



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas
Programa de Magister en Ciencias c/m en Pesquerías

Una pesquería emergente en Chile: el caso el salmón Chinook en el Río Toltén



Tesis para optar al grado de Magíster en Ciencias con Mención en
Pesquerías

SELIM SEMAN MUSLEH VEGA
CONCEPCIÓN-CHILE
2016

Profesor Guía Externo: Daniel Gómez Uchida
Depto. de Zoología
Profesor Coguía: Billy Ernst Elizalde
Depto. de Oceanografía
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas
Universidad de Concepción

La presente tesis se realizó en el Departamento de Oceanografía de la Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas de la Universidad de Concepción y ha sido aprobada por la siguiente Comisión Evaluadora.

Profesor Guía Externo

Dr. Daniel Gómez-Uchida
Departamento de Zoología
Universidad de Concepción

Profesor Coguía



Dr. Billy Ernst Elizalde
Departamento de Oceanografía
Universidad de Concepción

Comisión Evaluadora

Dr. Miguel A. Pascual
Investigador Principal
CENPAT-CONICET

Director de Programa

Dr. Luis Antonio Cubillos Santander
Departamento de Oceanografía
Universidad de Concepción



"A journey of a thousand miles continues with the second step..."

Larry Wall

AGRADECIMIENTOS

Estoy en deuda con la gente que ayudó a hacer posible esta tesis, principalmente con el equipo que estuvo en la mayor parte de los trabajos en terreno. Gracias Juan Vilches (el capitán), Pablo Rivara, Diego Cañas y Mauricio Cañas, sin su valiosa ayuda nada de esto hubiese sido posible. También quiero agradecer a Francisca Valenzuela por aportar con datos de individuos colectados en el Golfo de Ancud.

Por otra parte extendiendo mis sinceros agradecimientos los Doctores James y Lisa Seeb, por aportar tanto a la parte científica, como metodológica de este estudio. Me gustaría agradecer también a Carita Pascal, quien realizó los análisis de laboratorio, incluyendo tipificación de SNP y manejo de la bases de datos.

Agradezco también a los Doctores Miguel Pascual y Billy Ernst por sus sugerencias durante la etapa del proyecto de tesis y tesis de Magister.

Finalmente, para mi es necesario agradecer a las Fuentes de financiamiento que apoyaron tanto esta tesis como a mí, como estudiante de postgrado. Mis agradecimientos a los proyectos FIP 2014-87, FONDECYT 1130807 y a las becas CONICYT para estudios de Magister Nacional año 2014.

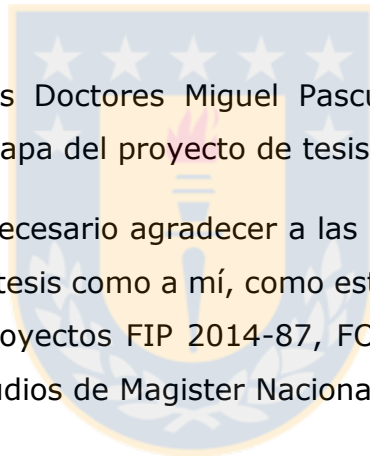
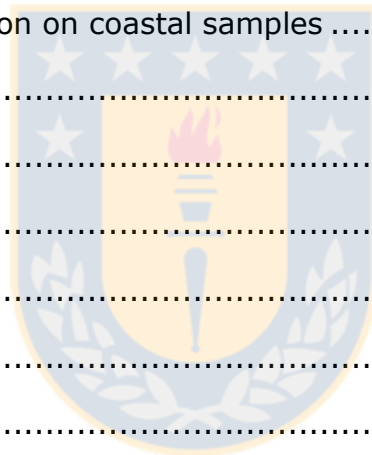


TABLA DE CONTENIDOS

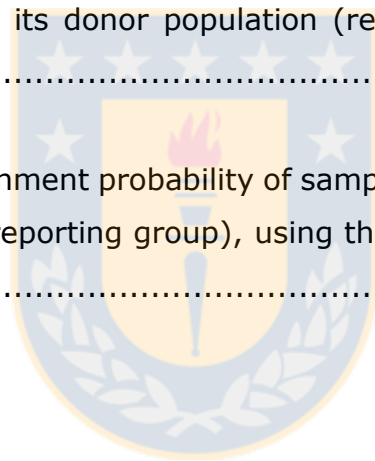
RESUMEN	9
ABSTRACT	11
INTRODUCCIÓN	13
El Salmón Chinook en Chile: origen y problemática	13
El Salmón Chinook del Río Toltén: el caso de la pesquería de La Barra y Queule	14
Delimitación de poblaciones para el manejo de salmónidos	16
OBJETIVOS	20
Objetivo general	20
Objetivos específicos	20
HIPÓTESIS	21
CAPÍTULO I:	
Mixed-stock analysis of an emerging illegal fishery supported by a naturalized Chinook salmon population in South America	22
Abstract.....	24
Resumen	25
Introduction	25
Study Area.....	29
Toltén River estuary and adjacent coastal areas.....	29
Gulf of Ancud.....	29
Materials and Methods.....	31
Data collection	31
SNP genotyping and database.....	31
SNP Selection	32
Individual-based inference of genetic structure	32

Mix Stock Identification on coastal samples	33
Results	34
SNP Selection	34
Individual-based inference of genetic structure	34
Mix Stock Identification on coastal samples: Testing for reporting groups	34
Identifying donor populations for coastal samples	35
Discussion.....	35
Genetic patterns of South America Chinook Salmon: a baseline of Reporting Groups for fishery applications	35
Individual-based inference of genetic structure	36
Mix Stock Identification on coastal samples	36
Acknowledgements	39
References	40
FIGURES	48
TABLES	54
DISCUSIÓN.....	56
BIBLIOGRAFÍA.....	59



ÍNDICE FIGURAS

Figure 1. Map showing the sampling sites for Chinook Salmon.....	48
Figure 2. Individual ancestry coefficients (Q-values) among Chinook Salmon genotypes.....	49
Figure 3. Two dimension scatterplot show the first two principal components of the DAPC	50
Figure 4. Delimitation of Reporting Group using the Chilean baseline.....	51
Figure 5. Individual assignment probability of estuarine and coastal samples from the Toltén River to its donor population (reporting group), using the Chilean genetic baseline	52
Figure 6. Individual assignment probability of samples from the Gulf of Ancud to its donor population (reporting group), using the Chilean genetic baseline	53



ÍNDICE TABLAS

Table 1. Sampling size, locations and dates54

Table 2. Chilean genetic baseline55



RESUMEN

Iniciativas privadas y patrocinadas por el gobierno han introducido al Salmón Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*) en la Patagonia norte y el sur de Sudamérica, facilitando la aparición de numerosas poblaciones de esta especie en múltiples cuencas. Recientemente, una emergente pesquería ilegal de pequeña escala se está desarrollando en el estuario del Río Toltén (Región de la Araucanía) y las zonas costeras adyacentes. Sin embargo, poco se sabe sobre el comportamiento de estas poblaciones migratorias naturalizadas de salmón Chinook, que se reproducen en agua dulce pero que se alimentan en el mar. En el presente trabajo se utilizaron herramientas moleculares y análisis genéticos de stocks para evaluar el origen de individuos capturados en la zona costera y la desembocadura del río Toltén. Los individuos estudiados se compararon con una línea de base genética de las poblaciones de salmón Chinook presentes en el Sudamérica, que desovan en cuencas de los Océanos Atlántico y Pacífico Sur. Nuestro objetivo fue proporcionar información biológica básica para caracterizar genéticamente el stock y evaluar si existía presencia de salmón Chinook proveniente de otras cuencas hidrográficas, distintas al Río Toltén. Individuos de salmón Chinook capturados en el estuario del Río Toltén (los adultos retornantes) y por la pesquería de Queule (costera, que captura adultos inmaduros) entre diciembre de 2014 y marzo del año 2015 fueron tipificados usando 170 SNPs.

Los ejemplares muestreados en la zona estuarina y costera resultaron ser genéticamente homogéneos y estar reproductivamente aislados de otras poblaciones de salmón Chinook tanto del Océano Pacífico como del Atlántico. Los análisis de mezclas de stocks revelaron que la mayoría de los adultos capturados en las zonas costeras provienen de reproductores del Río Toltén, con baja presencia de inmigrantes putativos de otras cuencas. Consistentemente el patrón observado para salmón Chinook del Río Toltén, se observó que individuos adultos, previos a su remonte, se encuentran en zonas cercanas a sus cuencas de origen en el Golfo de Ancud. Esto es consistente con poblaciones de salmón Chinook en su área de distribución nativa, donde se han reportado adultos que se alimentan en las zonas costeras cercanas a su río de origen. Por otra parte, este patrón de "homing"

podría ser evidencia de un proceso incipiente de desarrollo de estructuración geográfica en Sudamérica.

La pesca costera y estuarina de salmónidos está prohibida en Chile, dicha prohibición estaría enfocada en evitar la venta irregular de salmónidos provenientes de centros de cultivos. Por otra parte, el salmón Chinook es una especie que actualmente no está siendo cultivada en Chile y ha estructurado poblaciones auto-sostenibles diferenciadas genéticamente. En base a lo anterior, el desarrollo de una pesquería legal y regulada de pequeña escala de salmón Chinook en el Río Toltén sería un excelente comienzo para el desarrollo de planes de manejo integrados que involucren conservación y regulaciones en pos del equilibrio entre beneficios ecológicos y sociales para las comunidades de pescadores locales.

Palabras claves: Salmón Chinook naturalizado, análisis genético de stock, pesquería ilegal, Patagonia norte.



ABSTRACT

Private and government-sponsored initiatives introduced Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) throughout the northern and southern Patagonia in South America, priming the emergence of abundant Chinook populations of this species in several watersheds. Recently, a small-scale illegal commercial fishery has emerged in the estuary of Toltén River (Araucanía district) and adjacent coastal area. However, little is known about the behavior of migratory, naturalized Chinook salmon populations that breed in freshwater but feed at sea. In this paper we used molecular tools and mixed-stock analyses to evaluate the origin of fishery mixtures caught at sea and the river estuary when compared to a baseline of spawning Chinook salmon populations from South Pacific and Atlantic watersheds. Our goal was to provide basic biological information on the stock limits and whether Chinook salmon from watersheds other than the Toltén River were present. Chinook from the Toltén River estuary (returning adults) and Queule (coastal) fisheries (immature adults) caught between December 2014 and March 2015 were genotyped through 170 SNPs.

Samples from the estuary and coastal fisheries were genetically homogeneous and appeared reproductively isolated from other Pacific and Atlantic Ocean stocks of Chinook salmon located further south. Mixed-stock analyses revealed that most adults caught in the estuary and coastal zones likely originated from spawners from Toltén River, with little contribution of putative immigrants from other watersheds. This is consistent with the biology of Chinook salmon in its native range of distribution, where adults feed in coastal areas near their river of origin. This pattern was also found in Chinook salmon populations from the Gulf of Ancud. The presence of several Chinook salmon at sea, but near to their river of origin could be evidence of an incipient developing of homing behavior and geographically structured populations in South America.

In Chile, coastal and estuarine fisheries of salmonids is prohibited by law. This prohibition was developed focusing to avoid the irregular sale of salmonids from farming centers. Moreover, Chinook salmon is a species that is not currently being cultivated in Chile and has structured self-sustainable populations genetically isolated. Based on the foregoing the promotion of a

legal and regulated small-scale fishery Chinook salmon in the Toltén River would be an excellent beginning for the development of plans that integrate conservation and management involving, regulations towards the balance between ecological and social benefits for local fishing communities.

Keywords: naturalized Chinook salmon, mix-stock analysis, illegal fishery, northern Patagonia.



