

VARIABILIDAD GENÉTICA EN *Genypterus maculatus* (TSCHUDI, 1846) (PISCES, OPHIDIFORMES)*

FARUK ALAY¹, FIDELINA GONZALEZ¹ y J. CABELLO¹

ABSTRACT: Alay F.; González, F. & J. Cabello. 1993. Genetic variability in *Genypterus maculatus* (Tschudi, 1846) (Ophidiformes). Revista de Biología Marina, Valparaíso 28(2): 301-312.

Samples of liver, white and red skeletal muscles from 98 specimens of *Genypterus maculatus* (Tschudi, 1846) were electrophoretically analyzed on starch gels. Eight out of seventeen loci examined were polymorphic with polymorphism values ranging from 0.39 to 0.44. Data analysis was done in thirteen genetic loci of 95 fishes, whose heterozygosity was 0.099. Fluctuations in gene frequencies were detected along the sampling seasons. However, the population under study is in agreement with Hardy-Weinberg equilibrium. Analysis of monthly sampled groups reveals the occurrence of open gene flow with F_{st} value of 0.068. Genetic distance among the different fish samples is below 0.09 and genetic identity ranges from 0.91 to 0.99, all of which is in according to the existence of only one population.

Keywords: Isozymes, population genetics, Pisces, Ophidiidae, *Genypterus*.

RESUMEN: Alay F.; González, F. & J. Cabello. 1993. Variabilidad genética en *Genypterus maculatus* (Tschudi, 1846) (Pisces, Ophidiformes) Revista de Biología Marina, Valparaíso 28(2): 301-312.

Muestras de hígado, músculo blanco y músculo rojo de 98 individuos de *Genypterus maculatus* (Tschudi, 1846) fueron analizadas electroforéticamente sobre geles de almidón. Ocho de los diecisiete loci fueron polimórficos sobre esta base, el polimorfismo fluctuó entre 0.39 - 0.44.

El análisis genético de los datos se hizo sobre la base de trece loci y de 95 individuos. La heterocigosidad fue de 0.099. Se observaron fluctuaciones de las frecuencias génicas a lo largo del período de muestreo. La población de *Genypterus maculatus* se encuentra en equilibrio predicho por el modelo de Hardy-Weinberg. El análisis de los grupos muestreados mensualmente revela flujo génico abierto, con un valor de F_{st} de 0.068. La distancia génica es menor que 0.09 y la identidad génica oscila entre 0.91-0.99 entre los distintos grupos mensuales analizados, lo que corrobora la existencia de un solo grupo poblacional.

Palabras claves: Isoenzimas, genética de poblaciones, Pisces, Ophidiidae, *Genypterus*.

INTRODUCCION

Genypterus maculatus (Tschudi, 1846) es un pez que vive en el mar asociado a fondos blandos, alimentándose preferencialmente de la fauna bentónica

presente en ellos. Este pez aparece frecuentemente en la zona litoral de la Octava Región, Chile. Su distribución geográfica es muy amplia, extendiéndose en Sudamérica desde Callao en el Perú, hasta Puerto Aysén (Aviles 1979). Como

¹ Laboratorio de Genética, Depto. de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Casilla 152-C, Concepción, Chile.

* Proyecto financiado por la Dirección de Investigación, Universidad de Concepción (Proyecto 20.31.22) y Centro EULA.

recurso pesquero es de frecuente aparición en las capturas demersales efectuadas por pescadores artesanales.

Antecedentes a la fecha, indican que diversos autores (Chocair *et al.* 1969; Chong 1976; Aviles 1979) han realizado estudios sobre la biología y pesquería de los congrios (*Genypterus blacodes*, *Genypterus chilensis* y *Genypterus maculatus*) como también estudios de filogenia del género (1), desconociéndose información que permita caracterizar genéticamente a estas especies y especialmente identificar grupos poblacionales con fines de manejo (CORFO, IFOP 1987).

Una de las herramientas más importantes en el manejo de los recursos pesqueros, es el conocimiento de la variabilidad genética del conjunto de organismos de una especie sometida a explotación. Un método ampliamente utilizado para cuantificar la variabilidad genética es la electroforesis sobre geles de almidón, que permite distinguir conjuntos de proteínas codificadas por loci genéticamente variables en poblaciones naturales de peces (Ferguson 1980). La cuantificación de esta información ha permitido entre otras cosas, identificar stocks dentro de una especie, elemento de mucha importancia para el manejo de estos recursos (FAO 1984).

