 Reversa	10uM	1 uM
Taq polimerasa	5U/ul	0,3 Unidades
ADN	20ng/ul	20 ng

Tabla IV: Programa de amplificación en termociclador PTC-200 de MjResearch para el segmento DLoop del ADN mitocondrial de *D. eleginoides,* con la pareja de primers LPRO2 y HDL2.

94°C	----------	2'	1 ciclo	Denaturación Inicial
94°C	----------	30"		Denaturación
54°C	----------	30"	40 ciclos	Annealing
72°C	----------	1'		Extensión
72°C	----------	5'	1 ciclo	Ciclo Final

Tabla V: Condiciones de amplificación PCR para el segmento ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides,* con la pareja de primers Mt-76 & t-Met.

Reactivos	Concentración Inicial	Concentración Final
Agua Gibco	-	-
Tampón	10X	1X
$MgCl^2$	25mM	1,5 mM
dNTPs	2,5mM	0,2 mM
Mt-76 Forward	10uM	0,2 Um
t-Met Reversa	10uM	0,2 uM
BSA	100X	1X
Taq polimerasa	5U/ul	0,4 Unidades
ADN	20ng/ul	20 ng

Tabla VI: Programa de amplificación en termociclador PTC-200 de MjResearch para el segmento ND2 del ADN mitocondrial de *D. eleginoides,* con la pareja de primers Mt-76 & t-Met.

93°C	----------	10'	1 ciclo	Denaturación Inicial
93°C	----------	30"		Denaturación
55°C	----------	1'	40 ciclos	Annealing
72°C	----------	2'		Extensión
72°C	----------	10'	1 ciclo	Ciclo Final

Tabla VII: Número de individuos por localidad de muestreo (n), y Latitud y Longitud media de cada sector.

LOCALIDAD	Nomenclatura	Latitud Sur	Longitud Oeste	n DLoop	n ND2
Perú Norte	PN	7º35'	81º15'	31	30
Perú Sur	PS	12º46'	77º27'	32	33
Iquique	BI	20º16'	70º49'	32	32
Lebu	L	37º21'	74º31'	23	30
Valdivia	V	40º30'	74º31'	25	29
Quellón	Q	46º30'	75º31'	22	30
Golfo de Penas	GP	48°52'	75°25'	32	29
Islas Malvinas	FB	49º34'	54º28'	30	32
Islas Georgias del Sur	POP	54º39'	34º00'	37	29
Puerto Williams	PW	54°92'	67°62'	45	29
Islas Diego Ramirez	TF	56º30'	68º37'	29	30

Tabla VIII: Índices de diversidad haplotípica y nucleotídica para el segmento ND2. N: número de individuos; Hd: Diversidad haplotípica; π: Diversidad nucleotídica.

	N	Nº Haplotipos	Hd	π
Perú Norte	30	13	0,84	0,0041
Perú Sur	33	7	0,6	0,0014
Iquique	32	15	0,77	0,0025
Lebu	30	12	0,68	0,003
Valdivia	29	14	0,79	0,0046
Quellón	30	11	0,78	0,0042
G. Penas	29	15	0,82	0,0034
Pto. Williams	29	17	0,91	0,0044
I. Diego Ramirez	30	15	0,86	0,0035
I. Falkland	32	18	0,89	0,0037
I. Georgias	29	17	0,89	0,0025

Tabla IX: Índices de diversidad haplotípica y nucleotídica para el segmento DLoop. N: número de individuos; Hd: Diversidad haplotípica; π: Diversidad nucleotídica.

	N	Nº Haplotipos	Hd	π
Perú Norte	31	7	0,71	0,0041
Perú Sur	32	6	0,51	0,0026
Iquique	32	5	0,38	0,002
Lebu	23	7	0,66	0,0049
Valdivia	25	4	0,23	0,0014
Quellón	22	6	0,66	0,0041
G. Penas	32	6	0,43	0,0041
Pto. Williams	45	6	0,45	0,0027
I. Diego Ramirez	29	3	0,13	0,0006
I. Falkland	30	8	0,7	0,0039
I. Georgias	37	11	0,61	0,0055

Tabla X: Frecuencia de haplotipos de cada población analizada para el D-loop. PN: Perú Norte; PS: Perú Sur; IQQ: Iquique; L: Lebu; V: Valdivia; Q: Quellon; GP: Golfo de Penas; PW: Puerto Williams; DR: Islas Diego Ramírez; IF; Islas Falkland y IG: Islas Georgias.

	PN	**PS**	**IQQ**	**L**	**V**	**Q**	**GP**	**PW**	**DR**	**IF**	**IG**
Haplo_2	24	32	30	22	23	21	30	36	27	26	1
Haplo_3	5		2	1	1	1	1	8	1	1	
Haplo_4										1	
Haplo_5										1	
Haplo_6										1	
Haplo_7							1				
Haplo_8	1							1			
Haplo_9	1										
Haplo_10									1		25
Haplo_11											1
Haplo_12											5
Haplo_13											2
Haplo_14											1
Haplo_15											1
Haplo_16											1
Haplo_17					1						

Tabla XI: Frecuencia de haplotipos de cada población analizada para el ND2. PN: Perú Norte; PS: Perú Sur; IQQ: Iquique; L: Lebu; V: Valdivia; Q: Quellon; GP: Golfo de Penas; PW: Puerto Williams; DR: Islas Diego Ramírez; IF; Islas Falkland y IG: Islas Georgias.