INTRODUCCIÓN

El Salmón Chinook en Chile: origen y problemática

Las truchas y salmones (i.e., salmónidos; familia Salmonidae) son especies endémicas del Hemisferio Norte, sin embargo, actualmente se distribuyen en todos los continentes. Algunas de estas especies han sido catalogadas dentro de las 100 especies más invasoras del mundo (Lowe *et al.* 2000). Una de las especies más conspicuas en ríos desde la IX hasta la XII Región es el Salmón Chinook. Esta especie presenta un ciclo de vida anádromo y reproducción de tipo semélpara (Quinn 2005). Este salmón exótico es nativo del Hemisferio Norte, su distribución en su rango natural comprende la costa del Océano Pacífico de América del Norte desde el sur de California hasta Alaska, y del Noreste de Asia hasta el Norte de Japón (Cadwallader 1996). El Salmón Chinook se encuentra actualmente establecido en al menos 10 cuencas andinas que desembocan en el Océano Pacífico Sur entre los 39°S y 53°S, y a lo menos tres cuencas que desembocan al Océano Atlántico Sur a la altura de los 50°S (Correa & Gross 2008; Riva Rossi *et al.* 2012), encontrándose entre ellos los ríos Prat (Basulto 2003), Futaleufú (Di Prinzio 2001), Petrohué (Soto *et al.* 2006a) y Toltén (Vargas *et al.* 2010), así como también en ríos de la Patagonia Argentina (Becker *et al.* 2007; Ciancio *et al.* 2005; Di Prinzio 2001; Di Prinzio & Pascual 2008). Estudios sobre el origen de las poblaciones de salmón Chinook en América del Sur indican que estos provienen de diversas fuentes de origen, lugares geográficos, entre los que se registran principalmente individuos provenientes desde Puget Sound (Washington, EEUU), Columbia Británica (Canadá) y Central Valley (California, EEUU) (Cañas *et al.* Manuscrito en preparación). El éxito en la colonización de nuevos hábitats se debe a la combinación de distintas dimensiones que caracterizan las invasiones biológicas (Arismendi *et al.* 2014). Las medidas de fomento, manejo o mitigación para la introducción de especies exóticas (dimensión humana) son quizás los factores más importantes frente a este evento ecológico. Estudios revelan que la presión de propágulo es el factor que presenta el mayor porcentaje de explicación en modelos predictivos de éxito de introducción de salmónidos (Colautti 2005; Marchetti *et al.* 2004). La presión de propágulo, entendiéndose como el esfuerzo de introducción

(e.g. número de alevines, eventos de introducción, etc.), corresponde a una variable que depende directamente de las decisiones y acciones tomadas por el gobierno y los grupos de interés frente a casos de invasiones. La historia de las introducciones de Salmón Chinook en Chile se encuentra bien revisada en trabajos de Basulto (2003), Correa & Gross (2008) y Riva Rossi *et al.* (2012). De estas revisiones, cabe destacar que se documentan numerosas introducciones y decisiones políticas que Chile tomó para fomentar la introducción del salmón Chinook—entre otras especies—en aguas continentales. Estas acciones facilitaron el establecimiento de poblaciones de salmón Chinook que actualmente conviven y afectan negativamente a la fauna nativa (Habit *et al.* 2012, 2014; Hamann & Kennedy 2012; Vargas *et al.* 2010), y que a su vez generan beneficios económicos a localidades aledañas a ríos con salmónidos por conceptos de turismo (pesca recreativa) y pesca artesanal (Correa & Gross 2008; Pascual *et al.* 2001, 2002, 2009; Soto *et al.* 2001, 2006a). Desde un punto de vista naturalista, podríamos pensar que la medida “por defecto” a tomar frente a estos casos de introducción, es la de erradicar a la especie exótica y prevenir su ingreso futuro (Myers *et al.* 2000). Pero en el caso de Chile, existe una paradoja socio-ecológica con respecto a los salmónidos. Por un lado, se han documentado impactos ecosistémicos y sobre la biodiversidad nativa de su presencia en aguas continentales chilenas (Arismendi *et al.* 2014; Habit *et al.* 2015; Vargas *et al.* 2010). Por otro, la presencia del salmón Chinook ha suscitado gran interés socioeconómico en los sectores acuícola, pesquero artesanal y turismo (Becker *et al.* 2007; Ciancio *et al.* 2005; Di Prinzio & Pascual 2008; Pascual *et al.* 2009; Soto *et al.* 2001, 2006b, 2007). La presencia de salmón Chinook asilvestrado tanto en Chile como en Argentina es una realidad. Ahora, cabe preguntarse: ¿El salmón Chinook puede ser explotado de forma sustentable?

El Salmón Chinook del Río Toltén: el caso de la pesquería de La Barra y Queule

Actualmente, poco se conoce sobre cómo o desde dónde proviene el salmón Chinook del río Toltén. Relatos de los lugareños indican que podría provenir de una piscicultura que operó en el Río Melipeuco alrededor del año 1995

(Gomez-Uchida *et al.* 2016). Por otra parte, el estudio realizado por Correa & Gross (2008) sugiere que la distribución actual del Salmón Chinook corresponde a un proceso de expansión desde sus puntos de introducción, Lago Popetan, Ríos Santa María y Prat, a principios de los 1980s. Lo que sí sabemos, es que en la Novena Región surge de manera informal una nueva y controversial actividad pesquera de pequeña escala (Gomez-Uchida *et al.* 2016). Esta actividad genera ingresos tanto por conceptos de turismo, como por pesca extractiva de esta especie exótica. Principalmente se desarrollan dos tipos de pesquerías: por un lado tenemos la pesca recreativa (que opera en la parte media y alta del río), que se encuentra legislada; y por otro lado, existe una pesquería artesanal emergente (que opera en la boca del río), que presenta características de pesquería ilegal no reportada y no regulada (Servicio Nacional de Pesca y Acuicultura 2013, 2014). La pesca artesanal de esta especie se lleva a cabo por pescadores artesanales de Nueva Toltén (en el estuario del Río Toltén, sector "La Barra") y Queule (que operan en el área costera). Ambas flotas extraen salmón Chinook como pesca incidental asociada a las pesquerías de robalo y corvina, aunque también existe evidencia de que realizan viajes de pesca para extraer salmón Chinook como especie objetivo (Gomez-Uchida *et al.* 2016). El salmón Chinook capturado en estas zonas es comercializado a través de un mercado informal en las mismas caletas.

La administración de la pesca de salmónidos en Chile está circunscrita al marco de la Ley de Pesca Recreativa N° 20.256 (2008) que regula la extracción de los salmónidos en aguas continentales. Dentro de esta regulación, la extracción de salmónidos anádromos está prohibida por ley. Esta prohibición se debe a que se asume que salmónidos presente en aguas continentales provendrían de centros de cultivos, y por ende, es parte de la producción de alguna empresa acuicultora. Por otra parte, la presencia de salmónidos anádromos semélparos naturalizados en Chile, como el salmón Chinook, está prohibida a pesar de ser una especie que actualmente no es cultivada en nuestro país. Para la extracción de salmón Chinook por medio de pesca recreativa se requiere de un permiso previo (licencia de pesca) otorgado por el Servicio Nacional de Pesca y Acuicultura. Esta licencia otorga a los usuarios una cuota diaria de 3 ejemplares o un peso equivalente a 15

kg por jornada por pescador, aplicándose veda entre el lunes siguiente al primer domingo de mayo y el jueves previo al segundo viernes de noviembre de cada año. La LPR indica que algunas de estas medidas vigentes dependen de cada región. Estas medidas mencionadas cubren sólo una de las dimensiones de la explotación del Salmón Chinook, dejando sin regulación la actividad de pesca artesanal que captura incidentalmente o como objetivo Salmón Chinook.

El escenario pesquero actual de Chile es complejo (Subsecretaría de Pesca y Acuicultura 2015). Muchas pesquerías importantes se encuentran agotadas y sobreexplotadas. Esto ha generado impactos sociales negativos sobre localidades donde la pesca es una importante actividad económica y de subsistencia. En consideración de lo anterior, si queremos aprovechar este recurso pesquero introducido ¿qué aspectos de la biología de esta especie debemos conocer para desarrollar buenas estrategias de manejo en el Río Toltén?

Delimitación de poblaciones para el manejo de salmónidos

El concepto de stock es prominente en la literatura de evaluación y administración de pesquerías (Carvalho & Hauser 1994; Hauser & Carvalho 2008). Por décadas se ha enfatizado la idea de obtener el máximo rendimiento sostenible a partir de un stock, entendiendo como stock a un grupo de individuos de la misma especie que presenta características demográficas comunes (Cadrin *et al.* 2013). La definición de stock ha cambiado en el tiempo, muy ligada a mejoras en las tecnologías disponibles para el estudio de la estructuración espacial y temporal de poblaciones (Cadrin *et al.* 2013). En la actualidad, el uso de herramientas genéticas ha sido una herramienta clave en numerosos trabajos de identificación de stocks (Carvalho & Hauser 1994). Análisis genéticos son capaces de mostrar diferenciación entre grupos de individuos a nivel genotípico, los que generalmente están relacionadas con diferencias a nivel fenotípico (Hauser & Carvalho 2008). La definición genética de stock hace referencia a un grupo de individuos aislados reproductivamente en tiempo y/o espacio. La implementación de principios de genética de poblaciones se ha transformado en una de las herramientas más importantes para la definición de stocks

pesqueros, con repercusiones en el manejo de recursos acuáticos. El desarrollo de las técnicas moleculares y su utilidad en estudios pesqueros se ha acelerado durante los últimos 20 años. Para el caso particular de los salmónidos, su carácter filopátrico (que retornan a desovar a sus ríos de origen) permite la identificación de poblaciones discretas, reproductivamente aisladas unas de otras, con consecuencias directas en su administración (Larkin 1981).

El uso de herramientas moleculares en procesos de evaluación de stock ofrece beneficios para el manejo de recursos pesqueros (Waples *et al.* 2008), ya que poblaciones locales presentan diferencias en número de individuos y productividad incluso a nivel de cuencas de un mismo río (Gomez-Uchida *et al.* 2011). En poblaciones nativas de salmónidos se ha registrado gran variedad de grupos discretos de poblaciones que retornan a distintos ríos a reproducirse, con implicancias para el manejo de las poblaciones (Habicht *et al.* 2007; O'Malley *et al.* 2007). Por otra parte, las pesquerías de salmónidos en altamar operan generalmente sobre una mezcla de poblaciones discretas (provenientes de distintas cuencas) que se agrupan con fines alimenticios (Quinn 2005). La identificación genética de stocks (GSI, por su sigla en inglés) permite asignar dichas mezclas a sus poblaciones reproductivas de origen mediante métodos estadísticos y marcadores moleculares (Milner *et al.* 1985). En el caso del salmón Chinook, Larson *et al.* (2014) recientemente describen la aplicación de decenas de miles de polimorfismos de un único nucleótido para identificar, con gran precisión, poblaciones discretas que habitan el oeste de Alaska.

La composición genética del stock que retorna al Río Toltén es de gran importancia para el manejo de este recurso. El stock retornante puede corresponder a poblaciones discretas que debiesen ser explotadas de forma diferencial. En Sudamérica, pese a que los salmónidos fueron introducidos recientemente, se ha encontrado estructuración espacial en poblaciones de salmón Chinook presentes en cuencas Chilenas (Cañas *et al.* Manuscrito en preparación) y Argentinas (Ciancio *et al.* 2015). Además, existe evidencia de que el Salmón Chinook genera rápidamente aislamiento reproductivo y adaptaciones locales en sitios donde ha sido introducido (Hendry *et al.* 2000; Quinn *et al.* 2001; Suk *et al.* 2012). También existe registro de diferentes

estrategias de historia de vida en poblaciones de salmón Chinook en la Patagonia chilena. Araya *et al.* (2014) reportaron diferencias en el tiempo que tarda el salmón Chinook en migrar desde el río hacia el océano, como se observan dentro del rango nativo de la especie. El salmón Chinook presenta un largo periodo de remonte hacia el Río Toltén, viendo reflejado en peaks de mayor las capturas durante la temporada de pesca (Gomez-Uchida *et al.* 2016). En relación a lo anterior, estos peaks podrían potencialmente tratarse de grupos de individuos genéticamente diferenciados que retornan a distintas zonas del Río Toltén. La cuenca del Río Toltén se divide en dos sectores: la parte alta (Río Allipén), con mayor influencia de aguas cordilleranas, y los sectores aledaños al Lago Villarrica, con presencia de lagos. Se ha reportado la presencia de Salmón Chinook en ambas zonas, las que podrían constituir secciones poblacionales diferenciadas genéticamente debido a aislamiento geográfico. Además, al igual que en el trabajo de Araya *et al.* (2014), en el Río Toltén se encontró evidencia de la presencia de dos diferentes estrategias de historia de vida (ecotipos stream-type y ocean-type) en el salmón Chinook (Gomez-Uchida *et al.* 2016). Por otra parte, el salmón Chinook capturado por las flotas de Queule podría corresponder a una mezcla de stocks, con o sin presencia de salmones pertenecientes al Río Toltén. En datos preliminares obtenidos en estudios realizados por la Gomez-Uchida *et al.* (2016), se encontraron diferencias en cuanto a las tallas de los individuos, su estado reproductivo y en el contenido estomacal. Estos hallazgos preliminares podrían sugerir que los individuos capturados por la flota de Queule podrían ser adultos inmaduros, cuyas diferencias se deben a procesos ontogenéticos comunes de la especie (Duffy *et al.* 2010; Quinn 2005), perteneciente a la población que retorna al río Toltén. En el caso de que los salmones capturados en el estuario del Río Toltén y en la zona costera adyacente al Río Toltén sean genéticamente diferentes de otras poblaciones en el rango de distribución Sudamericano de la especie, se podría utilizar esta información para delimitar el o los stocks de salmón Chinook en el Río Toltén e implementar medidas de administración sobre este recurso exótico.

En base a la información expuesta anteriormente y tomando en cuenta el curso que está tomando la presencia del salmón Chinook en Chile, particularmente en la cuenca del Río Toltén, es relevante proporcionar

información sobre la pesquería de esta especie en la zona. La presente tesis pretende aportar con estudios genéticos que ayuden a comprender la estructura poblacional de esta especie en esta importante cuenca de la Novena Región.



OBJETIVOS

Objetivo general

Caracterizar el *stock* de salmón Chinook asilvestrado en la cuenca del Toltén y área costera adyacente usando análisis genéticos.

Objetivos específicos

- 1) Evaluar la existencia de aislamiento reproductivo y estructura genética usando un panel de 192 polimorfismos de único nucleótido.
- 2) Evaluar la procedencia y establecer el patrón de migración oceánico del salmón Chinook basado en muestras de pesquerías costeras.



HIPÓTESIS

H1: Debido a la alta variabilidad en rasgos de historia de vida que presenta el salmón Chinook del Río Toltén (Retornantes tempranos y tardíos; presencia de ecotipos "*stream*"- y "*ocean*"-*type*), individuos adultos muestreados durante el remonte corresponderán a una mezcla de poblaciones (número poblacional > 1).