En las poblaciones de peces, así como en todos los organismos marinos y acuáticos, la variabilidad genética de un grupo poblacional de una determinada especie está condicionada, además de

factores intrínsecos, por factores ambientales, tales como la disponibilidad de alimento y las características oceanográficas que pueden o no ser favorables a los requerimientos metabólicos de los organismos. A lo anterior se agregan efectos antrópicos, tales como la contaminación y la presión por pesca que traen como consecuencia posibles desequilibrios en la estructura poblacional y por ende en el pool genético, lo que a su vez pone en peligro la sobrevivencia de la especie por pérdida de su variabilidad (Battaglia & Bisol 1988). De allí la necesidad de generar programas de vigilancia (monitoreo) de los recursos genéticos.

Dentro de las condiciones oceanográficas los procesos de surgencia costera y los de convergencia constituyen factores de aumento de la biomasa disponible para la alimentación de la fauna que frecuenta la zona costera, por lo tanto, es posible que este sea un factor de concurrencia para la alimentación de especies de peces con distinto origen desde el punto de vista genético. Esta situación ha sido claramente demostrada por Smith (1979) y por Smith & Francis (1982) para *Genypterus blacodes*. Estos autores comprobaron que en una zona de convergencia situada frente a las costas de Nueva Zelanda se mezclan dos stocks de esta especie proveniente de áreas distintas.

Con el fin de caracterizar genéticamente a *Genypterus maculatus* ("congrío negro") que frecuenta la zona costera de la Octava Región, frente a la bahía de Concepción, se investigó diversos

(1) Oyarzún, C.; Alió, L.; Galleguillos, R. & L. Troncoso. 1991. Polimorfismo y relaciones de parentesco en los congrios del género *Genypterus* capturados en la zona de Talcahuano (Pisces, Ophidiiformes). XI Jornadas de Ciencias del Mar. Valparaiso (Chile). 27-29 de mayo, p. 56.

sistemas enzimáticos que permitan cuantificar la variación existente y relacionarla con procesos de surgencia y no surgencia, para detectar la posible existencia de stocks y finalmente deducir el estado de equilibrio genético en que este grupo poblacional se encuentra. Los procesos de surgencia, frecuentes en las estaciones de primavera - verano, son posibles factores ambientales que estén influyendo sobre la fauna especialmente relacionada a los fondos, por su importancia en la posible concurrencia de ejemplares de peces con distinto origen, que pudieran alcanzar una zona determinada para alimentación.

MATERIALES Y METODOS

Se recolectaron 98 ejemplares adultos de *Genypterus maculatus* mediante embarcaciones artesanales frente a la bahía Concepción (36°40'S, 73°02'W), durante un período de 17 meses (julio de 1989 a noviembre de 1990). Los muestreos se hicieron durante la época de ocurrencia de eventos de surgencia: 4 muestreos entre los meses de octubre y noviembre de años sucesivos, con un total de 56 ejemplares. En la época de no surgencia, tres muestreos en los meses de julio, agosto y abril con un total de 39 ejemplares. Sin embargo, para el análisis genético, se descartó el mes de julio, puesto que fue un muestreo con sólo tres individuos, lo que determinó que en último término se analizaron 10 sistemas isoenzimáticos en 95 individuos.

Los ejemplares de *Genypterus maculatus* fueron pesados y medidos. Las tallas oscilaron entre 42 y 95 cm y el peso entre 500 y 3.000 g. Por lo tanto, la

muestra puede considerarse homogénea, ya que todos son ejemplares adultos, lo que descarta errores de interpretación de los resultados en los zimogramas atribuibles a expresión génica diferencial.

Mediante disección se obtuvieron muestras de hígado, músculo blanco y músculo rojo. Las muestras fueron conservadas en nitrógeno líquido a -180°C. Al momento de realizar los análisis electroforéticos, las muestras se homogenizaron a 4°C, en buffer Tris-EDTA pH 7. Se centrifugó a 12.000 rpm por 3 min. El procedimiento electroforético también se realizó a baja temperatura. El sobrenadante de cada tejido impregnado en papel Whatman N°3 se usó para introducir las muestras en un gel de almidón al 12% de acuerdo a la técnica desarrollada por Harris & Hopkinson (1977). Se emplearon sistemas amortiguadores del pH, tanto continuos como discontinuos. Entre los primeros se utilizó: a) TC pH 7: Tris (0.13 M), ácido cítrico (0.043 M) para el electrodo y diluido 1:25 para el gel; b) TVB pH 8: Tris (0.5 M), ácido bórico (0.65 M) y EDTA sódico (0.016 M) para el electrodo y diluido 1:10 para el gel; c) Tris-HCl pH 8.6: Tris (0.3 M) para el electrodo y diluido 1:15 para el gel.

