

ESTADO ACTUAL DE LOS RECURSOS ICTÍCOLAS: LA DEUDA INTERNA CIENTÍFICA PENDIENTE DE LOS PAÍSES DEL SUR

García, G.¹

RESUMEN

La región Neotropical contiene gran diversidad de peces estimada en aproximadamente 8000 especies, representando ésta cerca del 25% de la diversidad de peces a nivel mundial, tanto marinos como dulceacuícolas. Existen vacíos de conocimiento importantes respecto a la fauna ictícola Neotropical y del Atlántico Sudoccidental. Nuevos abordajes basados en la genética poblacional con marcadores moleculares a nivel del ADN, están permitiendo la discriminación de especies crípticas, la detección de hibridación natural, la determinación de la estructura genética poblacional y de los patrones filogeográficos, sin lo cual se vuelve imposible definir Unidades de Manejo para su posible conservación. Estas técnicas y las informaciones que proporcionan están revolucionando el manejo de las pesquerías a nivel mundial, lo que sería imprescindible confrontar con los abordajes tradicionales. Al presente se hace necesario diseñar un Programa Genético de Pesquerías a nivel local y regional, que tienda el puente entre técnicas de la biología molecular y los problemas o hiatos de información latentes en las ciencias pesqueras. Así mismo un Programa Genético de Acuicultura contribuiría a optimizar en todas sus etapas el desarrollo de esta actividad. Los abordajes aquí propuestos permitirán avanzar en el conocimiento y la descripción de nuevas especies, en la evaluación de aquellos recursos sobre explotados o sometidos a otros efectos antropogénicos que los exponen a verdadero riesgo. El mayor desafío consiste en la concreción de los mencionados programas apuntando a formar los RRHH que puedan implementarlos y por ende contar con los recursos financieros que permitan el desarrollo de los mismos.

PALABRAS CLAVE: diversidad, ictícola, programas, genéticos, manejo.

SUMMARY

THE CURRENT STATE OF THE ICHTHYOLOGICAL RESOURCES: THE SCIENTIST DEBT FROM SOUTHERN COUNTRIES

Neotropical region have a great fish diversity which was estimated in about 8000 species, around of the 25% of the total fish diversity in the world, including marine and freshwater ones. There is a lack of knowledge about the ichthyologic fauna from Neotropical and South Western Atlantic ocean. Population genetics based on DNA molecular markers have provided a new approach to discriminate cryptic species, to found natural hybridization events, to understand population genetic structure and to found phylogeographic patterns from different taxa. All this information is needed to define the Management Units for conservation strategies. Moreover this information is revolutionizing the fisheries sciences, through the proposal of the Fisheries Genetics Programs at local and regional level. This Genetic Program bridges the gap between molecular biology and fisheries sciences and can be applied to longstanding problems in them. Also, an Aquaculture Genetic Program is needed to enhance this activity. The approaches proposed here, will allow more information about new species, also they will provide an insight in the over fishing resources and in the others antropogenic threats. The major challenges are to put into effect these Genetic Programs, to obtain the Human Resources and the financial support for its development.

KEY WORDS: ichthyologic, resources, genetics, management, programs.

¹Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias Montevideo, Uruguay.

INTRODUCCIÓN

La región Neotropical contiene una gran diversidad de peces estimada en aproximadamente 8000 especies, representando ésta cerca de un 25% de toda la diversidad de peces a nivel mundial, tanto marinos como dulceacuícolas (Vari & Malabarba 1998). Para Stiassny & Raminosa (1994), la ictiofauna de agua dulce representando el 20-25% de la biodiversidad global de vertebrados se encuentra concentrada en menos del 0,01% del agua del planeta (habitats de agua dulce disponibles).

Lundberg (1998) afirma que los peces de agua dulce de Sud y Centro América conforman un espectáculo evolutivo en diversidad de formas, funciones y habitats, lo que sin duda debe ser el producto de eventos vicariantes a gran escala que han acompañado la compleja historia geomorfológica del continente. Entre estos eventos geomorfológicos este autor menciona la importancia del levantamiento de la cordillera de los Andes, el cambio de polaridad en el flujo de los grandes ríos del continente (hacia el Mioceno tardío), la emergencia del istmo de Panamá hacia el final del Plioceno y por último la incidencia de los refugios Pleistocénicos.

Según Vari & Malabarba (1998) después de casi 300 años de la primera descripción de los peces dulceacuícolas de América del Sur y Centroamérica, la comprensión sobre la evolución de la fauna Neotropical permanece limitada por dos obstáculos principales: 1) la información fragmentaria en cuanto a la diversidad específica y a nivel poblacional de los taxa y 2) la escasez de información sobre las relaciones filogenéticas dentro y entre los grupos de esta área. Estos autores también mencionan el hecho de que muchas colecciones científicas contienen todavía muchas especies no reconocidas como distintas (especies crípticas) y lo que es peor aún, muchas especies no han sido colectadas, por lo tanto no están disponibles ni siquiera en las colecciones existentes.