	PN	**PS**	**IQQ**	**L**	**V**	**Q**	**GP**	**PW**	**DR**	**IF**	**IG**
Hap_2:	5	10	4	2	8	5	6	4	7	7	23
Hap_3:		1	1	2		2	1	1	1	1	
Hap_4:			1								
Hap_5:	13	20	19	22	16	19	16	13	16	15	
Hap_6:			1					2	1		
Hap_7:	2	1	1				1			1	
Hap_8:			1								
Hap_9:			1								
Hap_10:			1								
Hap_11:			1								
Hap_12:	1		1							1	
Hap_13:										2	
Hap_14:										1	
Hap_15:										1	
Hap_16:										1	
Hap_17:										1	
Hap_18:										1	
Hap_19:						2	1		2		
Hap_20:	1						1				
Hap_21:					1		1	1			
Hap_22:	1						1				1
Hap_23:							1				
Hap_24:				1							
Hap_25:				1							
Hap_26:	4			1	1	1		2			
Hap_27:				1							1
Hap_28:	1										
Hap_29:	1								1		
Hap_30:	1										
Hap_31:											1
Hap_32:											1
Hap_33:											1
Hap_34:											1

Tabla XI (continuación): Frecuencia de haplotipos de cada población analizada para el ND2. PN: Perú Norte; PS: Perú Sur; IQQ: Iquique; L: Lebu; V: Valdivia; Q: Quellon; GP: Golfo de Penas; PW: Puerto Williams; DR: Islas Diego Ramírez; IF; Islas Falkland y IG: Islas Georgias.

	PN	**PS**	**IQQ**	**L**	**V**	**Q**	**GP**	**PW**	**DR**	**IF**	**IG**
Hap_35:		1									
Hap_36:								1			
Hap_37:								1			
Hap_38:								1			
Hap_39:								1			
Hap_40:								1			
Hap_41:								1			
Hap_42:						1					
Hap_43:									1		
Hap_44:									1		
Hap_45:					1						
Hap_46:					1						
Hap_47:					1						

Tabla XII. Matriz generada por el programa Genotyper para la determinación de genotipos correspondientes a marcadores microsatélites marcados con fluoróforos.

Fluoróforo/Peak de la muestra	Minutos	Tamaño (pb)	Altura del Peak	Área del Peak
1Y,1	12.30	53.96	50	306
1Y,2	12.50	58.97	114	2171
1Y,5	17.81	205.54	58	672
1Y,6	18.84	235.47	594	5456
1Y,7	**18.91**	**237.46**	**3955**	**42806**

Tabla XIII. Resumen de las muestras genotipificadas para 6 loci microsatélites en el Bacalao de Profundidad.

Localidad	**Año Muestreo**	**Muestras Genotipificadas (analizadas)**
Perú Sur	2007	43
Perú Norte	2007	42
Iquique	2007	81
Lebu	2001-2007	65
Valdivia	2001	46
Golfo de Penas	2007	37
Quellón	2001	72
Puerto Williams	2001	59
Diego Ramírez	2007	66
Islas Malvinas	2007	52
Islas Georgias	2007	91
TOTAL		654 Muestras

Tabla XIV: Variabilidad genética para cada loci por poblacion de *D. eleginoides*. Na: Número de alelos; Ho: Heterocigosidad observada; He: Heterocigosidad esperada; H&W: valor de p, Hardy & Weinberg; NA: No Aplica.