Los amortiguadores discontinuos fueron a) TC pH 6.3 - 6.7: Tris Base (0.223 M) ácido cítrico (0.086 M) pH 6.3 para el electrodo y Tris Base (0.008 M) ácido cítrico (0.003 M) pH 6.7 para el gel; y b) una variante del anterior llevada a pH 5.3 - 5.7 (Siciliano & Shaw 1976, Harris & Hopkinson 1977).

Las muestras protéicas fueron visualizadas mediante tinción específica.

El patrón electroforético fue interpretado de acuerdo al criterio propuesto por Pasteur *et al.* (1987). Las zonas no variables en todos los individuos fueron consideradas expresión de un locus monomórfico. Para las zonas variables se aplicó el criterio de segregación mendeliana de los alelos. Además se tuvo en consideración la estructura de la proteína deducida del número de bandas de los heterocigotos. Las bandas de actividad enzimática o electromorfos se designaron por su movilidad relativa, la que se calcula en relación a la distancia que migra la banda más común y a la que arbitrariamente se le asigna movilidad 1.00. Este criterio se utilizó para describir los diversos fenotipos observados.

Cada una de las 10 enzimas analizadas fue identificada señalando su código (ver Tabla 1); los loci múltiples que aparecieron en algunos zimogramas fueron designados en forma creciente desde el cátodo al ánodo (Harris & Hopkinson 1977). Los cálculos de las frecuencias génicas se estimaron mediante conteo directo, ya que todas las variantes protéicas se interpretaron como reflejo de los productos codificados por alelos codominantes (Ferguson 1980).

Para la elaboración de los resultados se consideraron los criterios propuestos por Hartl & Clark (1989). Los cálculos de los resultados se verificaron en un programa Biosys 1.7 (Swofford & Selander 1989) y NTSYS 1.5 (Rohlf 1989). Se aplicó el estadístico χ^2 y de Wright para validar el ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg y para cuantificar efectos de las tallas, estacionalidad y

muestreo. Para los efectos de comparar los diversos grupos muestreados se utilizaron los índices de identidad y distancia genética señalados por Ayala & Kiger (1984). Los dendrogramas se confeccionaron empleando la estrategia de la media ponderada UPGMA del programa BIOSYS 1.7 (Swofford & Selander 1989) y NTSYS (Rohlf 1989).

RESULTADOS

En los diez sistemas isoenzimáticos estudiados, se postuló un total de 17 loci de los cuales son monomórficos Est-1, Idh-1, Idh-2, Me-2, Mdh-1, Mdh-2, Pgdh-1, Pgi-1 y Sdh-2 (Tabla 1). Los loci polimórficos son Est-2, Est-3, Pgi-2, Me-1, Pgm-1, α -Gpdh-1 y Sdh-1 para el criterio de $P \leq 0.95$, es decir, la frecuencia del alelo más común para el locus tiene una frecuencia no superior a 0.95 (Ayala & Kiger 1984); en tanto que Ldh-1 resultó ser polimórfica para el criterio de $P \leq 0.99$ y el alelo menos frecuente para este locus sólo fue registrado en los muestreos realizados en los períodos de no surgencia (ver Tabla 3). Finalmente, Est-4 no fue considerada en el análisis debido a su inconstante aparición.

Los índices de variabilidad y diversidad genética: polimorfismo y heterocigosidad, fueron calculados sobre la base de la información obtenida.

El polimorfismo, considerando los productos génicos de 17 loci, tiene un valor de 0.44 ($P \leq 0.99$) y de 0.39 ($P \leq 0.95$).

El número de subunidades asignadas a las diferentes isoenzimas se realizó sobre la base de la información

Tabla 1. Interpretación de los zimogramas para cada una de las isoenzimas.

