

PROCEEDING



VII Simposio de Recursos Genéticos
para América Latina y el Caribe

Pucón, Chile

28-30 Octubre
2009

EFFECTO DE LAS ACTIVIDADES HUMANAS SOBRE LA DIVERSIDAD GENÉTICA: EL CASO DE LA SALMONIVULTURA EN CHILE

Gonzalo GAJARDO¹, Sonia CONSUEGRA² y Carlos GARCÍA DE LEÁNIZ³
1. Universidad de los Lagos, Osorno, Chile; 2.

RESUMEN

Las actividades humanas impactan de manera significativa la composición genética de las poblaciones naturales, provocando un cambio evolutivo que puede ser irreversible. Se discute la importancia de evaluar y minimizar el impacto de las especies exóticas, la segunda causa de pérdida de biodiversidad, usando el caso de los salmones escapados (acuicultura) y asilvestrados en Chile. En concordancia con los objetivos de la Convención sobre Diversidad Biológica, se discute igualmente la necesidad de contar con una línea inicial de información genética que permita evaluar en el tiempo la erosión genética de poblaciones explotadas y potencialmente explotables.

INTRODUCCIÓN

La variabilidad genética es el combustible para el cambio evolutivo que permite la adaptación de poblaciones y especies, y que genera biodiversidad por el proceso de especiación. El 2010 corresponde que los países firmantes de la Convención sobre Diversidad Biológica (CDB) verifiquen hasta que punto han logrado reducir la actual tasa de pérdida de biodiversidad a nivel global, regional y nacional (www.cdb.int72020-target). Desde los albores de la humanidad, el hombre ha afectado de manera más significativa que los procesos naturales (mortalidad, Selección Natural) la composición genética de las poblaciones naturales, siendo ejemplo de ello la caza, la pesca, la agricultura y recientemente la acuicultura. Todas estas actividades persiguen un fenotipo particular (selección artificial, o "no-natural") y como consecuencia han tendido a incrementar la frecuencia de fenotipos menos deseables en las poblaciones naturales (1,2). Otros ejemplos de acción humana que producen erosión de la diversidad genética son la fragmentación del hábitat y la introducción de especies exóticas.

Este trabajo discute la importancia de identificar el origen de los escapes de salmónidos como paso inicial para evaluar y mitigar su impacto sobre la biodiversidad nativa. Se discute igualmente la necesidad de contar con datos iniciales (información base), desde el gen al ecosistema, que permitan evaluar la tasa de erosión genética en las poblaciones naturales que son explotadas (pesquerías y acuicultura).

MATERIAL Y MÉTODO

En el marco de un proyecto Darwin Initiative (Fondo Británico) (www.biodiversity.cl) se desarrolló una "toolkit" consistente en 16 microsatelites para asignar peces escapados a las empresas de origen. Se dispuso de una muestra de 177 individuos, de los cuales 55 correspondían a escapados (capturados en ríos con pesca eléctrica) y el resto a animales de cultivo (hatcheries de 6 empresas) que se agrupan en 4 grupos pues 3 corresponden a la misma empresa. Respecto de la urgente necesidad de evaluar temporalmente la variabilidad genética, que es uno de los objetivos del CDB para la sustentabilidad, se discute sobre la base de la información aportada por un Proyecto del Fondo de Investigación Pesquera (FIP) (www.fip.cl/proyectos/2006/2006-52.htm).

RESULTADO Y DISCUSIÓN

Los resultados demuestran que las empresas que colaboraron con el estudio usan líneas genéticas diferentes, pero similares dentro de la misma empresa. El protocolo de análisis utilizado permitió asignar con confiabilidad los 55 salmones escapados a cada empresa, por ejemplo, a la empresa 1 (49% de los peces), 5 (29%), 3 (14%) y 2 (4%). Un grupo adicional de peces no pudo ser asignado. Los galáxidos (*G. maculatus*) recolectados tienen alta diversidad y en este análisis preliminar no parece haber diferencias entre aquellos colectados en lugares con presencia y sin presencia de exóticos.

La línea de información inicial disponible para especies explotadas y potencialmente explotadas, en especial para dulceacuícolas en peligro de conservación, incluyendo a los galaxidos, es muy fragmentaria y ha sido generada con poca sistematización. Es decir las preguntas investigadas no tienen relación con la urgencia de los problemas que afectan a determinadas especies, por ejemplo, sobre-explotación, en riesgo de conservación, etc. De un total de 232 referencias disponibles, 99 corresponden (42%) a peces marinos y 27 (12%) a peces dulceacuícolas. Sobre la base de estos dos ejemplos principales se concluye la necesidad de contar con información sobre cantidad y distribución de la variabilidad genética en el tiempo, como única forma de evaluar el impacto de las acciones humanas sobre el acervo de genes de las especies en el ecosistema.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Stenseth, N. C. & Dunlop, ES. 2009. Unnatural Selection. *Nature* 457: 803-804.
2. Allendorf, F. W. & Hard, JJ. 2009. Human-induced evolution caused by unnatural selection through harvest of wild animals. *PNAS, USA*, 106: 9987-9994.