		Perú Sur	Perú Norte	Iquique	Lebu	Valdivia	Quellón	G. de Penas	Pto. Williams	Is. D. Ramirez	Is. Falkland	Is. Georgias
cmrDe4	Na	11	12	11	12	11	11	13	14	12	11	11
	Ho	1	0.756	0.851	0.875	0.931	0.865	0.918	0.827	0.848	0.903	0.969
	He	0.891	0.858	0.874	0.875	0.885	0.865	0.898	0.885	0.876	0.856	0.768
	H&W	*0.504*	*0.035*	*0.169*	*0.79*	*0.249*	*0.215*	*0.496*	*0.229*	*0.013*	*0.994*	*0.0000001*
cmrDe9	Na	30	32	32	27	28	31	29	24	28	31	17
	Ho	0.976	0.945	0.857	0.815	0.956	0.892	0.971	0.895	0.954	0.865	0.988
	He	0.957	0.973	0.953	0.952	0.962	0.95	0.957	0.936	0.917	0.96	0.699
	H&W	*0.575*	*0.368*	*0.0000001*	*0.0000001*	*0.0054*	*0.003*	*0.483*	*0.421*	*0.0000001*	*0.17*	*0.0000001*
cmrDe30	Na	15	13	14	9	NA	14	8	13	14	12	11
	Ho	0.657	0.558	0.564	0.636	NA	0.96	0.5	0.649	0.606	0.782	0.706
	He	0.75	0.674	0.746	0.748	NA	0.68	0.55	0.69	0.739	0.754	0.697
	H&W	*0.07*	*0.126*	*0.0013*	*0.446*	*NA*	*0.267*	*0.221*	*0.137*	*0.278*	*0.094*	*0.264*
CmrDe2	Na	27	23	24	23	24	18	11	14	18	21	17
	Ho	0.904	0.918	0.918	0.822	0.826	0.833	0.47	0.675	0.8	0.957	0.846
	He	0.948	0.937	0.904	0.94	0.953	0.737	0.898	0.804	0.855	0.885	0.81
	H&W	*0.536*	*0.475*	*0.808*	*0.0078*	*0.0000001*	*0.888*	*0.0000001*	*0.115*	*0.02*	*0.371*	*0.477*
To2	Na	17	17	18	22	20	21	21	21	18	22	18
	Ho	0.888	0.928	0.93	0.979	0.866	0.95	0.942	0.966	0.984	0.958	0.851
	He	0.949	0.926	0.937	0.926	0.949	0.933	0.945	0.932	0.92	0.942	0.857
	H&W	*0.726*	*0.809*	*0.398*	*0.943*	*0.127*	*0.198*	*0.185*	*0.608*	*0.33*	*0.74*	*0.305*
To5	Na	2	2	3	1	1	2	2	2	2	3	2
	Ho	0.259	0.206	0.139	NA	NA	0.03	0.028	0.05	0.06	0.041	0.094
	He	0.262	0.219	0.132	NA	NA	0.04	0.056	0.066	0.073	0.101	0.09
	H&W	*1*	*1*	*1*	*NA*	*NA*	*1*	*1*	*1*	*1*	*0.02*	*1*

Tabla XV: Valores de estadístico Fst (bajo la diagonal), para todos los microsatélites utilizados, en poblaciones de *D. eleginoides* y valor de probabilidad asociada (sobre la diagonal) con un bootstrap de 10100. Valores en negrita significativas luego de la corrección de Bonferroni.

	Peru Norte	Peru Sur	Iquique	Lebu	Valdivia	Quellon	Golfo de Penas	Pto. Williams	Is. Diego Ramirez	Is. Falkland	Is. Georgias
Peru Norte	/	0.834	0.987	0.999	0.999	0.000	0.999	0.999	0.999	0.995	0.000
Peru Sur	0.005	/	0.800	0.999	0.999	0.000	0.999	0.998	0.127	0.372	0.000
Iquique	0.010	0.003	/	0.999	0.999	0.614	0.999	0.999	0.999	0.999	0.000
Lebu	0.070	0.081	0.045	/	0.950	0.999	0.999	0.999	0.999	0.999	0.0001
Valdivia	0.108	0.128	0.074	0.005	/	0.999	0.999	0.999	0.999	0.999	0.999
Quellon	0.014	0.020	0.001	0.037	0.078	/	0.999	0.999	0.085	0.001	0.000
Golfo de Penas	0.090	0.073	0.071	0.054	0.088	0.052	/	0.999	0.999	0.999	0.997
Pto. Williams	0.040	0.015	0.047	0.099	0.162	0.018	0.0366	/	0.999	0.999	0.000
Is. Diego Ramirez	0.011	0.003	0.026	0.073	0.119	0.002	0.0530	0.0101	/	0.067	0.000
Is. Falkland	0.010	0.000	0.020	0.055	0.101	0.007	0.0432	0.0114	0.0029	/	0.000
Is. Georgias	0.062	0.067	0.044	0.011	0.018	0.053	0.0142	0.0209	0.0212	0.05	/

Tabla XVI: Valores de estadístico Rst (bajo la diagonal), para todos los microsatélites utilizados, en poblaciones de *D. eleginoides* y valor de probabilidad asociada (sobre la diagonal) con un bootstrap de 10100. Valores en negrita significativas luego de la corrección de Bonferroni.