ENZIMA	N° LOCI	N° ALELOS	N° SUBUNIDADES	TEJIDO
SORBITOL DESHIDROGENASA E.C.1.1.1.14	<i>Sdh-1</i> <i>Sdh-2</i>	2 1	TETRAMERO	HIGADO
LACTATO DESHIDROGENASA E.C.1.1.1.27	<i>Ldh-1</i>	2	TETRAMERO	MUSCULO BLANCO Y ROJO
MALATO DESHIDROGENASA E.C.1.1.1.37	<i>Mdh-1</i> <i>Mdh-2</i>	1 1	DIMERO	MUSCULO BLANCO Y ROJO
ENZIMA MALICA E.C.1.1.1.40	<i>Me-1</i> <i>Me-2</i>	2 1	TETRAMERO	MUSCULO BLANCO
ISOCITRATO DESHIDROGENASA NADP E.C.1.1.1.42	<i>Idh-1</i> <i>Idh-2</i>	1 1	DIMERO	HIGADO
FOSFOGLUCONATO -6-DESHIDROGENASA E.C.1.1.1.49	<i>Pgdh-1</i>	1	DIMERO	HIGADO
α -GLICEROL-3- FOSFATO DES- HIDROGENASA E.C.1.2.1.12	α <i>Gpdh-1</i>	2	DIMERO	HIGADO
FOSFOGLUCO- MUTASA E.C.2.7.5.1	<i>Pgm-1</i>	2	MONOMERO	MUSCULO BLANCO
ESTERASAS E.C.3.1.1.	<i>Est-1</i> <i>Est-2</i> <i>Est-3</i> <i>Est-4</i>	1 2 3 i (*)	MONOMERO	HIGADO
FOSFOGLUCOSA ISOMERASA E.C.5.3.1.9	<i>Pgi-1</i> <i>Pgi-2</i>	1 2	DIMERO	HIGADO

(*)= inconstante, no se consideró en el conteo total de loci.

entregada por geles analizados y corroborada por datos de la literatura (Smith 1979, Smith *et al.* 1980, Kirpichnikov 1981, Richardson *et al.* 1986, Pasteur *et al.* 1987, Van der Banks *et al.* 1989).

El número de loci y el número de bandas que se describe en cada uno de los sistemas enzimáticos coincide con la información que entrega para peces Kirpichnikov (1981). En aquellos sistemas en que no se observó heterocigotos

el número de subunidades se atribuyó a lo señalado por este autor. Todos los loci polimórficos mostraron heterocigotos con excepción del locus Ldh-1.

El análisis de los datos genéticos se hizo utilizando los Programas Biosys y NTSYS. En estos análisis se consideraron 13 loci, cuatro polimórficos: α -Gpdh-1, Ldh-1, Me-1 y Pgm-1, y los 9 monomórficos mencionados anteriormente. Fueron descartados todos aquellos loci polimórficos para los cuales no se logró tener la información completa para los 95 individuos. Estos son Est-2, Est-3, Pgi-2 y Sdh-1. Sin embargo, debido a que algunos de estos sistemas son especialmente considerados en la literatura respecto a *Genypterus* (Oyarzún *et al.* 1989 (2), Smith 1979, Smith & Francis 1982), se entregan a continuación los datos obtenidos en un número menor de individuos y que por esta razón no fueron incluidos en el análisis genético.

Fosfoglucoisomerasa presenta dos loci, uno polimórfico (Pgi-2) y uno monomórfico (Pgi-1). El locus polimórfico no muestra variación en la frecuencia respecto a las épocas de surgencia y no surgencia. Sorbitol deshidrogenasa presentó dos loci, el locus polimórfico (Sdh-1) presentó frecuencias similares en las dos épocas. Las esterasas son codificadas por 4 loci, uno monomórfico (Est-1) y dos polimórficos (Est-2 y Est-3), el locus de Est-4 no se observó con regularidad. El número de loci para esta enzima está de acuerdo con los datos que aparecen en la literatura para peces (Kirpichnikov 1981). Est-2 presenta dos

alelos y Est-3 presenta tres alelos de frecuencia similar en los dos periodos. El tercer alelo de Est-3 aparece en los meses de enero y abril de 1990, y no aparece en el muestreo de noviembre de 1989.

En la Tabla 2 se muestran los valores de la heterocigosidad media observada y la esperada según Hardy-Weinberg para los trece loci considerados en el análisis de las frecuencias génicas. Se ve cierta tendencia a la deficiencia de heterocigotos en algunos de los loci, lo que da por resultado un número promedio menor al esperado para los meses de enero y noviembre de 1990.

Las frecuencias génicas de los loci polimórficos Pgm-1, α -Gpdh-1, Me-1 y Ldh-1 durante la época de surgencia y no surgencia aparecen en la Tabla 3. Del análisis de contingencia de χ^2 para los loci en estudio se desprende que la población se encuentra levemente alejada del equilibrio (χ^2_{20} , P. 0.020) (Tabla 4).