H2: Algunas poblaciones de salmón Chinook en su distribución nativa se alimentan usualmente en áreas costeras cercanas a sus ríos de origen. Por lo anterior, individuos inmaduros que se encuentran en zonas costeras cercanas al Río Toltén pertenecen al mismo stock genético que los individuos capturados en la zona estuarina, mostrando un comportamiento filopátrico en su rango introducido.



CAPÍTULO I

Mixed-stock analysis of an emerging illegal fishery supported by a naturalized Chinook salmon population in South America



Mixed-stock analysis of an emerging illegal fishery supported by a naturalized Chinook salmon population in South America

Análisis genético de stock en una pesquería ilegal emergente de sustentada por poblaciones de Salmón Chinook naturalizado en América del Sur

Selim S. Musleh^{1*}, Diego Cañas¹ & Daniel Gomez-Uchida³

¹ Master of Science program in Fisheries, Faculty of Natural Sciences and Oceanography, P.O. Box 160-C, Concepción, Chile.

² Department of Zoology, Universidad de Concepción, P.O. Box 160- C Concepción, Chile

*Selim S. Musleh; smusleh@udec.cl

submitted to Gayana



Abstract

Private and government-sponsored initiatives introduced Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) throughout Patagonia in South America, priming the emergence of Chinook salmon populations in several watersheds. Recently, a small-scale illegal commercial fishery has emerged in the estuary of Toltén River and adjacent coastal area. However, little is known about the behavior of migratory, naturalized Chinook salmon populations that breed in freshwater but feed at sea. In this paper two goals were proposed: (i) characterize the genetic structure of Chinook Salmon returning to the estuary of Toltén River and (ii) identify donor populations of Chinook salmon mixtures caught at sea in two locations, a coastal fishery off Toltén River and a deep sea fishery located in the Gulf of Ancud to elucidate migration patterns and the oceanic behavior of Chinook salmon in Chile. Chinook from the Toltén River estuary (returning adults) and Queule (coastal) fisheries (immature adults) caught between December 2014 and March 2015 were genotyped through 170 SNPs. Samples from the estuary and coastal fisheries were genetically homogeneous and appeared reproductively isolated from other Pacific and Atlantic stocks of Chinook salmon located further south. Mixed-stock analyses revealed that most adults caught in the estuary and coastal zones likely originated from spawners from Toltén River, with little contribution of putative immigrants from other watersheds. This is consistent with the biology of Chinook salmon in its native range and was also found in Chinook salmon from the Gulf of Ancud, where adults feed on coastal areas near their river of origin.

Keywords: naturalized Chinook salmon, mix-stock analysis, illegal fishery.

Resumen

Iniciativas privadas y patrocinadas por el gobierno introdujeron al Salmón Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*) en la Patagonia norte y el sur de Sudamérica, facilitando la aparición de abundantes poblaciones en múltiples cuencas. Recientemente, una emergente pesquería ilegal de pequeña escala se desarrolla en estuario del Río Toltén y zonas costeras adyacentes. Poco se sabe del comportamiento migratorio en poblaciones naturalizadas de salmón Chinook, que se alimentan en el mar y reproducen en agua dulce. El presente trabajo se propuso: (i) caracterizar la estructura genética del salmón Chinook retornante al Río Toltén e (ii) identificar las poblaciones de origen de individuos capturados en altamar, usando ejemplares de pesquerías costeras frente al Río Toltén y ubicada en el Golfo de Ancud, para dilucidar patrones migratorios y comportamiento oceánico del salmón Chinook en Chile. Se tipificaron para 170 SNPs individuos capturados en el estuario del Río Toltén y por la pesquería de Queule entre diciembre 2014 y marzo el año 2015. Las muestras de la zona estuarina y costera resultaron ser genéticamente homogénea y reproductivamente aisladas de otras poblaciones de salmón Chinook del Pacífico y Atlántico. Los análisis de stocks mixtos revelaron que la mayoría de las capturas en las zonas costeras y estuarinas corresponden a individuos del Río Toltén, con baja presencia de inmigrantes de otras cuencas. Consistentemente este patrón fue observado en Salmón Chinook del Golfo de Ancud. Esto es consistente con poblaciones de salmón Chinook en su rango nativo, donde adultos se alimentan en zonas cercanas a sus ríos de origen.

Palabras claves: Salmón Chinook naturalizado, análisis genético de stock, pesquería ilegal.

Introduction

Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) is an anadromous species native to the Northern Hemisphere and widely distributed in the North Pacific Ocean (Cadwallader 1996). It is also an important resource for recreational, tribal and commercial fisheries and one of the most valuable Pacific salmon species in North America. These promoted introductions of Chinook salmon to the Southern Hemisphere started in 1875 in New Zealand, motivated by

the government to establish commercial and recreational fisheries (McDowall 1994). Currently New Zealand populations sustain a highly prized recreational Chinook salmon fishery, but adult returns may not be high enough to support commercial fishing (NIWA 2013). Chinook salmon introductions in Chile started during 1886 and in Argentina during 1904–1910 in order to promote recreational and commercial fishing as well as farming (Basulto 2003; Becker *et al.* 2007; Correa & Gross 2008; Pascual *et al.* 2001). Following decades of subsequent transplants, self-sustainable populations of Chinook salmon in the Southern Hemisphere can be found in watersheds draining to both the Pacific and Atlantic oceans (Ciancio *et al.* 2005; Correa & Gross 2008; Di Prinzio & Pascual 2008; Fernández *et al.* 2010; Quinn & Unwin 1993).

The presence of Chinook salmon in many of Chilean watersheds has fostered, allowed recreational fisheries to flourish during in the last 20 years, an activity that is legal and regulated (Law of recreational fishing No. 20256). However, unregulated commercial (artisanal) fisheries have been recently emerging at estuarine and coastal zones (Servicio Nacional de Pesca y Acuicultura 2013, 2014; Gomez-Uchida *et al.* 2016), as Soto *et al.* (2007); Soto *et al.* (2001) and Correa & Gross (2008) suggested would occur. Commercial fishing of Chinook salmon in Chile can be considered illegal, unreported and unregulated (Illegal unreported and unregulated, IUU: FAO 2014), because the Chilean Law only allows marketing of aquaculture-derived salmon and trout products. IUU fishing has global as well as domestic importance by directly threatening the sustainability of living aquatic resources and their societal benefits; however, IUU fishing has traditionally involved extraction of native resources, with limited or no examples involving non-native species.

We visualize two opposing views regarding the commercial exploitation of Chinook salmon in Chile. The first one, mostly represented by environmentalists, aims at eradicating Chinook salmon given its category of invasive species and documented impacts on native fishes (Ibarra *et al.* 2011; Soto *et al.* 2007; Vargas *et al.* 2015; Vargas *et al.* 2010). The second one, mostly represented by fishery biologists (Gomez-Uchida *et al.* 2016), aims at taking advantage of this resource in Chile by managing its exploitation at watershed scale, as implemented in the Northern Hemisphere (Puget Sound

Indian Tribes & Washington Department of Fish and Wildlife 2010a, 2010b; Warheit *et al.* 2013). Eradication of a non-native species may not be a viable option as there is no evidence supporting its success (Myers *et al.* 2000). Chinook salmon has the potential to support valuable small scale fisheries that must rest on robust ecological and genetic information. A recent initiative funded by the government allowed estimating the number of returning adults in tens of thousands to the estuary of the Tolten River in the Araucania Region (Gomez-Uchida *et al.* 2016) by combining catch data and hydroacoustic counts of returning adult salmon. However, other relevant questions remain unanswered: *what is the genetic population structure within a single, large watershed? What is the genetic composition of coastal fishery mixtures that report incidental catch of Chinook salmon? Can we use molecular markers and statistical genetics to infer migration patterns between watersheds?*

Life-history variation among Chinook salmon in its native distribution has important consequences on the distribution of genetic diversity between and within watersheds (Waples *et al.* 2001). Different ecotypes of Chinook salmon—stream-type that resides in freshwater for a year or more before migrating to sea, and ocean-type, that migrates to sea before a year—may coexist within the same population. Stream-type Chinook may also migrate earlier than ocean-type Chinook for spawning (Quinn 2005). Ecotypes will enhance intra-population variability in life histories and demographic patterns (Healey 1991). Both ecotypes may also be reproductively isolated, and recognizing genetic population structure and population diversity is a key factor for a successful management and conservation (Waples *et al.* 2001). Araya *et al.* (2014) recently described stream- and ocean-type ecotypes of Chinook salmon in a Patagonian watershed using growth analysis from scales and otolith microchemistry; similarly, both ecotypes were also described for Chinook salmon in Toltén River (Gomez-Uchida *et al.* 2016). Whether this variation in life history contributes to genetic diversity and population structure remains to be tested.

Molecular markers have been widely used as tools to delimit salmon populations (Hauser & Seeb 2008; Seeb *et al.* 2011; Utter & Ryman 1993). Using genetic stock identification (GSI), researchers are capable of identifying the donor populations of any individual salmon if the donor population is

represented in the baseline of reference populations. The method may also contribute to understand the spatial structure of marine metapopulations and relevance for conservation and management (Cadrin *et al.* 2013; Carvalho & Hauser 1994). Further, the homing behavior of Chinook salmon promotes local adaptation and the evolution of genetically isolated populations (Larson *et al.* 2014a; Neville *et al.* 2006; Shaklee *et al.* 1999). GSI has been widely used in salmon management for (i) monitoring demographic patterns, (ii) estimating stock composition of returning adults (Hess *et al.* 2014), and (iii) studying the colonization history of introduced populations (Cañas *et al.* Manuscript in preparation; Di Prinzio *et al.* 2015). Researchers use GSI to apply in-season regulations in order to avoid depletion of local populations, helping to preserve self-sustainable and genetically isolated salmon lineages (Ackerman *et al.* 2011; Larson *et al.* 2014a; Larson *et al.* 2014b; Warheit *et al.* 2013).

We used the Toltén River Chinook Salmon as a case study of an emerging commercial IUU fishery supported by a non-native species. It is a small-scale artisanal fishery located in the estuary of Toltén River and its adjacent coastal area (Fig 1). This naturalized population likely originated from an intentional release during the mid-1990s, when a hatchery located in the Allipén River (upper basin) released its stock after declaring bankruptcy (Gomez-Uchida *et al.* 2016). Currently, a small village of fishers have been catching Chinook salmon during the last decade in the estuarine zone (mature adults that return at summer-fall season) of Toltén River as well as the coastal zone (immature adults). Furthermore, the upper Toltén River is known for being an excellent spot for recreational fishing, also used by poachers that trade salmon eggs in black markets. Adult Toltén River Chinook salmon may be subjected to high fishing mortality, raising concerns about the sustainability of this emerging IUU fishery. To contribute to understand the biology of this stock, two goals were proposed: (i) characterize the genetic structure of Chinook Salmon returning to the estuary of Toltén River and (ii) identify donor populations of Chinook salmon mixtures caught at sea in two locations, a coastal fishery off Toltén River and a deep sea fishery located in the Gulf of Ancud (Chiloe Island) to elucidate migration patterns and the oceanic behavior of Chinook salmon in Chile. To achieve these goals, we obtained multilocus genotypes from 192 single nucleotide polymorphisms (SNPs)

previously ascertained for naturalized south American populations (Cañas *et al.* Manuscript in preparation) and employed statistical genetics methods to characterize genetic structure and assign individuals to donor or source populations. We used two different approaches to test these hypotheses. Firstly, clustering analyses were used to characterize the genetic structure among estuarine and coastal samples. Secondly, we used a baseline with eight Chinook salmon collections, previously developed by Cañas *et al.* (Manuscript in preparation) representing four genetic regions or reporting groups. We then used the baseline to find the most probable donor populations for samples collected at sea.

Study Area

Toltén River estuary and adjacent coastal areas

The Tolten River in the Araucanía District (IX Region; FIGURES

Figure 1a) supports one of the largest Chinook salmon populations in Chile; during the austral summer 2014-2015 nearly 12,000 adults returned to the estuary of Toltén River (Gomez-Uchida *et al.* 2016). The number of effective breeders is higher for this population than other isolated populations in South America (Cañas *et al.* Manuscript in preparation). The entire basin has an extension of 123 km of and a surface of 7,886 km² and comprises four lakes and multiple rivers that run from the Andean range to the Pacific in the estuary of La Barra (Fig. 1a). Rivers near the Andean range provide high-quality habitat for spawning (Gomez-Uchida *et al.* 2016). At the estuarine zone, the height above sea level is around 0-100 m but at the higher streams are 1,500 or 2,000 m above the sea level.

The coastal area off the Toltén River estuary is highly productive and harbors a large population of common sardine (Gomez *et al.* 2012). This specie is an important prey item for immature Chinook salmon (Gomez-Uchida *et al.* 2016)

Gulf of Ancud

The Gulf of Ancud in the Lake District (X Region) is found within the so-called Inner Sea of Chiloé (FIGURES

Figure 1b). This area consists of four micro-basins interconnected through narrow passes between islands. The Gulf of Ancud has been described as a spawning and nursery area, showing high density of eggs and larvae of several native fishes (Bustos *et al.* 2008). Thus, the Gulf of Ancud may be a suitable feeding area for juvenile and adult Chinook salmon. A deep sea southern hake and kingclip longline fishery is located in a northern area of the gulf, which incidentally catches Chinook salmon during the austral summer.