	Peru Norte	Peru Sur	Iquique	Lebu	Valdivia	Quellon	Golfo de Penas	Pto. Williams	Is. Diego Ramirez	Is. Falkland	Is. Georgias
Peru Norte	/	0.888	0.234	0.999	0.999	0.0009	0.999	0.999	0.002	0.066	0.000
Peru Sur	0.0148	/	0.172	0.149	0.960	0.000	0.967	0.723	0.0009	0.008	0.000
Iquique	0.0087	0.0175	/	0.093	0.635	0.000	0.999	0.999	0.930	0.338	0.000
Lebu	0.0320	0.0172	0.0161	/	0.962	0.000	0.997	0.919	0.003	0.106	0.000
Valdivia	0.0503	0.0215	0.0038	0.0109	/	0.016	0.999	0.999	0.823	0.999	0.000
Quellon	0.0643	0.0889	0.0404	0.0755	0.0287	/	0.999	0.999	0.061	0.038	0.000
Golfo de Penas	0.1090	0.0346	0.1566	0.0276	0.0798	0.0526	/	0.999	0.999	0.999	0.000
Pto. Williams	0.0891	0.0076	0.1015	0.0098	0.0877	0.0374	0.0463	/	0.999	0.997	0.000
Is. Diego Ramirez	0.0349	0.0655	0.0127	0.0298	0.0071	0.0109	0.0600	0.0480	/	0.015	0.000
Is. Falkland	0.0150	0.0614	0.0060	0.0103	0.0236	0.0190	0.0321	0.0207	0.0174	/	0.000
Is. Georgias	0.1885	0.2060	0.1269	0.2552	0.2116	0.1055	0.0693	0.0648	0.0799	0.1898	/

Tabla XVII: Test de diferenciación genética entre pares de localidades, valores en negrita significativas luego de la corrección de Bonferroni.

	Peru Norte	Peru Sur	Iquique	Lebu	Valdivia	Quellon	Golfo de Penas	Pto. Williams	Is. Diego Ramirez	Is. Falkland	Is. Georgias
Peru Norte	/										
Peru Sur	1.000	/									
Iquique	1.000	1.000	/								
Lebu	1.000	1.000	1.000	/							
Valdivia	0.140	0.194	0.415	0.376	/						
Quellon	0.582	0.492	0.545	0.527	0.151	/					
Golfo de Penas	0.543	0.562	0.532	0.420	0.142	0.214	/				
Pto. Williams	1.000	1.000	1.000	1.000	0.256	0.769	0.573	/			
Is. Diego Ramirez	0.478	0.519	0.500	0.580	0.086	0.475	0.290	0.900	/		
Is. Falkland	1.000	1.000	1.000	1.000	0.297	0.527	0.571	1.000	0.508	/	
Is. Georgias	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	/

Tabla XVIII: Resumen de la información biológica y ecológica de los Informes Técnicos IFOP.

Tipo de Información	Aguayo y Cid, 1990	Young *et al*., 1992	Young *et al*. 1995	Zuleta y Young 1998 y 1999	Young y Zuleta, 2001	Young 2001	Wiff *et al*., 2006
Area geográfica	Sur austral	Sur austral	Sur austral	Sur austral	Sur austral	Sur austral	País
Período de estudio	1989	1991	1994				
CPUE	X	X	X	X	X	X	X
Proporción sexual		X	X				
Distribución de tamaño	X	X	X	X	X	X	X
Relación Peso-Longitud		X	X	X	X	X	X
IGS		X	X				
EMS Macroscópico							
EMS Microscópico							
Talla madurez sexual							
Fecundidad							
Edad y Crecimiento	X			X	X	X	X
Alimentación							
Claves Edad-Talla							
Genética							
Parásitos							
Fauna acompañante							
Predadores							
Mortalidad natural				X	X	X	X

Tipo de Información	Céspedes *et al*. 1997, 1998, 1999, 2000, 2002, 2003, 2004, 2005, 2006, 2007a y 2007b	Bustos *et al*., 1989 y 1990	Payá *et al*., 1992, 1993 y 1994	IFOP, 1996	Tascheri *et al*, 2001 y 2002
Area geográfica	Centro sur y zona austral	Centro sur	Centro sur	Centro sur y austral	Centro sur
Período de estudio	1996 - 2007	1988-1989	1991-1993	1995	2000-2001
CPUE	X	X	X	X	X
Proporción sexual	X				
Distribución de tamaño	X	X	X	X	X
Relación Peso-Longitud	X		X		X
IGS	X				
EMS Macroscópico	X				
EMS Microscópico					
Talla madurez sexual					
Fecundidad					
Edad y Crecimiento	X		X		X
Alimentación					
Claves Edad-Talla	X		X		X
Genética					
Parásitos					
Fauna acompañante					
Predadores					
Mortalidad natural					

Tabla XIX: Parámetros Von Bertalanffy de *D. eleginoides*.

Sexo	L_∞ (cm)	K (año^{-1})	T_0 (año)	Autor
Macho	134,3	0,118	0,08	Horn (2002)
Hembra	158,7	0,085	-0,35	Horn (2002)
ambos sexos	209,7	0,051	-0,14	Payne et al. (2005)

Tabla XX: Resumen de la información biológica y ecológica de publicaciones y documentos técnicos de CCAMLR.