También a través de los Programas mencionados se obtuvo los valores de la identidad génica, distancia génica y coeficiente de endogamia. Sobre la base de los valores de identidad génica y utilizando un análisis de conglomerado (UPGMA) se elaboró un dendrograma. El análisis de los grupos mensualmente muestreados reveló flujo génico abierto con un valor de F_{st} de 0.068. La distancia génica es inferior a 0.09 y la identidad genética entre 0.91 - 0.99 entre los diversos grupos anali-

(2) Oyarzún, C.; Cerda, F.; Troconso, L. & R. Galleguillos. 1989. Sistemática bioquímica en *Genypterus*; marcadores genéticos en el congrio negro *G. maculatus* (Schuudi, 1846) (Ophidiiformes, Ophidiidae). IX Jornadas de Ciencias del Mar. Programa y Resúmenes. U. de Antofagasta. 23-27 de octubre p. 35.

zados El dendrograma que aparece en la Figura 1 muestra una correlación cofenética de 0.839, lo que indica que es una representación aceptable entre la matriz original de distancia génica no sesgada de Nei (1978) y la matriz de similitud. Cuando se aplica el cálculo del índice de

Wright a la influencia de las tallas en la distribución de las frecuencias génicas a lo largo del muestreo su valor es de F_{st} 0.044 lo que está indicando que este factor no influye en los valores que aparecen en la Tabla 3.

Tabla 2. Heterocigosidad media observada y esperada de acuerdo a Hardy-Weinberg en los distintos muestreos.

EPOCA		HETEROCIGOSIDAD PROMEDIO	
		CONTEO DIRECTO	HARDY-WEINBERG
NO-SURGENCIA	AGO89	0.109	0.120
	e.s.	± 0.058	± 0.056
	ABR90	0.137	0.121
	e.s.	± 0.073	± 0.060
SURGENCIA	OCT89	0.092	0.096
	e.s.	± 0.051	± 0.052
	NOV89	0.122	0.110
	e.s.	± 0.065	± 0.058
	ENE90	0.088	0.107
	e.s.	± 0.047	± 0.057
	NOV90	0.043	0.061
e.s.	± 0.026	± 0.061	
PROMEDIO		0.099	0.103
(*) e.s.		± 0.033	± 0.022

(*) e.s. = error estándar

Tabla 3. Frecuencias alélicas de los loci polimórficos considerados en el análisis de las frecuencias génicas.

LOCUS	Mes/año N° ind.	NO SURGENCIA		SURGENCIA			PROM. 95	
		AGO89 12	ABR90 27	OCT89 15	NOV89 11	ENE90 7		NOV90 23
Me-1	Alelos							
	a	0.583	0.630	0.800	0.682	0.214	0.522	0.555
	b	0.417	0.370	0.200	0.318	0.786	0.478	0.445
Pgm-1	(*) e.s.	± 0.1006	± 0.0657	± 0.073	± 0.0986	± 0.1096	± 0.0736	± 0.036
	a	0.708	0.500	0.467	0.682	0.429	0.587	0.562
	b	0.292	0.500	0.533	0.318	0.571	0.413	0.438
αGpdh-1	e.s.	± 0.0928	± 0.68	± 0.0912	± 0.0993	± 0.1323	± 0.0726	± 0.036
	a	0.667	0.500	0.733	0.550	0.643	0.609	0.630
	b	0.333	0.500	0.267	0.450	0.357	0.391	0.370
I.dh-1	e.s.	± 0.0962	± 0.068	± 0.0821	± 0.1011	± 0.128	± 0.0719	± 0.035
	a	0.917	0.963	1.000	1.000	1.000	1.000	0.980
	b	0.083	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020
	e.s.	± 0.0563	± 0.0257	—	—	—	—	± 0.010

(*) e.s. = error estándar

Tabla 4. Análisis de contingencia χ^2 para los cuatro loci polimórficos.

LOCUS	χ^2	g.d.l.	P	
Me-1	15.691	5	0.00778	(**)
Pgm-1	6.425	5	0.26704	(n.s.)
α Cpd-1	5.250	5	0.38609	(n.s.)
Ldh-1	7.595	5	0.18001	(n.s.)
TOTAL	34.962	20	0.02031	(*)

(**) $P < 0.01$: diferencias altamente significativas

(*) $0.05 < P < 0.01$: diferencias significativas

(n.s.) $P > 0.05$: diferencias no significativas

DISCUSION.