Materials and Methods

Data collection

Chinook salmon from Toltén River were collected by sampling the catch. Fishermen use three mesh size (5", 6" and 7") of gillnets. Two main sites were sampled in Tolten River: estuarine (n= 121) and coastal (n= 53) zones (Fig. 1a). The estuarine fishing fleet (La Barra) catches mature returning spawners in their way to upper Toltén River tributaries, and the coastal fishing fleet (Queule) catches mostly immature and smaller Chinook than La Barra (Gomez-Uchida *et al.* 2016). In order to sample a large proportion of the genetic variability of the Chinook Salmon summer run, samples from the estuarine zone were taken every two weeks between end of December (2014) and February (2015) (Table1). Coastal samples were collected in January 2015 from Queule's fishing fleet, which operated off Toltén River (Table 1). Additional at-sea samples were collected in the Gulf of Ancud (n= 42) during 2012/13 austral summer. Samples were caught as bycatch of the southern hake (*Merluccius australis*) fishery operating from the port of Calbuco. Each individual was scaled, weighed and a fin clips of 25–100 mm² were taken from the auxillary processes and preserved in ethanol 95% for subsequent genetic analyses.

SNP genotyping and database

Genomic DNA was isolated from fin clips using a Macherey-Neigel Kit following instructions from the manufacturer. We used two panels of 96 polymorphic SNPs, which were originally ascertained from several populations spanning the native range of Chinook salmon. Multiplex PCR was carried out using Fluidigm® 96.96 dynamic array chips following established pre-amplification and multiplex PCR protocols (Seeb *et al.* 2009; Smith *et al.* 2011). The dataset of the Chilean populations of Chinook salmon previously developed in Cañas (2014) were generated using the same SNP loci and protocols. The dataset includes genetic information from six South Pacific and two South Atlantic Chinook salmon sampling sites clustered into populations, which were used as donor populations of our estuary and coastal samples (i.e., Reporting Groups).

SNP Selection

The datasets obtained in this study and from Cañas (2014) were trimmed, removing low quality genotypes (loci with more than 20% of missing data). In order to achieve the genetics assumptions for natural populations, loci that presented deviations from Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) and linkage-disequilibrium (LD: non-random association of alleles between loci) were detected using GENEPOP software (Rousset 2008) and later removed from further analysis.

Individual-based inference of genetic structure

We used two methods to elucidate the population structure of Toltén River population, using estuarine and coastal samples. The first method used was a genetic Bayesian clustering based on minimization of HWE-LD departures, implemented in STRUCTURE software (Pritchard *et al.* 2000). Two assumptions were made: samples may be the result of admixture between two or three parental populations and inferred genetic clusters present no significant departures from HWE and LD. We run this method, testing the probability that the samples from estuary and coastal fisheries belong to one, two or three different demes (number of demes = K values). For each K value, 10 independent iterations were run, using the admixture model with a burn-in period of 20,000 and 250,000 Markov Chain Monte Carlo step after the burn-in. We estimated the “consensus” coefficients of individual membership (Q-values) within K values using CLUMMP software to avoid label switching artifacts and multimodality among independent runs (Jakobsson & Rosenberg 2007).

The second method used was a discriminant analysis of principal components (DAPC) (Jombart 2008; Jombart *et al.* 2010). This multivariate method uses a combination of principal component analysis and discriminant analysis to cluster individuals to maximize their genetic proximity using the k-mean algorithm. The advantage of this method is that it uses no genetic assumptions of HWE or LD in its clustering process, and thus provides more realistic results for introduced Chinook salmon populations that have been artificially mixed. DAPC was

performed in R software (R Core Team 2016) using the *adegenet* package (Jombart 2008; Jombart & Ahmed 2011). For the DAPC, we used the first 150 principal components and two discriminant components. The number of genetic clusters was estimated using the Bayesian Information Criterion.

Mix Stock Identification on coastal samples

We used sampled mixtures at sea from coastal Chinook salmon fisheries off Toltén River (n=56) and Gulf of Ancud (n=43) to assign individuals to their potential donor populations in freshwater. In order to do that, we used ONCOR (Anderson *et al.* 2008), a software that employs conditional maximum likelihood to estimate the potential contribution from different donor stocks to a mixed-stock-sample. The ONCOR algorithm is used to estimate mixture proportions probability, and iterations continue until the total change of mixture proportions probability from one iteration to the next (summed across all stocks) is less than 10^{-6} (Anderson *et al.* 2008). As potentially source populations (Reporting Groups) for our coastal samples, we used a genetic database of Chinook salmon of eight watersheds from Chile and Argentina described in Cañas *et al.* (Manuscript in preparation). First, we evaluated the robustness of the database from Cañas *et al.* (Manuscript in preparation) by assigning genotypes to its Reporting Group. Baseline genotypes were bootstrapped by resampling alleles from baseline samples using the method of Rannala and Mountain implemented in ONCOR software (Anderson *et al.* 2008), over 100 simulations (number of mixtures samples for each stock) for a sample size of 200 individuals. In a preliminary ONCOR analysis, individuals from Prat River exhibit highly mixed genotypes (data not shown), an unsuitable feature to be used as a reporting group and therefore removed from further analyses. We performed a DAPC clustering of the nine watersheds to the correct number of demes to be used as Reporting Groups. Second, we performed a leave-one-out simulation to estimate the probability/fidelity of self-assignment of the Cañas *et al.* (Manuscript in preparation) samples to its own reporting group. Third, we used this database as a baseline to identify donor populations for our two coastal samples for Chinook salmon separately.

Results

SNP Selection

A 192 SNP database was amplified in this study for 192 samples. Twenty individual genotypes were removed from our dataset due to low quality amplification (>80% informative Loci). Four pair of loci were in departure for Linkage-Equilibrium (LD: non-random association of alleles between loci), the less informative locus were removed from each linkage group for further analyses. Our dataset present 95% of polymorphic loci. The Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE) test revealed that 18 loci had consistently significant departures from the neutral expectations of the test for our both datasets (new samples and baseline populations). The departures from HWE could be driven by nine loci were monomorphic in more than 90% in both datasets. Finally, 170 SNPs and 504 individuals were kept for further.

Individual-based inference of genetic structure

Both, Bayesian clustering (Figure 2) and DAPC (Figure 3) methods, found no evidence for genetic structure among Chinook salmon (1) returning mature adults caught at Tolten River estuary, (2) immature adults caught at sea. We also found no genetic differentiation between Chinook salmon caught at the estuary and at sea. The coefficients of individual membership for STRUCTURE analysis or software (Fig. 2) were relatively symmetric for two and three clusters, supporting the hypothesis that estuarine and coastal samples belong to the same population. The DAPC clustering (Fig. 3) showed a small cluster (15 individuals) differentiated by the x-axis. This group corresponded to individuals with less genotype information than the rest (among 10% to 17% missing data), possibly due to low quality DNA. Furthermore, coastal and estuarine samples were well mixed and showed no significant differences.

Mix Stock Identification on coastal samples: Testing for reporting groups

The DAPC analysis on Cañas *et al.* (Manuscript in preparation) dataset showed four strongly genetically isolated clusters (Figure 4a), thus qualifying to be used as reporting group. Leave-one-out simulations (Figure 4b) showed 100% of confidence for all Chilean reporting groups and above 80% for the Argentinean reporting groups.

Identifying donor populations for coastal samples

ONCOR analysis assigned the highest proportion of Chinook salmon caught at sea off Toltén River and at Gulf of Ancud to Reporting Groups found in the nearest river. Most of the Chinook salmon caught by Queule fleet was assigned to the Toltén River (Figure 5) (RED reporting group), with scarce presence of individuals from Petrohue (BLUE reporting group) and Cobarde Rivers (GREEN reporting group). Most of the Chinook salmon caught at the Gulf of Ancud (Figure 6) was assigned to Petrohue River (BLUE Reporting Group), with low presence of individuals from Cobarde River, located further south in the Aysen Region (GREEN Reporting Group).

Discussion

Genetic patterns of South America Chinook Salmon: a baseline of Reporting Groups for fishery applications

Cañas *et al.* (Manuscript in preparation) demonstrated that introduced Chinook salmon in South America can be grouped in genetically isolated populations. Here we provide evidence that the Chilean population of Chinook salmon can be grouped and used as reporting group. The robustness of the assignment was supported by the DAPC clusters (Fig. 4a) and high probability values of self-assignment in the ONCOR 100% simulations test of the baseline (Fig. 4b), enabling accurate identification of the origin of individual salmon in South America. The genetic pattern in South American Chinook salmon likely reflects a combination of introductions of genetically discrete populations and an absence of coast wide dispersal among introduced Chinook groups; it may reflect a high fidelity to natal watersheds, even in a foreign environment. The phylopatric

behavior of salmonids promotes rapid local adaptation and genetically isolated populations (Fraser *et al.* 2011). Furthermore, evidence for low straying rates contrasts with the stepping stone model suggested by Correa & Gross (2008) to explain the colonization process for Chinook salmon in Chile. In general, our data support the patterns previously found by Riva Rossi *et al.* (2012), using mitochondrial DNA, and Cañas *et al.* (Manuscript in preparation), using SNPs, suggesting that Chinook salmon in South America has been introduced separately at several streams and developed local naturalized populations.

Individual-based inference of genetic structure

Clustering methods were used to identify genetic structure on Chinook salmon caught at estuarine and costal zones nearby to the Toltén River. Two different approaches (with and without Hardy-Weinberg and Linkage Equilibrium assumptions) showed no significant genetic structure among dates or fishing zones. This self-sustained Chinook salmon population has probably reached seven generations in the Toltén River (Gomez-Uchida *et al.* 2016). Despite the fact salmonids can rapidly diverge and develop local adaptations (Ackerman *et al.* 2012; Fraser *et al.* 2011; Hendry *et al.* 2000; Primmer 2011), Chinook salmon populations from Toltén River may not had enough time to evolve in isolated demes within the river yet. Populations of Chinook salmon from New Zealand shown genetic structure as well as phenotypic variation among rivers (Kinnison *et al.* 1998). In New Zealand this pattern emerged from a combination of short-term evolutionary processes and plasticity driven by habitat contributions 90 years after Chinook salmon was introduced (Kinnison *et al.* 2008). The introduction date for the Toltén River Chinook Salmon population may be around 30 years ago. South Pacific populations of Chinook salmon may still be facing short-term neutral and adaptive evolutionary process that we need to monitoring for management purposes.

Mix Stock Identification on coastal samples

Four genetic clusters were found among Chinook salmon populations from South American, as was previously described by Cañas *et al.* (Manuscript in

preparation). This clustering pattern could be the result of two processes: (i) the strong genetic signature of the donor population (historical signature) that is still measurable; and (ii) contemporary changes driven by founder effect (contemporary process). This clear difference among clusters allows us to effectively use the Chilean Chinook baseline to estimate the donor populations on our coastal samples. One consideration has to be done, our baseline has no data from the rivers Valdivia and Bueno. Unsuccessful efforts were made to introduce Chinook salmon those rivers between 1969 and 1970 (Correa & Gross 2008), and there are no records of legal further introductions (Niklitschek & Toledo 2008). Chinook salmon were reported recently in these rivers, the lack of records of successful introduction suggest that these populations were originated by migration of fish from northern (e.g., Toltén River) and southern populations of Chinook salmon (e.g., Petrohue River). Thus, we assumed there is no lack of reporting groups in our database, but we will update this analysis as add samples become available from these locations in future studies.

The baseline was analyzed and it is statistically robust to be used for finding the source populations for the coastal samples of Chinook salmon. Our mixed stock identification analysis showed that the coastal samples present strong genetic relationships with the geographically nearest self-sustained Chinook salmon population of Toltén River and Ancud Gulf. Biological information was available for coastal Chinook salmon samples off Toltén River, showing a clear immature status of adults. This may indicates that immature Chinook salmon may feed close to the coast and near to their rivers of origin; it also suggests low straying rates. This ontogenetic dynamics of marine environment occupancy matches with patterns previously described for its native distribution for fall-Chinook stocks (Bellinger *et al.* 2015; Healey 1983; Hinke *et al.* 2005). Also, this pattern of resident adults Chinook salmon near to their rivers of origin could be evidence of the first stages of homing behavior, a fundamental life history trait to develop genetic structured population and local adaptations.

Life history traits and genetic structure can vary over time within a population. This variation could be particularly considerable conspicuous at early stages of

salmonid colonization. Populations of Chinook salmon in Chile may well be still expanding (Correa & Gross 2008; Riva Rossi *et al.* 2012), thus its genetic structure—and other phenotypic traits as well—may be unstable. We strongly suggest that Chinook salmon, and the rest of introduced salmonids, need to be genetically monitored to develop efficient management measures during the introduction or naturalization process. The Tolten River Chinook Salmon showed no genetic structure, but this pattern could change in the future. To understand the evolution of Chinook salmon introduction, we must implement long term projects oriented towards tracking changes in size and genetic structure of these non-native species and develop an integrative framework and regulations that promote a consensus over ecological and societal benefits.



Acknowledgements

We are indebted to Cristian Canales, Pablo Rivara, Juan Vilches, Diego Cañas and Mauricio Cañas for their substantial contribution to sample collections and for making fieldwork so gratifying. Our appreciation goes to the fishermen from La Barra and Quele who lead fishing organizations that supported this initiative. Carita Pascal performed all laboratory analyses, including SNP genotyping, allele scoring and database management. This research was supported by Chile's government grants, FONDECYT 1130807 and FIP 2014-87 and CONICYT Scholarship.



