



UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y
OCEANOGRÁFICAS



“Análisis de Estructuración Genética Poblacional Intra- e Inter-Cuenca, de la especie invasora *Oncorhynchus tshawytscha* (Walbaum, 1792) en los ríos de la Patagonia chilena y argentina”.

Diego Eduardo Cañas Rojas

Seminario de Título presentado al

DEPARTAMENTO DE OCEANOGRAFIA

DE LA UNIVERSIDAD DE CONCEPCION

Para optar al Título de

BIOLOGO MARINO

Profesor guía:

Dr. Daniel Gómez Uchida

Concepción - Chile

2014

RESUMEN

Entre las especies invasoras que han sido introducidas en nuestro país con fines económicos, el salmón Chinook *Oncorhynchus tshawytscha* (Salmoniformes, Salmonidae) es conocido por una rápida dispersión y un gran potencial invasivo, lo cual ha permitido su establecimiento en gran parte de los ríos del sur de Chile, y más recientemente en ríos del sur Argentina. Su proceso de invasión es producto de múltiples introducciones en diferentes cuencas de nuestro país desde la X a la XII Región. Si bien existen algunos estudios genéticos de esta especie en el continente sudamericano, poco se conoce sobre el proceso de establecimiento y de estructuración poblacional de esta especie al introducirse en un nuevo ambiente. En esta investigación se evaluó la diferenciación y estructuración genética de esta especie en Chile y en Argentina buscando patrones de estructuración poblacional a distintas escalas geográficas, analizado mediante una aproximación molecular utilizando 191 polimorfismos de único nucleótido (SNPs).

A nivel intra-cuenca se analizó el Río Petrohué, lugar donde esta especie se ha establecido exitosamente y alberga una abundante población, donde se evaluó si existe filopatría entre los individuos que desovan en 3 afluentes de este río. Los análisis revelaron que si existe diferenciación genética entre los diferentes afluentes del Río Petrohué. La diferenciación es leve y nos sugiere que efectivamente está existiendo algún proceso de aislamiento entre los individuos de este río en menos de 30 años de introducción, y que existe autocorrelación genética espacial en escalas de decenas de metros.

A nivel de intra-cuenca, se analizaron 6 ríos chilenos abarcando desde la X a la XII Región, y además se incluyeron 2 ríos del sur de Argentina. A partir de estos se determinó que efectivamente existe notoria estructuración genética entre las diferentes localidades analizadas, especialmente entre las poblaciones de Argentina y Chile, sugerido por un análisis espacial de varianza molecular (SAMOVA). Estableciendo además que esta diferenciación genética entre ríos está muy ligada a los orígenes de las introducciones realizadas en Chile, y que posiblemente exista mezcla entre individuos de diferentes puntos de introducción en algunos ríos, en especial en los ríos de la XII Región. A su vez se observaron notorias diferencias entre los valores de diversidad genética entre los ríos chilenos y argentinos, demostrando que la

colonización de Salmón Chinook en Argentina es un evento reciente, el cual redujo la diversidad genética poblacional producto de un efecto fundador.