Los datos correspondientes al polimorfismo para los loci genéticos presentados en este trabajo coinciden con los entregados por Oyarzún *et al.* (3) para *Genypterus maculatus* y por Smith (1979) y Smith & Francia (1982) para *Genypterus blacodes* de Nueva Zelandia que lo describen para el locus de la fosfoglucomutasa y fosfoglucoisomerasa.

Smith (1979) encontró para *Genypterus blacodes* un débil polimorfismo para fosfoglucomutasa (Pgm) con una frecuencia promedio del alelo más común de 0.945 al comparar tres localidades de la costa de Nueva Zelandia. *Genypterus maculatus* en cambio presenta para este locus una distribución equivalente de las frecuencias, cuando se comparan los seis muestreos realizados con un valor promedio de 0.562 para el alelo más común del único locus para Pgm que presenta esta especie.

El polimorfismo obtenido a partir de los productos génicos de diecisiete

loci tiene un valor de 0.44 para un criterio de $P \leq 0.9$ y de 0.39 para un criterio de $P \leq 0.95$, lo que es alto si lo comparamos con los valores obtenidos por Smith & Jamieson (1980), quienes trabajaron en el pez pelágico *Scomber scombrus*, al considerar 39 loci enzimáticos con los cuales se obtiene un valor de 0.18 - 0.30. Sin embargo, Brulé (1989), en la platija *Pleuronectes platessa* encontró valores semejantes, si bien un poco mayores a los registrados en el presente trabajo. Este pez, al igual que *Genypterus maculatus* vive asociado a fondos blandos y se distribuye geográficamente en la costa noreste de la Bretaña. Brulé (op. cit.) consideró 13 sistemas enzimáticos determinados por 21 loci, de los cuales 9 son polimórficos con un índice de polimorfismo igual a 0.47. La equivalencia de estos valores con los nuestros en dos peces de hábito de vida semejante son coincidentes con lo sostenido por Nevo (1978) & Smith y Fujio (1982) como se discute más adelante.

Otra medida de la variabilidad menos arbitraria e imprecisa que el po-

(3) Oyarzún, C.; Cerda, F.; Troncoso, L. & R. Galleguillos. 1989. Sistemática bioquímica en *Genypterus*; marcadores genéticos en el congrio negro *G. maculatus* (Tschudi, 1846) (Ophidiiformes, Ophidiidae). IX Jornadas de Ciencias del Mar. Programa y Resúmenes. U. de Antofagasta. 23-27 de octubre p. 35.

limorfismo es la heterocigosidad. En nuestro caso de estudio, el valor promedio de la heterocigosidad calculado sobre la base de trece loci es de 0.099 (Tabla 2). Este valor se encuentra dentro del rango dado por Smith & Fujio (1982) de 0.060 ± 0.038 que está basado en loci enzimáticos de 89 especies de teleosteos marinos. Estos mismos autores encontraron un valor de 0.042 ± 0.04 para la heterocigosidad de peces demersales con huevos pelágicos, al promediar ocho especies. Este valor es superior al de especies demersales con huevos demersales en las que al promediar trece especies la heterocigosidad toma un valor de 0.032 ± 0.034 . *Genypterus maculatus*, también tiene valores de heterocigosidad coincidentes con el primer caso y más aún con *Pleuronectes platessa*, *Platichthys flesus*, *Rhombosolea leporina*, etc., que son peces planos demersales con huevos y larvas pelágicos, semejantes por tanto a *Genypterus maculatus* y cuyos valores de heterocigosidad son 0.102, 0.086, 0.081, respectivamente.

La heterocigosidad promedio fluctúa débilmente a lo largo del año excepto en el mes de noviembre de 1990 donde se observa un descenso en el número de heterocigotos, aún sin considerar el locus Ldh-1 (Ver Tabla 2). Dado el tamaño limitado de cada una de las muestras consideradas en el análisis es probable que los datos estén un poco sesgados como se observa en la Tabla 3 y confirmado por el valor del error estándar que varía entre aquella muestra que tiene siete individuos, como la del mes de enero de 1990, respecto a las que tienen más de veinte individuos. Puede también estar influyendo en esta fluctuación el número de loci relativamente

bajo que están siendo considerados en el estudio de acuerdo a lo postulado por Nei (1978), quien recomienda un tamaño de muestra superior a 25 individuos y 30 loci.