Tipo de Información	Agnew et al., 1999	Agnew et al., 2006	Arana & Vega, 1999	Ashford et al., 2001	Marlon et al., 2003	Williams et al., 2002
Área geográfica	South Georgia, Shag Rocks	South Georgia	Océano Austral	South Georgia	South Georgia, Patagonian Shelf	Heard, Kerguelen, Crozet
Período de estudio	1998	2003-2004	1998	1999	2000-2002	1997-2001
CPUE	X	X	X	-	-	
Tamaño poblacional	-	X	-	-	-	X
Proporción sexual	X	-	-	-	-	-
Distribución de tamaño	X	-	-	-	-	-
Relación Peso-Longitud	-	-	-	-	-	-
IGS	-	-	-	-	-	-
EMS Macroscópico	X	-	X	-	-	-
EMS Microscópico	-	-	-	-	-	-
Talla madurez sexual	-	-	-	-	-	-
Fecundidad	-	-	-	-	-	-
Edad y Crecimiento	-	-	-	-	X	X
Alimentación	-	-	-	-	-	-
Claves Edad-Talla	-	-	-	X	-	-
Genética	-	-	-	-	-	-
Parásitos	-	-	-	-	-	-
Fauna acompañante	-	-	-	-	-	-
Predadores	-	-	-	-	-	-
Mortalidad natural	-	X	-	-	-	-
Marcaje-Recaptura	-	X	-	-	X	X
Migraciones	-	-	-	-	X	X

Tabla XXI: Detalle de masas de agua en Chile descritas por Robles (1979). Modificada de Bernal et al., (1982).

Area 1: 75º-90ºW;18º-35ºS				
Masas de agua	Profundidad (m)	Temperatura (ºC)	Salinidad (‰)	Oxigeno (ml/l)
Subtropical superficial (AST)	<35	>18,5	>34,8	>5
Subantártica (ASA)	70-130	12,5-13,5	34,2-34,4	4,1-5,6
Ecuatorial subsuperficial (AEES)	320-370	8,5	34,4-34,5	0,9-2,2
Intermedia Antártica (AIA)	540-640	5,5-6,5	34,4	2,4-4,1
Area 2: Costa-75ºW; 18º-28ºS				
Subtropical superficial (AST)	<12	>18,5	>34.9	>5
Subantártica (ASA)	25-40	14,5	34,7-34,8	2,5-4,5
Arica-Mejillones	100-110	12,5	34,7-34,9	0,6-1
Ecuatorial subsuperficial (AEES)	330-370	9,5-10,5	34,6-34,8	0,3-0,6
Intermedia Antártica (AIA)	710-750	5,5	34,5	1,5-1,9
Area 3: Costa-75ºW; 28º-39ºS				
Fiordos	10-17	13,5-17,5	33,9-34,2	5,3-6
Subantártica (ASA)	20-50	11,5-13,5	34,1-34,2	4-5,7
Ecuatorial subsuperficial (AEES)	300-340	8,5	34,5-34,6	0,8-1,3
Intermedia Antártica (AIA)	560-600	5,5	34,3-34,4	3,8-4,1
Area 4: Costa-77ºW; 39º-48ºS				
Fiordos	0-40	11,5-13,5	32,7-33,4	5,5-6,6
O^2 mínimo	152-210	8,5-9,5	34,1-34,4	2,0-3,0
Ecuatorial subsuperficial (AEES)	290-390	6,5-7,5	34,3-34,4	2,5-4,3
Intermedia Antártica (AIA)	500-530	5,5	34,3	5,0-5,2
Area 5: 76º-90ºW; 35º-48ºS				
Subantártica (ASA)	10-30	13,5-14,5	33,7-34	5,9-6,2
O^2 mínimo	220-270	6,5-8,5	34,1-34,4	3,3-5
Intermedia Antártica (AIA)	450-470	5,5	34,3	5,5-5,8

Tabla XXII: Resumen de la información biológica y ecológica encontrada en los informes finales de los proyectos FIP que son de importancia para desarrollar el Objetivo Específico 3.

Tipo de información	**94-10**	**96-32**	**96-40**	**96-41**	**97-16**	**97-17**	**97-18**	**2001-16**	**2001-17**	**2001-31**
	Evaluación de la pesquería y del stock de bacalao de profundidad al sur del paralelo 47° L.S.	Análisis de la captura y del esfuerzo de pesca en la pesquería de bacalao de profundidad en la zona centro-sur	Análisis de la pesquería de bacalao de profundidad en la zona sur-austral	Modelo de estrategias de explotación del bacalao de profundidad bajo incertidumbre del tamaño y rendimiento sustentable del stock	Aspectos reproductivos del recurso bacalao de profundidad	Estudio biológico pesquero de los recursos demersales explotados por la flota artesanal en el litoral de la III y IV regiones	Caracterización de las pesquerías de cojinova del norte y bacalao de profundidad en la I y II regiones	Monitoreo de la pesquería artesanal de bacalao de profundidad entre la VIII y XI regiones	Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad	Interacción de la pesquería de bacalao de profundidad con mamíferos y aves marinas
Área geográfica	47°-57°S	Caldera a Valdivia	Norte 49° a 57°S	Sur de los 47°S	21.5°-40°S	Regiones III y IV	Regiones I y II pero embarcaciones operaron en su mayoría en zona centro-sur	Regiones VIII a XI	Regiones VIII a XII	Regiones X a XI
Período de estudio	1995	1986-1996	1991-1995	1991-1996	1998	1998-1999	1998-1999	2001-2002	2001-2002	2001-2003
CPUE	x	x	x	x		x	x			
Proporción sexual	x		x	x		x	x	x		
Distribución de tamaño	x	x	x		x	x	x	x	x	
Relación Peso-Longitud	x	x			x	x	x	x	x	
IGS	x				x	x	x	x	x	
EMS macroscópicos	x				x	x	x	x		
EMS microscópicos					x		x	x		
Talla madurez sexual					x			x	x	
Fecundidad					x					
Edad y crecimiento	x							x	x	
Alimentación	nivel llenado							x		
Claves edad-talla	x								x	
Genética								x	x	
Parásitos								x		
Fauna acompañante								x		
Predadores										potenciales predadores
Mortalidad natural								x		x