References

ACKERMAN, M.W., HABICHT, C. & SEEB, L.W. 2011. Single-Nucleotide Polymorphisms (SNPs) under Diversifying Selection Provide Increased Accuracy and Precision in Mixed-Stock Analyses of Sockeye Salmon from the Copper River, Alaska. *Transactions of the American Fisheries Society* 140(3): 865-881.

ACKERMAN, M.W., TEMPLIN, W.D., SEEB, J.E. & SEEB, L.W. 2012. Landscape heterogeneity and local adaptation define the spatial genetic structure of Pacific salmon in a pristine environment. *Conservation Genetics* 14(2): 483-498.

ANDERSON, E.C., WAPLES, R.S. & KALINOWSKI, S.T. 2008. An improved method for predicting the accuracy of genetic stock identification. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 65(7): 1475-1486.

BASULTO, S. 2003. El largo viaje de los salmones. Una crónica olvidada. Propagación y cultivo de especies acuáticas en Chile. Maval Ltd, Santiago, Chile. 299 pp.

BECKER, L.a., PASCUAL, M.a. & BASSO, N.G. 2007. Colonization of the southern Patagonia ocean by exotic Chinook salmon. *Conservation Biology* 21(5): 1347-1352.

BELLINGER, M.R., BANKS, M.A., BATES, S.J., CRANDALL, E.D., GARZA, J.C., SYLVIA, G. & LAWSON, P.W. 2015. Geo-Referenced, Abundance Calibrated Ocean Distribution of Chinook Salmon *Oncorhynchus tshawytscha* Stocks across the West Coast of North America. *PLoS ONE* 10(7): e0131276.

BUSTOS, C.A., LANDAETA, M.F. & BALBONTÍN, F. 2008. Efectos ambientales sobre la variabilidad espacial del ictioplancton de Chile austral durante noviembre de 2005. *Revista Chilena de Historia Natural* 81: 205-219.

CADRIN, S.X., KERR, L.A. & MARIANI, S. 2013. Stock identification methods: applications in fishery science. Elsevier Academic Press. Amsterdam, Netherlands. 397 pp.

CADWALLADER, P.L. 1996. Overview of the impacts of introduced salmonids on Australian native fauna. Prepared for the Australian Nature Conservation Agency. Canberra, Australia. 68pp.

CAÑAS, D. 2014. Thesis: 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. Departamento de Oceanografía. Universidad de Concepcion, 41pp.

CAÑAS, D., MUSLEH, S. & GOMEZ-UCHIDA, D. Manuscript in preparation. Understanding the Colonization History of Chinook Salmon in Patagonia Using Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs): Gauging the Effects of Artificial Vs. Natural Propagation.

CARVALHO, G.R. & HAUSER, L. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 4(3): 326-350.

CIANCIO, J.E., PASCUAL, M.a., LANCELOTTI, J., ROSSI, C.M.R. & BOTTO, F. 2005. Natural colonization and establishment of a chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*, population in the Santa Cruz River, an Atlantic basin of Patagonia. *Environmental Biology of Fishes* 74(2): 219-227.

CORREA, C. & GROSS, M.R. 2008. Chinook salmon invade southern South America. *Biological Invasions* 10(5): 615-639.

DI PRINZIO, C.Y. & PASCUAL, M.a. 2008. The establishment of exotic Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in Pacific rivers of Chubut, Patagonia, Argentina. *Annales de Limnologie - International Journal of Limnology* 44(1): 25-32.

DI PRINZIO, C.Y., ROSSI, C.R., CIANCIO, J., GARZA, J.C. & CASAUX, R. 2015. Disentangling the contributions of ocean ranching and net-pen aquaculture in the successful establishment of Chinook salmon in a Patagonian basin. *Environmental Biology of Fishes* 98(9): 1987-1997.

FAO. 2014. El estado mundial de la pesca y la acuicultura. Roma. 18 pp.

FERNÁNDEZ, D.A., CIANCIO, J., CEBALLOS, S.G., RIVA-ROSSI, C. & PASCUAL, M.A. 2010. Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*, Walbaum 1792) in the Beagle Channel, Tierra del Fuego: the onset of an invasion. *Biological Invasions* 12(9): 2991-2997.

FRASER, D.J., WEIR, L.K., BERNATCHEZ, L., HANSEN, M.M. & TAYLOR, E.B. 2011. Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: review and meta-analysis. *Heredity* 106(3): 404-420.

GOMEZ, F., MONTECINOS, A., HORMAZABAL, S., CUBILLOS, L.A., CORREA-RAMIREZ, M. & CHAVEZ, F.P. 2012. Impact of spring upwelling variability off southern-central Chile on common sardine (*Strangomera bentincki*) recruitment. *Fisheries Oceanography* 21(6): 405-414.

HAUSER, L. & SEEB, J.E. 2008. Advances in molecular technology and their impact on fisheries genetics. *Fish and Fisheries* 9(4): 473-486.

HEALEY, M. 1983. Coastwide distribution and ocean migration patterns of stream-and ocean-type Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. *Canadian Field-Naturalist* 97(4): 427-433.

HEALEY, M. 1991. Life history of chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). En: *Pacific salmon life histories* (Eds. Groot, C. & Margolis, L.), pp. 311-394. UBC press, Vancouver, Canada.

HENDRY, A.P., WENBURG, J.K., BENTZEN, P., VOLK, E.C. & QUINN, T.P. 2000. Rapid Evolution of Reproductive Isolation in the Wild: Evidence from Introduced Salmon. *Science* 290(5491): 516-518.

HESS, J.E., WHITEAKER, J.M., FRYER, J.K. & NARUM, S.R. 2014. Monitoring Stock-Specific Abundance, Run Timing, and Straying of Chinook Salmon in the Columbia River Using Genetic Stock Identification (GSI). *North American Journal of Fisheries Management* 34(1): 184-201.

HINKE, J.T., WATTERS, G.M., BOEHLERT, G.W. & ZEDONIS, P. 2005. Ocean habitat use in autumn by Chinook salmon in coastal waters of Oregon and California. *Marine Ecology Progress Series* 285: 181-192.

IBARRA, J., HABIT, E., BARRA, R. & SOLÍS, K. 2011. Juveniles de salmón chinook (*Oncorhynchus tshawytscha* Walbaum, 1792) en ríos y lagos de la patagonia chilena. *Gayana (Concepción)* 75(1): 17-25.

JAKOBSSON, M. & ROSENBERG, N.A. 2007. CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23(14): 1801-1806.

JOMBART, T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24(11): 1403-1405.

JOMBART, T. & AHMED, I. 2011. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*: 27(21): 3070-3071

JOMBART, T., DEVILLARD, S. & BALLOUX, F. 2010. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 11(1): 94.

KINNISON, M., UNWIN, M., BOUSTEAD, N. & QUINN, T. 1998. Population-specific variation in body dimensions of adult chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) from New Zealand and their source population, 90 years after introduction. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 55(3): 554-563.

KINNISON, M.T., UNWIN, M.J. & QUINN, T.P. 2008. Eco-evolutionary vs. habitat contributions to invasion in salmon: experimental evaluation in the wild. *Molecular Ecology* 17(1): 405-414.

LARSON, W.A., SEEB, J.E., PASCAL, C.E., TEMPLIN, W.D. & SEEB, L.W. 2014a. Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) identified through genotyping-by-sequencing improve genetic stock identification of Chinook salmon

(*Oncorhynchus tshawytscha*) from western Alaska. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 71(5): 698-708.

LARSON, W.A., SEEB, L.W., EVERETT, M.V., WAPLES, R.K., TEMPLIN, W.D. & SEEB, J.E. 2014b. Genotyping by sequencing resolves shallow population structure to inform conservation of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). Evolutionary Applications 7(3): 355-369.

MCDOWALL, R.M. 1994. The origins of New Zealand's Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. Marine Fisheries Review 56(1): 1-7.

MYERS, J.H., SIMBERLOFF, D., KURIS, A.M. & CAREY, J.R. 2000. Eradication revisited: Dealing with exotic species. Trends in Ecology and Evolution 15(8): 316-320.

NIKLITSCHKEK, E.J. & TOLEDO, P. 2008. Evaluación cuantitativa de estado trófico de salmónidos de vida libre en el fiordo de Aysén, XI región. Informe final proyecto FIP 2008-30. Universidad Austral de Chile. 240 pp.

NEVILLE, H.M., ISAAK, D.J., DUNHAM, J.B., THUROW, R.F. & RIEMAN, B.E. 2006. Fine-scale natal homing and localized movement as shaped by sex and spawning habitat in Chinook salmon: insights from spatial autocorrelation analysis of individual genotypes. Molecular Ecology 15(14): 4589-4602.

NIWA TAIHOTO NUKURANGI. 2013. NIWA Taihoto Nukurangi: Chinook Salmon. Published in www.niwa.co.nz, April 16 2013.

PASCUAL, M., BENTZEN, P., RIVA ROSSI, C., MACKEY, G., KINNISON, M.T. & WALKER, R. 2001. First Documented Case of Anadromy in a Population of Introduced Rainbow Trout in Patagonia, Argentina. Transactions of the American Fisheries Society 130(1): 53-67.

PRIMMER, C.R. 2011. Genetics of local adaptation in salmonid fishes. Heredity 106(3): 401-403.

PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M. & DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155(2): 945-959.

PUGET SOUND INDIAN TRIBES & WASHINGTON DEPARTMENT OF FISH AND WILDLIFE. 2010a. Comprehensive Management Plan for Puget Sound Chinook: Harvest Management Component. Olympia, EEUU. 230pp.

PUGET SOUND INDIAN TRIBES & WASHINGTON DEPARTMENT OF FISH AND WILDLIFE. 2010b. Puget Sound Chinook Salmon Hatcheries: Comprehensive Chinook Salmon Management Plan. Olympia, EEUU. 237pp.

QUINN, T.P. 2005. The Behavior and Ecology of Pacific Salmon and Trout. University of Washington Press, Seattle. Seattle, EEUU. 320 pp.

QUINN, T.P. & UNWIN, M.J. 1993. Variation in life-history patterns among New Zealand Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) populations. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 50(7): 1414-1421.

R CORE TEAM. 2016. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, <http://www.R-project.org/>.

RIVA ROSSI, C.M., PASCUAL, M.a., AEDO MARCHANT, E., BASSO, N., CIANCIO, J.E., MEZGA, B., FERNÁNDEZ, D.a. & ERNST-ELIZALDE, B. 2012. The invasion of Patagonia by Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*): Inferences from mitochondrial DNA patterns. Genetica 140(10-12): 439-453.

ROUSSET, F. 2008. GENEPOP ' 007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. Molecular Ecology Resources 8(1): 103-106.

SEEB, J., PASCAL, C., RAMAKRISHNAN, R. & LW, S. 2009. SNP genotyping by the 5'-nuclease reaction: advances in high throughput genotyping with non-model organisms. En: Methods in Molecular Biology, Single Nucleotide Polymorphisms. Second Edition (Eds. Komar, A.), pp. 277-292. New York: Humana Press.

SEEB, J.E., CARVALHO, G., HAUSER, L., NAISH, K., ROBERTS, S. & SEEB, L.W. 2011. Single-nucleotide polymorphism (SNP) discovery and applications of SNP genotyping in nonmodel organisms. Molecular Ecology Resources 11: 1-8.

SERVICIO NACIONAL DE PESCA Y ACUICULTURA. 2013. SERNAPESCA fiscaliza la pesca ilegal del salmón en río Petrohué. Published in www.sernapesca.cl, April 16 2013.

SERVICIO NACIONAL DE PESCA Y ACUICULTURA. 2014. Intensa fiscalización de pesca furtiva de salmónidos realiza SERNAPESCA en Región de Los Lagos. Published in www.sernapesca.cl, April 11 2014.

SHAKLEE, J.B., BEACHAM, T.D., SEEB, L. & WHITE, B.A. 1999. Managing fisheries using genetic data: case studies from four species of Pacific salmon. *Fisheries Research* 43(1): 45-78.

SILVA, N., SIEVERS, H. & PRADO, R. 1995. Características oceanográficas y una proposición de circulación para algunos canales australes de Chile entre 41°20S y 46°40S. *Revista de Biología Marina* 30(2): 207-254.

SMITH, M.J., PASCAL, C.E., GRAUVOGEL, Z., HABICHT, C., SEEB, J.E. & SEEB, L.W. 2011. Multiplex preamplification PCR and microsatellite validation enables accurate single nucleotide polymorphism genotyping of historical fish scales. *Molecular Ecology Resources* 11: 268-277.

SOTO, D., ARISMENDI, I., DI PRINZIO, C. & JARA, F. 2007. Establishment of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in Pacific basins of southern South America and its potential ecosystem implications. *Revista Chilena de Historia Natural* 80: 81-98.

SOTO, D., JARA, F. & MORENO, C. 2001. Escaped salmon in the inner seas, southern Chile: Facing ecological and social conflicts. *Ecological Applications* 11(6): 1750-1762.

GOMEZ-UCHIDA, D., ERNST, B., AEDO, G., CANALES-AGUIRRE, C.B., FERRADA, S., MUSLEH, S.S., RIVARA, P.E. & SANTELICES, A. 2016. Estudio biológico pesquero y sanitario de la población de Salmón Chinook en la cuenca del Río Toltén en la Región de la Araucanía. Informe Final FIP 2014-87. 428 pp.

UTTER, F. & RYMAN, N. 1993. Genetic markers and mixed stock fisheries. *Fisheries* 18(8): 11-21.