No obstante lo anterior la tendencia al considerar los valores promedio de las frecuencias génicas, para los cuatro loci en todo el período de muestreo, pareciera indicar que existe una dinámica poblacional que está produciendo fluctuaciones de los valores de estas frecuencias, haciendo sospechar la existencia de dos grupos dentro de la población en función de la surgencia y no surgencia (Tabla 3).

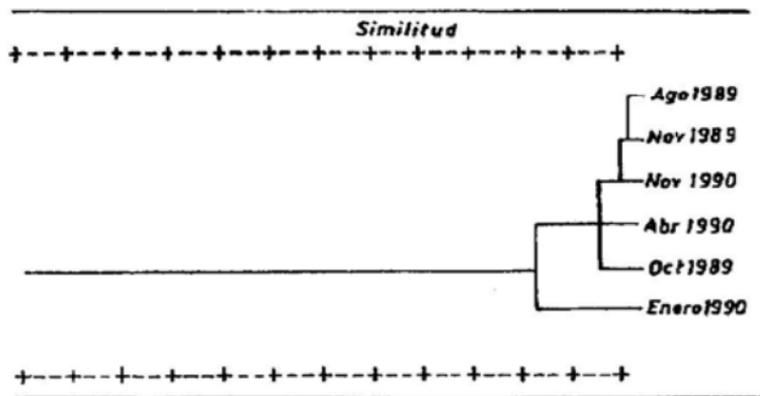
Este hecho que se podría interpretar como indicador de la existencia de más de un grupo poblacional en el área, es corroborado además por una leve deficiencia de heterocigotos en los ejemplares capturados en época de surgencia (Tabla 2), acompañado además en la misma época, de ausencia de polimorfismo para Ldh-1 (Tabla 3). A pesar de lo anterior, no es posible confirmar la existencia de dos grupos dentro de la población, debido a que cuando analizamos las frecuencias génicas en un análisis de contingencia de X^2 (Tabla 4), todos los loci, excepto Me-1, están en equilibrio en forma individual. El locus Me-1 presenta frecuencias genotípicas alejadas del equilibrio Hardy - Weinberg lo que influye en el resultado final, como lo demuestra la probabilidad encontrada que verifica grupos significativamente distintos para un X^2_{20} y que demostraría que existe un leve alejamiento del equilibrio. Sin embargo, al realizar el índice de fijación de Wright, F_{st} , que mide el nivel de endogamia, su valor es de

0.068, coincidente con un alto flujo génico entre todos los grupos muestreados, lo que está indicando que todos los individuos pertenecen a la misma unidad poblacional. Más aún, los cálculos de similitud genética y de distancia génica realizados, están indicando que esta es una sola población (Figura 1) por lo que no es posible subdividirla en dos grupos con la información disponible.

No se verificó efecto Wahlund de las tallas ni de la estacionalidad sobre las

frecuencias génicas, por lo que las fluctuaciones de las mismas no pueden ser explicadas desde este punto de vista. Tampoco hubo relación entre heterocigosidad y peso de los individuos. Un estudio más acabado desde el punto de vista genético, aplicado a un muestreo más extenso en latitud y a un mayor número de loci, podría darnos una visión más exacta, que permita obtener conclusiones respecto a la existencia de los posibles grupos desovantes dentro de la población.

Fig. 1. Análisis de conglomerado usando el método de grupo par no ponderado con ligamiento promedio (UPGMA) del coeficiente de distancia génica no sesgada de Nei (1978).



Test de bondad de ajuste:

*F ² de Farris (1972)	=0.035
*F ² de Prager y Wilson (1976)	=0.232
Porcentaje de desviación estándar (Fitch y Margoliash, 1967)	=0.403
Correlación cofenética	=0.839

AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo fue realizado gracias al apoyo de la Dirección de Investigación de la Universidad de Concepción y del Centro EULA y a la ayuda constante de la Sra. Cecilia Palma, del Instituto de Fomento Pesquero (IFOP), Talcahuano, en la adquisición de los ejemplares. Deseamos agradecer la valiosa colaboración del Dr. Paolo Bisol de la Universidad de Padua (Italia) en el análisis de los datos y corrección del manuscrito, así como las del Profesor Franklin Carrasco y los revisores anónimos.