Tabla XXIII: Resumen de la información biológica y ecológica encontrada en los informes finales de los proyectos FIP relacionada con la cobertura espacial de cada proyecto.

	Proyecto FIP Nº									
Región	**94-10**	**96-32**	**96-40**	**96-41**	**97-16**	**97-17**	**97-18**	**2001-16**	**2001-17**	**2001-31**
I					x		x			
II					x		x			
III		x			x	x				
IV		x			x	x				
V		x			x					
VI		x			x					
VII		x			x					
VIII		x			x			x	x	
IX		x			x			x	x	
X	x	x	x	x	x			x	x	x
XI	x		x	x				x	x	x
XII	x		x	x						

Tabla XXIV: Matriz de conocimiento generada a partir de los principales proyectos realizados por el fondo de investigación pesquera.

Año informe	Código FIP	Autor(es)	Título	Periodo de Estudio	Zona de estudio	Indicador(es) matriz
1996	94-10	Young, Z., H. Robotham & R. Gili	Evaluación de la pesquería y del stock de bacalao de profundidad al sur del paralelo 47° L.S.	1995	47º-57ºS	- Índice de abundancia relativa (CPUE) - Área y época de desove - Proporción sexual - Claves talla-edad
1997	96-32	Young, Z., H. González & P. Gálvez	Análisis de la captura y del esfuerzo de pesca en la pesquería de bacalao de profundidad en la zona centro-sur	1986-1996	Caldera a Valdivia	- Índice de abundancia relativa (CPUE)
1998	96-40	Young, Z., H. González & P. Gálvez	Análisis de la pesquería de bacalao de profundidad en la zona sur-austral	1991-1995	Norte 49º a 57ºS	- Batimetría - Índice de abundancia relativa (CPUE) - Proporción sexual
1998	96-41	Zuleta, A., C. Moreno, P. Rubilar & J. Guerra	Modelo de estrategias de explotación del bacalao de profundidad bajo incertidumbre del tamaño y rendimiento sustentable del stock	1991-1996	Sur de los 47ºS	- Batimetría - Índice de abundancia relativa (CPUE) - Mortalidad natural - Mortalidad por pesca
1999	97-16	Young, Z., J. Oliva, A. Olivares & E. Díaz	Aspectos reproductivos del recurso bacalao de profundidad	1998	21.5º-40ºS	- Reproducción-tipo de reproducción - Primera madurez - Fecundidad - Área y época de desove
1999	97-17	Ariz, L., P. Gálvez, R. Céspedes, A. Olguín, H. Miranda, L. Adasme & Z. Young	Estudio biológico pesquero de los recursos demersales explotados por la flota artesanal en el litoral de la III y IV regiones	1998-1999	Regiones III y IV	- Índice de abundancia relativa (CPUE) - Proporción sexual

Tabla XXIV: (Continuación). Matriz de conocimiento generada a partir de los principales proyectos realizados por el fondo de investigación pesquera.

Año informe	Código FIP	Autor(es)	Título	Periodo de Estudio	Zona de estudio	Indicador(es) matriz
1999	97-18	Oliva, J., Z. Young & C. Martínez	Caracterización de las pesquerías de cojinova del norte y bacalao de profundidad en la I y II regiones	1998-1999	Regiones I y II pero embarcaciones operaron en su mayoría en zona centro-sur	- Índice de abundancia relativa (CPUE) - Proporción sexual
2003	2001-16	Oyarzún, C., S. Gacitúa, M. Araya, L. Cubillos, R. Galleguillos, C. Pino, G. Aedo, M. Salamanca, M. Pedraza & J. Lamilla	Monitoreo de la pesquería artesanal de bacalao de profundidad entre la VIII y XI regiones	2001-2002	Regiones VIII a XI	- Unidades de stock - Alimentación-espectro trófico - Parásitos - Primera madurez - Área y época de desove - Proporción sexual - Parámetros de crecimiento - Fauna acompañante
2003	2001-17	Oyarzún, C., S. Gacitúa, M. Araya, L. Cubillos, M. Salamanca, C. Pino, R. Galleguillos, G. Aedo, & J. Lamilla	Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad	2001-2002	Regiones VIII a XII	- Mortalidad natural - Parámetros de crecimiento - Claves talla-edad
2003	2001-31	Moreno, C., R. Hucke-Gaete & J. Arata	Interacción de la pesquería de bacalao de profundidad con mamíferos y aves marinas	2001-2003	Regiones X a XI	- Predación-principales predadores - Mortalidad por predación