VARGAS, P., ARISMENDI, I. & GOMEZ-UCHIDA, D. 2015. Evaluating taxonomic homogenization of freshwater fish assemblages in Chile. *Revista Chilena de Historia Natural* 88(1): 16.

VARGAS, P.V., ARISMENDI, I., LARA, G., MILLAR, J. & PEREDO, S. 2010. Evidencia de solapamiento de micro-hábitat entre juveniles del salmón introducido *Oncorhynchus tshawytscha* y el pez nativo *Trichomycterus areolatus* en el río Allipén, Chile. *Revista de Biología Marina y Oceanografía* 45(2): 285-292.

WAPLES, R.S., GUSTAFSON, R.G., WEITKAMP, L.A., MYERS, J.M., JOHNSON, O.W., BUSBY, P.J., HARD, J.J., BRYANT, G.J., WAKNITZ, F.W., NELLY, K., TEEL, D., GRANT, W.S., WINANS, G.A., PHELPS, S., MARSHALL, A. & BAKER, B.M. 2001. Characterizing diversity in salmon from the Pacific Northwest*. *Journal of Fish Biology* 59: 1-41.

WARHEIT, K., SEEB, L.W., TEMPLIN, W.D. & SEEB, J.E. 2013. Moving GSI into the Next Decade: SNP Coordination for Pacific Salmon Treaty Fisheries. Chinook Technical Committee. Project number N10-8.

FIGURES

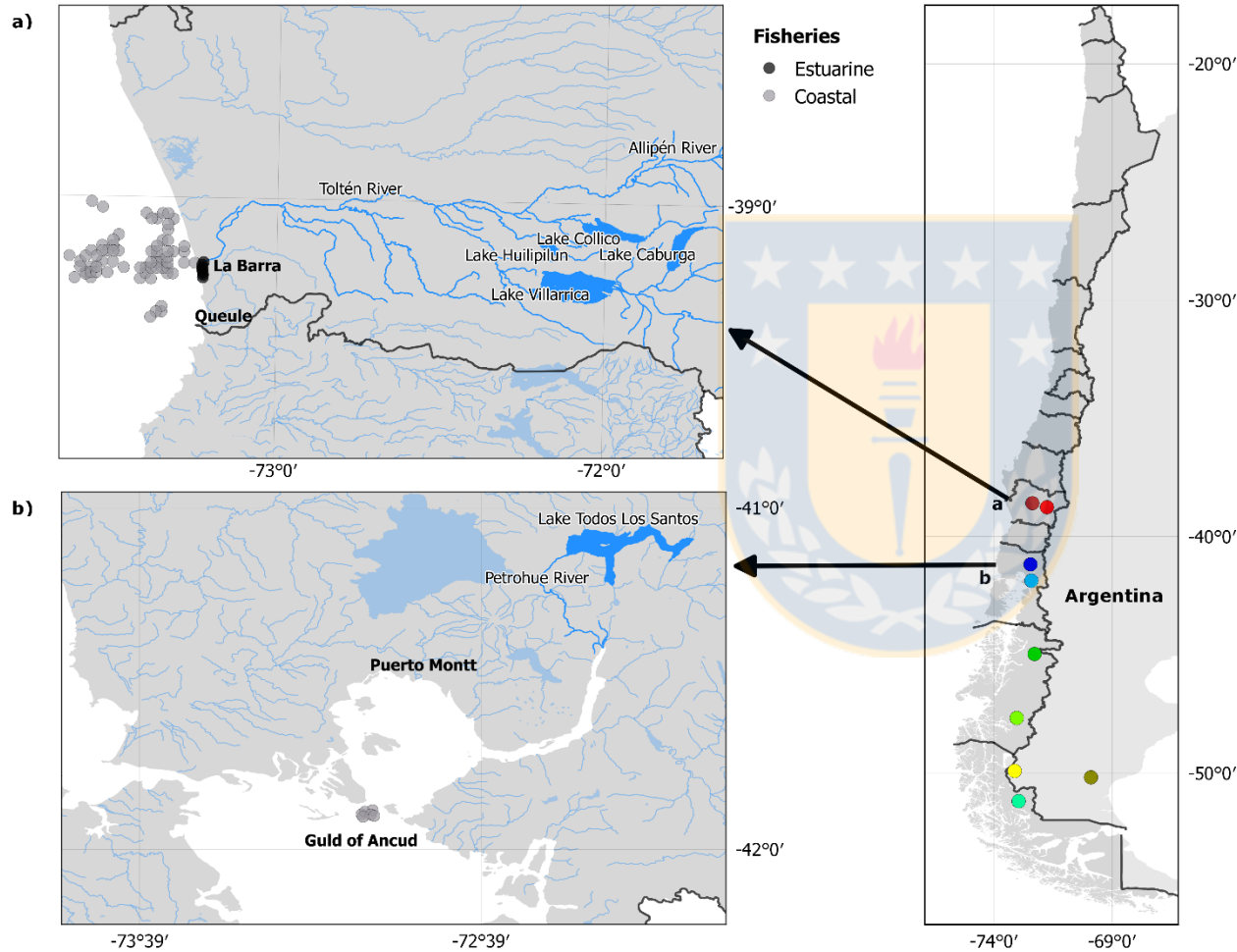


Figure 1. Map showing the sampling sites for Chinook salmon. **a.** Araucanía District map. Grey dots correspond to fishing points at sea; black dot represents the estuary, where most of the estuary fishing is concentrated **b.** Lake District. Green dots correspond to fishing points at inner sea at the Gulf of Ancud. Coloured dots in right panel correspond to the baseline collections (see for details Table 2).

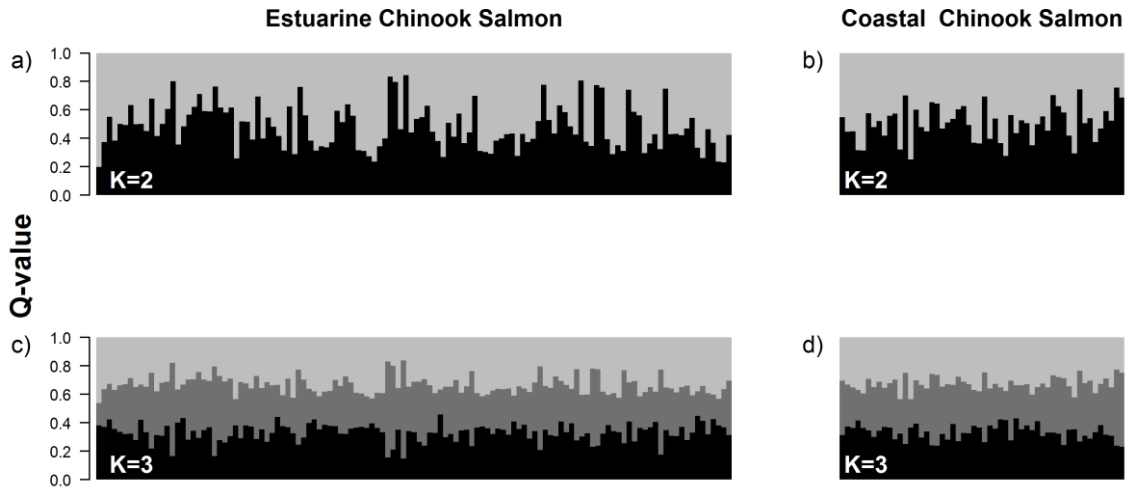


Figure 2. Individual ancestry coefficients (Q-values) among Chinook salmon genotypes. Individuals collected from the estuary (**a** and **c**) and from coastal areas (**b** and **d**) when assigned to two (upper panels) and three (lower panels) gene pools ($K = 2$ and 3).



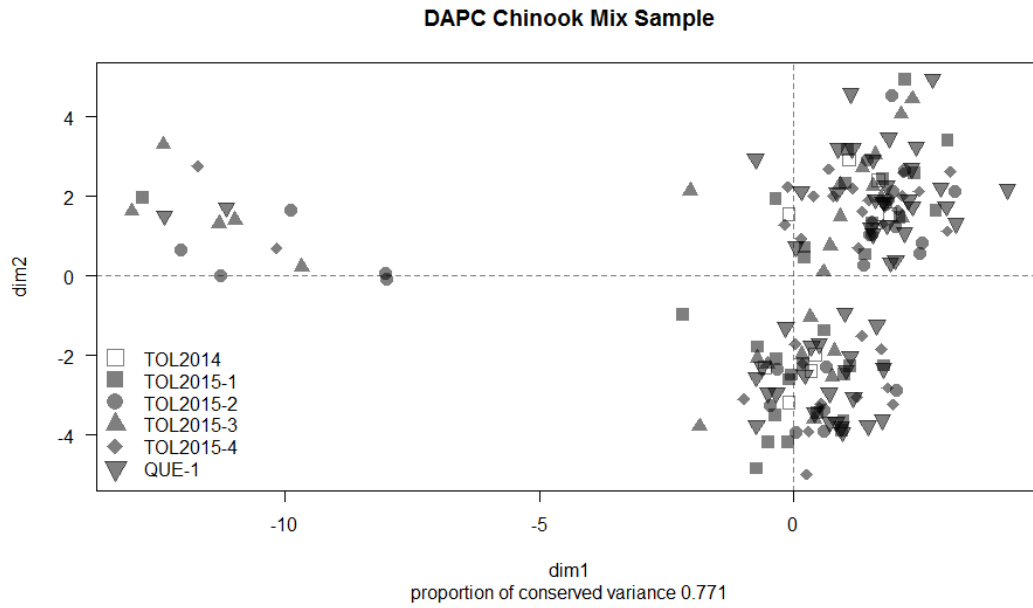


Figure 3. Two dimension scatterplot show the first two principal components of the DAPC. Sampling location and date were presented using symbols described in

Table 1.



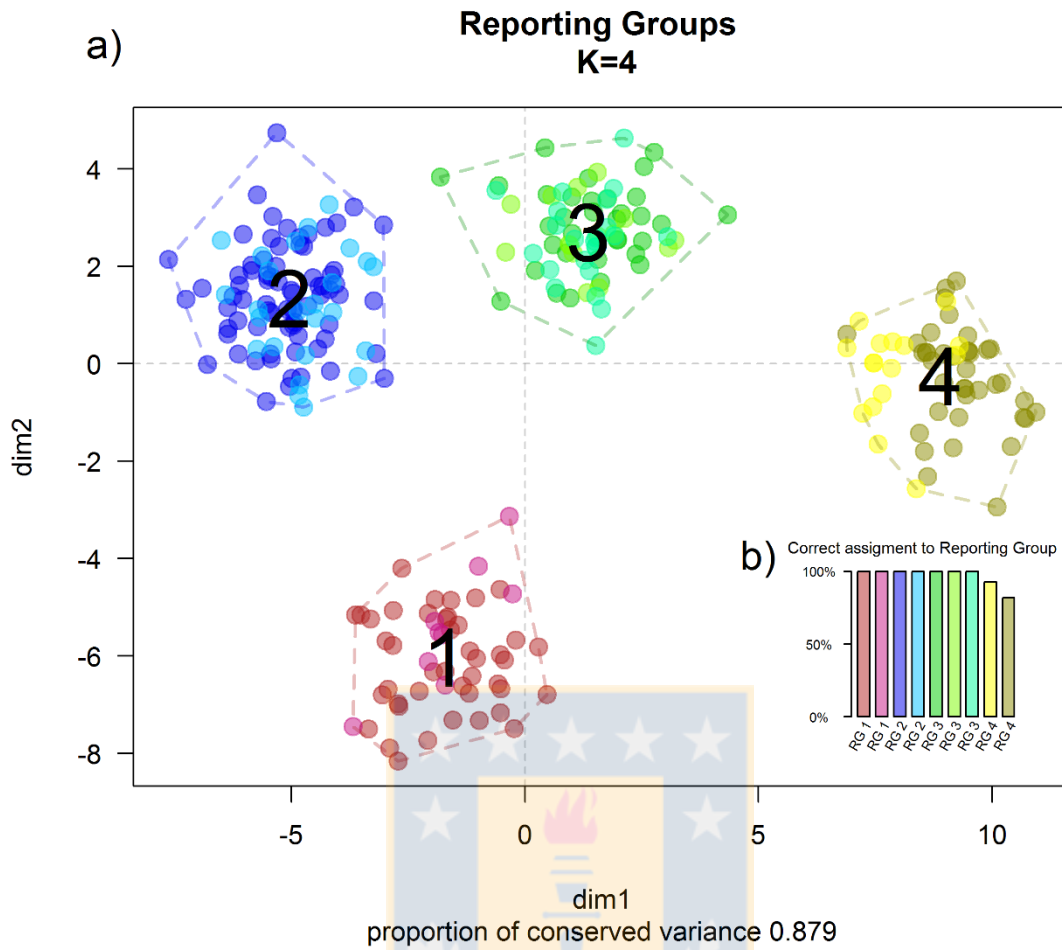


Figure 4. Delimitation of Reporting Group using the Chilean baseline. **a.** Dots represent samples and dash lines delimit the Reporting Groups. The different colours represent the collections () and the cluster were labelled with number inside the clusters. **b.** Each bar represent the probability to assign a collection to its corresponding reporting group. The colours represent different collections ().