LITERATURA CITADA

- Ayala, F.J. & J.A. Kiger. 1984. *Genética Moderna*. Fondo Educativo Interamericano. Ed. Omega. Barcelona. 836 pp.
- Aviles, S. 1979. Congrio negro: *Genypterus maculatus*. Estado actual de las principales pesquerías. I. Peces. XIII. CORFO. AP 78-18.
- Battaglia, B. & P.M. Bisol. 1988. Environmental factors, genetic differentiation, and adaptive strategies in marine mammals. In: *Toward a Theory on Biological - Physical Interactions in the World Ocean*: 393-410. Rothschild, ed. Kluwer Academic Publishers: 393 - 410.
- Brulé, T. 1989. Analysis of the enzyme polymorphism in a plaice, *Pleuronectes platessa* L., population from the north-west coast of Brittany, France. *J. Fish Biology* 35(5):607-620.
- Chocair, J.A.; Orellana, F.A. & J.R. Serra. 1969. Estudio del género *Genypterus* (congríos) en aguas chilenas (Pisces, Ophidiidae). Tesis. Universidad de Chile. 48 pp.
- Chong, J.V. 1976. Algunos aspectos biológicos del congrio dorado *Genypterus blacodes* (Schneider 1801) en el Golfo de Arauco, Chile. Tesis para optar al grado de Licenciado en Biología. Universidad de Concepción. 174 pp.
- CORFO - IFOP. 1987. Sistema de información pesquera. Principales indicadores de las pesquerías demersales. 118 pp.
- FAO. 1984. Conservación de los recursos genéticos de los peces. Problemas y recomendaciones. Documento técnico de Pesca N° 217. Roma.
- Ferguson, A. 1980. *Biochemical systematics and evolution*. Blackie. U.K. 194 pp.
- Farris, J.S. 1972. Estimating phylogenetic trees from distance matrices. *American Naturalist* 106: 645-668.
- Fitch, W.M. & E. Margoliash. 1967. Construction of phylogenetic trees. *Science* 155: 279-284.
- Harris, H. & D.A. Hopkinson. 1977. *Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics*. North Holland Publishing Co. N.Y. 512 pp.
- Hartl, D. & A. Clark. 1989. *Principles of population genetics*. 2nd ed., Sinauer Assoc., Inc. U.S.A. 682 pp.
- Kirpichnikov, V. S. 1981. *Genetic bases of fish selection*. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg. 410 pp.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- Nevo, E. 1978. Genetic variation in natural populations: patterns and theory. *Theoretical Population Biology* 13: 121-177.
- Pasteur, N.; Pasteur, G.; Bonhomme, F.; Catalan, J. & J. Briton-Davidian. 1987. *Manuel technique de génétique par électrophorèse des protéines*. Ed. Lavoisier Tec-Doc. 217 pp.

- Prager, E.M. & A.C. Wilson. 1976. Congruency of phylogenies derived from different proteins. A molecular analysis of the phylogenetic position of cracid birds. *Journal of Molecular Evolution* 9: 45-57.
- Richardson, B.J.; Baverstock, P.R. & M. Adams. 1986. Allozyme electrophoresis. A Handbook for Systematics and Population Studies. Academic Press. Australia. 410 pp.
- Rohlf, F. J. 1989. NTSYS-PC. Version 1.5. Exeter Software, Setauket. N.Y. U.S.A.
- Siciliano, M.J. & R.C. Shaw. 1976. Separation and visualization of enzymes on gels. Cap. VIII. In Smith, J., ed. Chromatographic and electrophoretic techniques, vol II. 4a ed. W. Heinemann Medical Book Ltd. Londres: 185-209.
- Smith, P.J. 1979. Glucosephosphate isomerase and phosphoglucomutase polymorphisms in New Zealand ling *Genypterus blacodes*. *Comparative Biochemistry and Physiology* 62B: 573-577.
- Smith, P.J. & R.I.C.C. Francis. 1982. A glucose phosphate isomerase polymorphism in New Zealand ling. *Comparative Biochemistry and Physiology* 73B: 451-455.
- Smith, P.J. & Y. Fujio. 1982. Genetic variation in marine teleosts. High variability in habitat specialist and low variability in habitat generalist. *Marine Biology* 69: 7-20.
- Smith, P.J. & A. Jamieson. 1980. Protein variation in the Atlantic mackerel *Scomber scombrus*. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 11: 207-214.
- Swofford, D.L. & R.B. Selander. 1989. Biosys-1. A computer program for the analysis of allelic variation in Population Genetics and Biochemical Systematics. D.L. Swofford. ed. Illinois National History Survey. 43 pp.
- Van Der Banks, F.H.; Grant, W.S. & J.T. Ferreira. 1989. Electrophoretically detectable genetic data for fifteen southern african Cichlids. *J. Fish Biology* 34: 465-483.