ANEXO 3

TALLER DE DISCUSIÓN

TALLER PROYECTO FIP 2006-41 "UNIDADES POBLACIONALES DEL BACALAO DE PROFUNDIDAD"

El día 6 de Noviembre de 2007 se llevó a cabo en la Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, el taller comprometido en el Proyecto FIP 2006-41. Para este efecto se invito al Dr. Robert Ward, perteneciente al CSIRO de Australia, el cuál llevó a cabo una presentación acerca de la investigación hecha en este recurso pesquero. Presentación que ayudó a integrar la información existente de otras investigaciones con investigaciones hechas en diferentes Océanos que limitan la región subantártica.

Los integrantes del proyecto presentaron también sus resultados en relación a cada uno de los objetivo. Se contó con la presencia de visitas provenientes del FIP, representada por el Sr. Rubén Pinochet y de la División de Pesquerías de la Subsecretaría de Pesca Sr. Darío Rivas. Asistieron un total de 17 personas.

Posteriormente se terminó con una Discusión a la luz de los resultados, el cual permitió tener una visión bastante amplia del recurso bacalao de profundidad en relación a su historia de vida, estructuración poblacional a nivel de su distribución y como se relacionan los resultados del Pacífico Sur con la literatura existente.

MINUTA TALLER

Unidades poblacionales del Bacalao de Profundidad (*Dissostichus eleginoides*) Proyecto FIP 2006-41

Programa Taller de Discusión
Sala Minera Escondida. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas.
Universidad de Concepción
Concepción, 6 de noviembre de 2007.

09:00 – 09:30 Resumen del proyecto.
Ricardo Galleguillos, *Universidad de Concepción.* Chile.

09:30 - 10:00 Genetic population structure of *Dissostichus eleginoides* in Australian waters.
Robert Ward. *CSIRO-Marine Research*. Australia.

10:00 – 10:15 Resultados Objetivo Específico 1. "Establecimiento de un programa de muestreo que cubra las diferentes zonas geográficas de la costa de Chile (eventualmente Atlántico y Perú), en base a características ambientales que hagan sospechar la existencia de zonas reproductivas diferentes".
Sofia Astete. *Universidad de Concepción*. Chile.

10:15 – 10:30 Coffe Break

10:30 – 11:30 Resultados Objetivo Especifico 2. "Caracterizar genéticamente las poblaciones de *Dissostichus eleginoides* sometidas a pesquerías en Chile".
Sandra Ferrada. *Universidad de Concepción*. Chile.
Cristian Hernández. *Universidad de Concepción*. Chile.

11:30 – 12:00 Objetivo Específico 3. "Asociar las características genéticas con otros aspectos poblacionales conocidos en Chile de las poblaciones de Bacalao de profundidad. Revisión de la bibliografía formal y gris".
Gustavo Aedo. *Universidad de Concepción*. Chile.

12:00 – 12:30 Conclusiones. Incorporación de resultados genéticos y revisión bibliográfica.