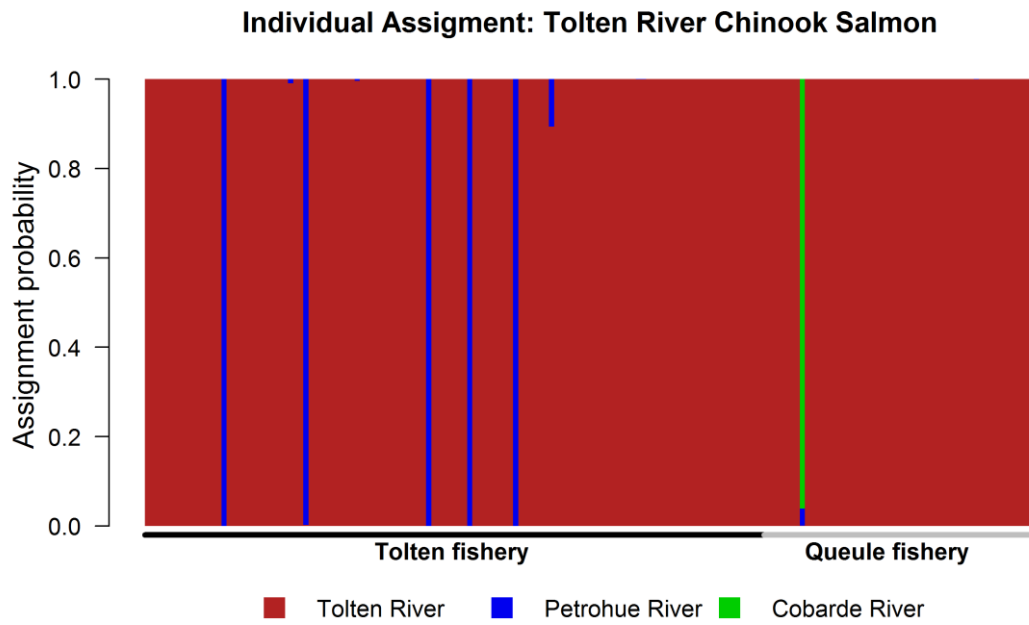
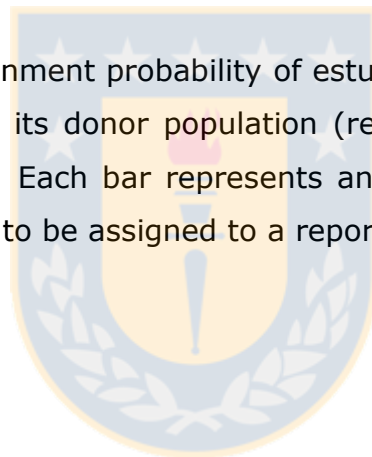


Figure 5. Individual assignment probability of estuarine and coastal samples from the Toltén River to its donor population (reporting group), using the Chilean genetic baseline. Each bar represents an individual and the colors represent the probability to be assigned to a reporting group.



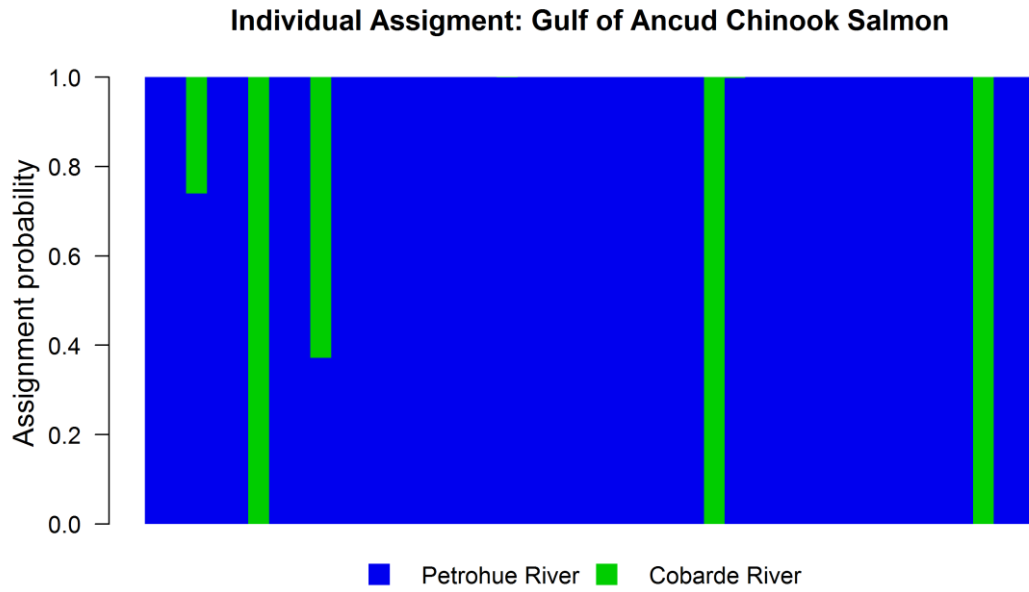
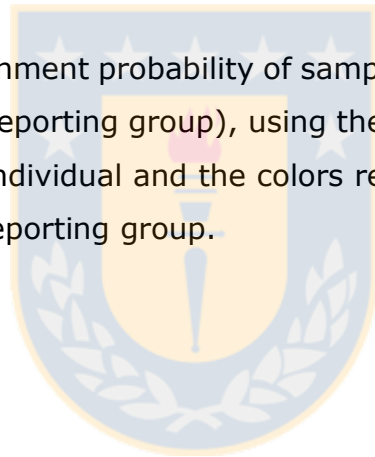


Figure 6. Individual assignment probability of samples from the Gulf of Ancud to its donor population (reporting group), using the Chilean genetic baseline. Each bar represents an individual and the colors represent the probability to be assigned to a donor reporting group.



TABLES

Table 1. Sample size, locations and dates. Dates were represented by its week number in Julian's calendar.

Site	Sampling dates	Sample size	DAPC simbol
La Barra	Dicember 19 - 27, 2014	8	□
La Barra	January 03 - 11, 2015	31	■
La Barra	January 14 - 22, 2015	25	●
La Barra	January 26 - February 07, 2015	25	▲
La Barra	February 09 - 23, 2015	32	◆
Queule	January 12 - 16, 2015	53	▼

Table 2. Chilean genetic baseline. The genetic collections of individuals from Cañas *et al.* (Manuscript in preparation). Colored dots represent the sampling location of the collections. Reporting Group column references the collections to the reporting group where they have been clustered.

<i>Basin</i>	<i>Region</i>	<i>Receiving watershed</i>	<i>Reporting Group</i>
<i>Pacific</i>	Chile, Araucania	● Allipén (ALL)	(1) RED
	Chile, Araucania	● Llaima (LLA)	(1) RED
	Chile, Los Lagos	● Petrohué (PET)	(2) BLUE
	Chile, Los Lagos	● Pichicolo (PIC)	(2) BLUE
	Chile, Aysén	● Cobarde (COB)	(3) GREEN
	Chile, Aysén	● Vargas (VAR)	(3) GREEN
	Chile, Magallanes	● Serrano (SER)	(3) GREEN
<i>Atlantic</i>	Argentina, Santa Cruz	● Caterina (CAT)	(4) YELLOW
	Argentina, Santa Cruz	● Santa Cruz (SAC)	(4) YELLOW

DISCUSIÓN

En el trabajo de Cañas *et al.* (Manuscrito en preparación) se demostró que el salmón Chinook introducido en América del Sur está estructurado en cuatro poblaciones genéticamente aisladas. Por su parte, en esta tesis se demuestra que la información genética de dichas poblaciones de salmón Chinook, luego de ser depurada y testeada, es posible de ser usada para asignar individuos de origen desconocido a sus poblaciones de origen en Chile. El carácter filopátrico de los salmones promueve las adaptaciones locales y el desarrollo de poblaciones reproductivas y genéticamente aisladas (Fraser *et al.* 2011). Por otra parte, la evidencia de una baja tasa de migrantes contrasta con el modelo de colonización de tipo "stepping stone" propuesto por Correa & Gross (2008) para explicar el proceso de colonización del salmón Chinook en cuencas chilenas. En general, los resultados presentados en esta tesis confirman los patrones previamente encontrados por Cañas *et al.* (Manuscrito en preparación), que sugieren que existieron eventos independientes de introducción de salmón Chinook en cuencas chilenas, permitiendo que se desarrollaran poblaciones locales naturalizadas.

Para las muestras capturadas tanto en el estuario del Río Toltén, como en la zona costera adyacente a este, los métodos para identificar la estructura genética se utilizaron dos aproximaciones diferentes. Tanto el enfoque clásico, que usa supuesto de equilibrio de Hardy-Weinberg y equilibrio de ligamiento, así como el método que no dependía de estos supuestos mostraron la ausencia de estructura genética significativa. Una explicación para este patrón podría ser que esta población auto sostenible de salmón Chinook tiene alrededor de sólo siete generaciones asilvestradas en el Río Toltén (Gomez-Uchida *et al.* 2016). A pesar de que los salmónidos puede generar divergencia entre poblaciones rápidamente y desarrollar poblaciones adaptadas localmente (Ackerman *et al.* 2012; Fraser *et al.* 2011; Hendry *et al.* 2000; Primmer 2011), las poblaciones de salmón Chinook del Río Toltén pueden no haber tendido aún tiempo suficiente para evolucionar en las poblaciones aisladas dentro del río aun, pero la evidencia sugeriría que este patrón genético podría cambiar en el futuro. Evidencia de ello es el caso de las poblaciones de salmón Chinook de Nueva Zelanda. Las que muestran estructura genética y la variación fenotípica entre ríos (Kinnison *et al.* 1998).

Dicho patrón surgió en Nueva Zelanda como una combinación de procesos evolutivos de corto plazo y plasticidad fenotípica impulsada por los requerimientos de su nuevo hábitat tras 90 años desde la introducción del salmón Chinook (Kinnison *et al.* 2008). La fecha de introducción del salmón Chinook al Río Toltén no es clara, pero se cree que podría haber ocurrido hace alrededor de 30 años atrás (Gomez-Uchida *et al.* 2016). Por lo tanto, poblaciones de salmón Chinook en el Pacífico Sur aún pueden estar enfrentando procesos neutrales y una adaptación evolutiva de corto plazo, por lo que sería necesario el seguimiento de estas poblaciones con fines de comprender el proceso de colonización y adaptación local.

Actualmente, el salmón Chinook está replicando su ciclo de vida típico del Hemisferio Norte en Sudamérica. Al igual que en su rango nativo, los individuos capturados en la zona costera, previo que comiencen su remonte, aún son individuos inmaduros que se encuentran alimentando en las zonas costeras aledañas a sus ríos de origen. Este patrón de distribución oceánica costera ha sido descrito para múltiples *stocks* de salmón Chinook cuyos adultos remontan en época de otoño (*fall-Chinook*: Bellinger *et al.* 2015; Healey 1983; Hinke *et al.* 2005). Estos rasgos de historia de vida, así como su estructura genética actual, podría variar hacia el futuro, más aun considerando que las poblaciones chilenas de salmón Chinook aun pudiesen encontrarse en etapas tempranas del proceso de colonización y expansión (Correa & Gross 2008; Riva Rossi *et al.* 2012). Es por lo tanto muy aconsejable que el salmón Chinook, así como otras especies de salmónidos introducidos en Chile, sean monitoreados genéticamente para desarrollar medidas de manejo eficaces durante este proceso de naturalización en nuestras aguas continentales. Por otra parte, la prohibición actual de pesca y comercialización de salmón Chinook por parte de pescadores artesanales y recreativos, la cual evita la captura y venta irregular de salmónidos provenientes de centros de cultivos. Los salmones pescados dicho río corresponden a una especie que no es de importancia para el sector acuícola Chileno en la actualidad, ya que prácticamente todos los salmónidos cultivados en Chile corresponden principalmente a salmón del atlántico (*Salmo Salar*) y, secundariamente, salmón Coho (*Oncorhynchus kisutch*) y trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) según se registra en el anuario de

cosecha de centros de acuicultura 2014 (Servicio Nacional de Pesca y Acuicultura 2015). Es por esto que dicha prohibición de pesca no cobra sentido para el salmón Chinook del Río Toltén, que se presenta como una población local, genéticamente estructurada y fuera del contexto de la Acuicultura actual en Chile. Por consiguiente, el desarrollo de una pesquería de pequeña escala, asociada a un plan de monitoreo del salmón Chinook en el Río Toltén sería un excelente comienzo para el desarrollo de planes de manejo integrados, que involucren conservación y regulaciones para promover un equilibrio entre beneficios ecológicos y sociales para las comunidades de pescadores a escala tanto regional como local. Para desarrollar este tipo de iniciativas, se debe contar con información científica y el apoyo de la institucionalidad ligada al que hacer de la pesca y acuicultura, camino que ya se está comenzando a recorrer para el salmón Chinook en el Toltén y para las caletas de pescadores que utilizan este recurso para su sustento (Gomez-Uchida *et al.* 2016; Garcia 2016).



BIBLIOGRAFÍA

ACKERMAN, M.W., TEMPLIN, W.D., SEEB, J.E. & SEEB, L.W. 2012. Landscape heterogeneity and local adaptation define the spatial genetic structure of Pacific salmon in a pristine environment. *Conservation Genetics* 14(2): 483-498.

ARAYA, M., NIKLITSCHKEK, E.J., SECOR, D.H. & PICCOLI, P.M. 2014. Partial migration in introduced wild chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) of southern Chile. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 149(August): 1-9.