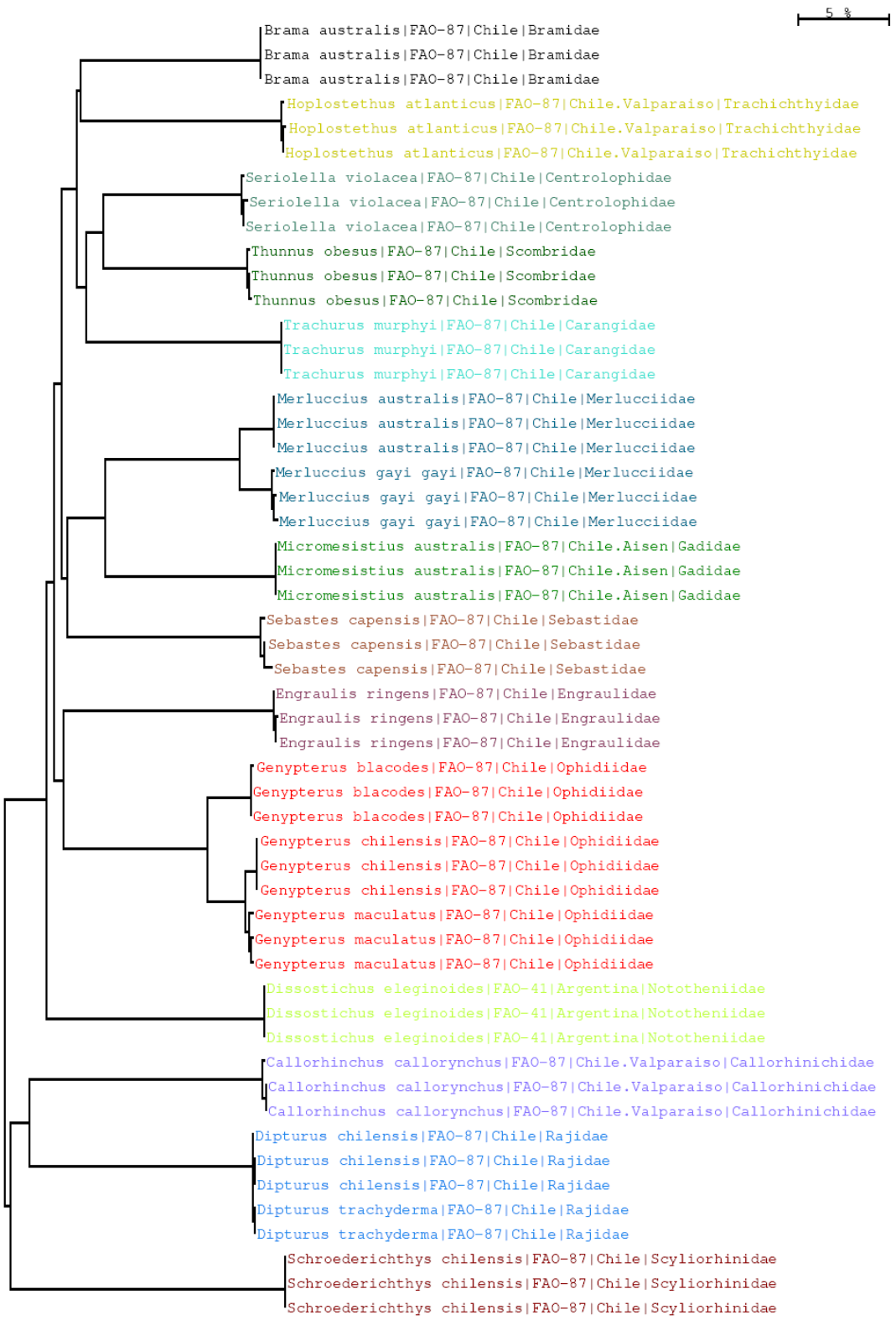
ANEXO 4

SOBREOFERTA

Desarrollo de un marcador molecular para la trazabilidad de productos derivados de *Dissostichus eleginoides*, mediante la secuenciación del gen de la Citocromo Oxidasa I del ADN mitocondrial, para desarrollar el marcador especie - específico.

Se ha realizado el análisis por secuenciación directa de la Citocromo Oxidasa I del ADN mitocondrial de 39 ejemplares de *Dissostichus eleginoides*, utilizando los primers C_FishR1t1 & C_Fishf1t1. El tamaño de la secuencia promedio es de 650 pares de bases. En la extracción de ADN se trabajo con muestras (tejidos) sometidos a altas temperaturas simulando el proceso de elaboración de productos derivados, considerando que el Bacalao de Profundidad se comercializa en la forma de filete congelado y fresco refrigerado. 17 especies fueron analizadas para la COI para establecer diferencias con el Bacalao de Profundidad.

Del cladograma adjunto se observa como *Dissostichus eleginoides* se diferencia claramente de las restantes especies incluidas en el análisis. Quedando de manifiesto la potencial utilidad del marcador molecular Citocromo Oxidasa I, como herramienta de trazabilidad para esta especie y otras de importancia comercial en la costa chilena.



Análisis de Distancias Genéticas para secuencias de la COI para 18 especies de importancia comercial en la costa chilena.

COMPOSICIÓN Y ORGANIZACIÓN DEL EQUIPO PROFESIONAL Y TÉCNICO

NOMBRE	TITULO	FUNCIONES O ACTIVIDADES
RICARDO GALLEGUILLOS G.	Profesor Biología Ph.D. Biology	Jefe Proyecto. Análisis Genético.
SANDRA FERRAD F.	Biólogo Marino Magister en Pesquerías	Coordinación, revisión y compendio. Análisis Genético.
CRISTIAN CANALES-AGUIRRE	Biólogo Marino	Análisis Genético
CRISTIAN HERNÁNDEZ U.	Biólogo Marino Dr. Ecología	Análisis Genético.
SOFIA ASTETE F.	Biólogo Marino	Análisis Genético.
GUSTAVO AEDO U.	Biólogo Marino Magister en Pesquerías	Coordinador análisis bibliográfico
MARCELO SAN MARTÍN Q.	Biólogo Marino Magister en Pesqueías ©	Análisis información revistas internacionales
SANTIAGO GACITUA B.	Biólogo Marino	Análisis información informes FIP
RENATO CÉSPEDES M.	Biólogo Marino	Análisis información informes IFOP. Coordinación Muestreo Zona Centro - Norte y Perú.
EDWIN NIKLITSCHEK H.	Biólogo Marino Ph.D. Marine	Coordinación Muestreo Zona Sur y Atlántico Sur
ALEJANDRA LAFÓN V.	Biólogo	Coordinación Muestreo Zona Sur y Atlántico Sur