ARISMENDI, I., PENALUNA, B.E., DUNHAM, J.B., DE LEANIZ, C.G., SOTO, D., FLEMING, I.A., GOMEZ-UCHIDA, D., GAJARDO, G., VARGAS, P.V. & LEON-MUNOZ, J. 2014. Differential invasion success of salmonids in southern Chile: patterns and hypotheses. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 24(3): 919-941.

BASULTO, S. 2003. El largo viaje de los salmones. Una crónica olvidada. Propagación y cultivo de especies acuáticas en Chile. Maval Ltd, Santiago.

BECKER, L.a., PASCUAL, M.a. & BASSO, N.G. 2007. Colonization of the southern Patagonia ocean by exotic Chinook salmon. *Conservation Biology* 21(5): 1347-1352.

BELLINGER, M.R., BANKS, M.A., BATES, S.J., CRANDALL, E.D., GARZA, J.C., SYLVIA, G. & LAWSON, P.W. 2015. Geo-Referenced, Abundance Calibrated Ocean Distribution of Chinook Salmon *Oncorhynchus tshawytscha* Stocks across the West Coast of North America. *PLoS ONE* 10(7): e0131276.

CADRIN, S.X., KERR, L.A. & MARIANI, S. 2013. Stock identification methods: applications in fishery science. Academic Press,

CADWALLADER, P.L. 1996. Overview of the impacts of introduced salmonids on Australian native fauna. Prepared for the Australian Nature Conservation Agency. Canberra, Australia. 68pp.

CAÑAS, D., MUSLEH, S. & GOMEZ-UCHIDA, D. Manuscrito en preparación. Understanding the Colonization History of Chinook Salmon in Patagonia Using

Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs): Gauging the Effects of Artificial Vs. Natural Propagation.

CARVALHO, G.R. & HAUSER, L. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 4(3): 326-350.

CIANCIO, J.E., PASCUAL, M.a., LANCELOTTI, J., ROSSI, C.M.R. & BOTTO, F. 2005. Natural colonization and establishment of a chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*, population in the Santa Cruz River, an Atlantic basin of Patagonia. *Environmental Biology of Fishes* 74(2): 219-227.

CIANCIO, J.E., ROSSI, C.R., PASCUAL, M., ANDERSON, E. & GARZA, J.C. 2015. The invasion of an Atlantic Ocean river basin in Patagonia by Chinook salmon: new insights from SNPs. *Biological Invasions* 17(10): 2989-2998.

COLAUTTI, R.I. 2005. Are characteristics of introduced salmonid fishes biased by propagule pressure? *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 62(4): 950-959.

CORREA, C. & GROSS, M.R. 2008. Chinook salmon invade southern South America. *Biological Invasions* 10(5): 615-639.

DI PRINZIO, C.Y. 2001. Estudio preliminar de la remonta del salmón Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*) en las cuencas de los ríos Corcovado, Futaleufú y Pico, Chubut, Argentina. Undergraduate thesis. Universidad Nacional de la Patagonia, San Juan Bosco, Esquel, 52 pp.

DI PRINZIO, C.Y. & PASCUAL, M.a. 2008. The establishment of exotic Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in Pacific rivers of Chubut, Patagonia, Argentina. *Annales de Limnologie - International Journal of Limnology* 44(1): 25-32.

DUFFY, E.J., BEAUCHAMP, D.A., SWEETING, R.M., BEAMISH, R.J. & BRENNAN, J.S. 2010. Ontogenetic Diet Shifts of Juvenile Chinook Salmon in Nearshore and Offshore Habitats of Puget Sound. *Transactions of the American Fisheries Society* 139(3): 803-823.

FRASER, D.J., WEIR, L.K., BERNATCHEZ, L., HANSEN, M.M. & TAYLOR, E.B. 2011. Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: review and meta-analysis. *Heredity* 106(3): 404-420.

GARCIA, M. 2016. Opciones de administración de la especie salmón Chinook en Chile. En GOMEZ-UCHIDA (Coordinador), Salmónidos de vida libre en Chile: un problemática biológica, ambiental y social. XXXVI Congreso de Ciencias del Mar. Concepción, Chile. 569 pp.

GOMEZ-UCHIDA, D., SEEB, J.E., SMITH, M.J., HABICHT, C., QUINN, T.P. & SEEB, L.W. 2011. Single nucleotide polymorphisms unravel hierarchical divergence and signatures of selection among Alaskan sockeye salmon (*Oncorhynchus nerka*) populations. *BMC Evolutionary Biology* 11(1):1.

HABICHT, C., SEEB, L.W. & SEEB, J.E. 2007. Genetic and Ecological Divergence Defines Population Structure of Sockeye Salmon Populations Returning to Bristol Bay, Alaska, and Provides a Tool for Admixture Analysis. *Transactions of the American Fisheries Society* 136(1): 82-94.

HABIT, E., GONZÁLEZ, J., ORTIZ-SANDOVAL, J., ELGUETA, A. & SOBENES, C. 2014. Effects of salmonid invasion in rivers and lakes of Chile. *Ecosistemas* 24(1): 43-51.

HABIT, E., GONZÁLEZ, J., ORTIZ-SANDOVAL, J., ELGUETA, A. & SOBENES, C. 2015. Efectos de la invasión de salmónidos en ríos y lagos de Chile. *Ecosistemas* 24(1): 43-51.

HABIT, E., GONZALEZ, J., RUZZANTE, D.E. & WALDE, S.J. 2012. Native and introduced fish species richness in Chilean Patagonian lakes: Inferences on invasion mechanisms using salmonid-free lakes. *Diversity and Distributions* 18(12): 1153-1165.

HAMANN, E.J. & KENNEDY, B.P. 2012. Juvenile dispersal affects straying behaviors of adults in a migratory population. *Ecology* 93(4): 733-740.

HAUSER, L. & CARVALHO, G.R. 2008. Paradigm shifts in marine fisheries genetics: ugly hypotheses slain by beautiful facts. *Fish and Fisheries* 9(4): 333-362.

HEALEY, M. 1983. Coastwide distribution and ocean migration patterns of stream-and ocean-type Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. Canadian Field-Naturalist 97(4): 427-433.

HENDRY, A.P., WENBURG, J.K., BENTZEN, P., VOLK, E.C. & QUINN, T.P. 2000. Rapid Evolution of Reproductive Isolation in the Wild: Evidence from Introduced Salmon. Science 290(5491): 516-518.

HINKE, J.T., WATTERS, G.M., BOEHLERT, G.W. & ZEDONIS, P. 2005. Ocean habitat use in autumn by Chinook salmon in coastal waters of Oregon and California. Marine Ecology Progress Series 285: 181-192.

KINNISON, M., UNWIN, M., BOUSTEAD, N. & QUINN, T. 1998. Population-specific variation in body dimensions of adult chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) from New Zealand and their source population, 90 years after introduction. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 55(3): 554-563.

KINNISON, M.T., UNWIN, M.J. & QUINN, T.P. 2008. Eco-evolutionary vs. habitat contributions to invasion in salmon: experimental evaluation in the wild. Molecular Ecology 17(1): 405-414.

LARKIN, P.A. 1981. A Perspective on Population Genetics and Salmon Management. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 38(12): 1469-1475.

LARSON, W.A., SEEB, J.E., PASCAL, C.E., TEMPLIN, W.D. & SEEB, L.W. 2014. Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) identified through genotyping-by-sequencing improve genetic stock identification of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) from western Alaska. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 71(5): 698-708.

LOWE, S., BROWNE, M., BOUDJELAS, S. & DE POORTER, M. 2000. 100 of the World's Worst Invasive Alien Species A selection from the Global Invasive Species Database. The Invasive Species Specialist Group (ISSG) a specialist group of the Species Survival Commission (SSC) of the World Conservation Union (IUCN), Auckland, New Zealand.

MARCHETTI, M.P., MOYLE, P.B. & LEVINE, R. 2004. Alien fishes in California watersheds: Characteristics of successful and failed invaders. *Ecological Applications* 14(2): 587-596.

MILNER, G.B., TEEL, D.J., UTTER, F.M. & WINANS, G.A. 1985. A genetic method of stock identification in mixed populations of Pacific salmon, *Oncorhynchus* spp. *Marine Fisheries Review* 47(1): 1-8.

MYERS, J.H., SIMBERLOFF, D., KURIS, A.M. & CAREY, J.R. 2000. Eradication revisited: Dealing with exotic species. *Trends in Ecology and Evolution* 15(8): 316-320.

O'MALLEY, K.G., CAMARA, M.D. & BANKS, M.A. 2007. Candidate loci reveal genetic differentiation between temporally divergent migratory runs of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Molecular Ecology* 16(23): 4930-4941.

PASCUAL, M., BENTZEN, P., RIVA ROSSI, C., MACKEY, G., KINNISON, M.T. & WALKER, R. 2001. First Documented Case of Anadromy in a Population of Introduced Rainbow Trout in Patagonia, Argentina. *Transactions of the American Fisheries Society* 130(1): 53-67.

PASCUAL, M., MACCHI, P., URBANSKI, J., MARCOS, F., RIVA ROSSI, C., NOVARA, M. & DELL'ARCIPRETE, P. 2002. Evaluating Potential Effects of Exotic Freshwater Fish From Incomplete Species Presence-absence Data. *Biological Invasions* 4(1-2): 101-113.

PASCUAL, M.A., LANCELOTTI, J.L., ERNST, B., CIANCIO, J.E., AEDO, E. & GARCIA-ASOREY, M. 2009. Scale, connectivity, and incentives in the introduction and management of non-native species: the case of exotic salmonids in Patagonia. *Frontiers in Ecology and the Environment* 7(10): 533-540.

PRIMMER, C.R. 2011. Genetics of local adaptation in salmonid fishes. *Heredity* 106(3): 401-403.

QUINN, T. 2005. The behavior and ecology of Pacific salmon and trout. Univ. Press. Seattle, 320 pp.

QUINN, T.P., KINNISON, M.T. & UNWIN, M.J. 2001. Evolution of chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) populations in New Zealand: Pattern, rate, and process. En: Microevolution Rate, Pattern, Process (Eds. Hendry, A.P. & Kinnison, M.T.), pp. 493-513. Springer Netherlands,

RIVA ROSSI, C.M., PASCUAL, M.a., AEDO MARCHANT, E., BASSO, N., CIANCIO, J.E., MEZGA, B., FERNÁNDEZ, D.a. & ERNST-ELIZALDE, B. 2012. The invasion of Patagonia by Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*): Inferences from mitochondrial DNA patterns. *Genetica* 140(10-12): 439-453.

SERVICIO NACIONAL DE PESCA Y ACUICULTURA. 2013. SERNAPESCA fiscaliza la pesca ilegal del salmón en río Petrohué. Publicado en www.sernapesca.cl Martes, 16 de Abril de 2013.

SERVICIO NACIONAL DE PESCA Y ACUICULTURA. 2014. Intensa fiscalización de pesca furtiva de salmónidos realiza SERNAPESCA en Región de Los Lagos. Publicado en www.sernapesca.cl Viernes, 11 de Abril de 2014.

SERVICIO NACIONAL DE PESCA Y ACUICULTURA. 2015. Anuario: Chile, cosecha de centros de acuicultura año 2014. Valparaíso, Chile. Publicado en www.sernapesca.cl Lunes, 10 de Agosto de 2015.

LEY DE PESCA RECREATIVA Nº 20.256. 2008. Establece normas sobre pesca recreativa. Diario Oficial de la Republica de Chile, Santiago, Chile. 25 pp.

SUBSECRETARÍA DE PESCA Y ACUICULTURA. 2015. Estado de situación de las principales pesquerías chilenas, 2014. Valparaíso, Chile. 63pp.

SOTO, D., ARISMENDI, I., DI PRINZIO, C. & JARA, F. 2007. Establishment of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in Pacific basins of southern South America and its potential ecosystem implications. *Revista Chilena de Historia Natural* 80: 81-98.

SOTO, D., ARISMENDI, I., GONZALEZ, J., SANZANA, J., JARA, F., JARA, C., GUZMAN, E. & LARA, A. 2006a. Southern Chile, trout and salmon country: invasion patterns and threats for native species. *Revista Chilena de Historia Natural* 79(1): 97-117.

SOTO, D., JARA, F. & MORENO, C. 2001. Escaped salmon in the inner seas, southern Chile: Facing ecological and social conflicts. *Ecological Applications* 11(6): 1750-1762.

SUK, H.Y., NEFF, B.D., QUACH, K. & MORBEY, Y.E. 2012. Evolution of introduced Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in Lake Huron: emergence of population genetic structure in less than 10 generations. *Ecology of Freshwater Fish* 21(2): 235-244.

GOMEZ-UCHIDA, D., ERNST, B., AEDO, G., CANALES-AGUIRRE, C.B., FERRADA, S., MUSLEH, S.S., RIVARA, P.E. & SANTELICES, A. 2016. Estudio biológico pesquero y sanitario de la población de Salmón Chinook en la cuenca del Río Toltén en la Región de la Araucanía. Informe Final FIP 2014-87. 428 pp.

VARGAS, P.V., ARISMENDI, I., LARA, G., MILLAR, J. & PEREDO, S. 2010. Evidencia de solapamiento de micro-hábitat entre juveniles del salmón introducido *Oncorhynchus tshawytscha* y el pez nativo *Trichomycterus areolatus* en el río Allipén, Chile. *Revista de Biología Marina y Oceanografía* 45(2): 285-292.

WAPLES, R.S., PUNT, A.E. & COPE, J.M. 2008. Integrating genetic data into management of marine resources: how can we do it better? *Fish and Fisheries* 9(4): 423-449.