Existen al presente, asuntos filogenéticos y taxonómicos a nivel de relaciones intra-familiares no resueltos en dos componentes dominantes de esta fauna, por un lado dentro de los Characiformes (Vari 1998; Weitzman & Malabarba 1998) y por otro en los Siluriformes (de Pinna 1998). Para otros 3 grupos de esta fauna, existen grandes hiatos de información a nivel de relaciones entre poblaciones, especies y géneros como en la familia Cichlidae (Kullander 1998), en Gymnotiformes (Campos-da-Paz & Albert 1998) y en Cyprinodontiformes (Costa 1998). Todavía existen otros grupos de taxones para los cuales no existen hipótesis explícitas de relaciones a nivel intra e interespecíficas.

En algunos grupos como en la familia Symbranchidae por su amplia distribución en el Nuevo y Viejo Mundo, se requeriría un análisis comparativo como se han realizado en otros grupos que tienen similar distribución en diferentes continentes (Characiformes, Siluriformes, Cyprinodontiformes y en la familia Cichlidae). En otro de los grupos problemáticos se requeriría la inclusión en los análisis filogenéticos de las formas afines presentes en varios océanos (Atlántico, Indo-Pacífico) pues estos taxones pueden ser derivados de grupos típicamente marinos o estuarinos. Tal es el caso de la "raya de agua dulce" de la familia Potamotrygonidae (Lovejoy 1996) más relacionada a rayas marinas anfi-americanas del género *Himantura* o el de las especies de Engraulidae neotropicales ("anchoítas" "sardinas" y afines) que tienen sus parientes más próximos en aguas marinas anfiamericanas (Whitehead *et al.*, 1988).

Los vacíos de conocimiento señalados anteriormente por Vari & Malabarba (1998) son particularmente problemáticos debido a la gran aceleración del impacto antropogénico sobre los sistemas acuáticos y sobre los peces que habitan América del Sur y Centroamérica. Los impactos antropogénicos son de diversa índole como fuera mencionado por dichos autores y como queda en evidencia en varios trabajos: 1) la degradación de la calidad del agua como resultado de la polución (Menezes 1996, García *et al.*, 2001); 2) la reducción del "stock" pesquero como ha sido puesto en evidencia por la comunidad científica, los pescadores artesanales y la población en general (Goulding *et al.*, 1996, Duque *et al.*, 1998); 3) la fragmentación de poblaciones de peces y cambios en los ciclos por el desmantelamiento y modificación de habitats (Laurence, 1998); 4) el impacto potencial de especies exóticas introducidas y la transferencia de especies entre diferentes cuencas hidrográficas. Algunos de estos posibles impactos han sido mencionados por Williams *et al.* (1989) en especies comúnmente sometidas a la pesca comercial y deportiva de las regiones templadas y tropicales.

En acuerdo con Vari & Malabarba (1998) creemos imprescindible tres iniciativas para mitigar los vacíos mencionados en el conocimiento de la ictiofauna: 1) aumentar los recursos disponibles en la investigación tanto extensivamente como en la calidad de las informaciones disponibles en aquellas áreas sub-muestreadas de América del Sur y Central, 2) acrecentar el equipamiento e infraestructura para mantener disponibles las colecciones a la comunidad científica, 3) desarrollar colecciones especializadas que permitan la disponibilidad de tejidos para estudios de sistemática molecular y análisis de genética poblacional con marcadores moleculares.

ABORDAJES GENÉTICOS EN LA CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD ICTÍCOLA

Dentro de los principales aportes de la genética en la caracterización de la biodiversidad de la ictiofauna Neotropical se incluye en primer lugar la definición de la estructura genética de las poblaciones en los diferentes taxones componentes de esta fauna. Como lo explican Laikre *et al.* (2005) las especies no son homogéneas desde el punto de vista genético, sino que pueden estar estructuradas en grupos de individuos que pueden estar más o menos aislados entre sí. Existen mecanismos que producen la limitación del flujo génico entre ellos: la capacidad limitada de dispersión de los organismos, diferencias en el comportamiento y en especial la tendencia de algunos taxones en retornar a los mismos lugares para reproducirse en la siguiente generación (“homing behavior”). Por lo tanto, los patrones de distribución de la variación genética dentro y entre poblaciones son referidos como la estructura genética de las especies.

La existencia de una estructura genética en las poblaciones ha sido evidenciada por la descripción de razas, “stocks” y subpoblaciones dentro de las especies de peces (Allendorf *et al.*, 1988). En este sentido asumimos el concepto de «stock» por el cual se reconoce que la diferenciación genética puede estar acoplada con la divergencia fenotípica entre subpoblaciones conespecíficas de peces (Ricker 1972). Esta diferenciación local en subpoblaciones a corto plazo puede ser entonces producto del manejo practicado sobre dichas poblaciones por la pesquería comercial, artesanal o deportiva. A largo plazo, la diferenciación poblacional puede ser un sub-producto de eventos geológicos responsables de la fragmentación poblacional a través de eventos vicariantes. En muchos casos la fragmentación poblacional en unidades más o menos independientes dentro de una especie conlleva el riesgo de la endogamia, a la acción de la deriva genética y consecuentemente a tornar dichas poblaciones como no viables.

El ADNmt constituye una herramienta muy valiosa en el conocimiento de la estructura poblacional. Según ha sido planteado por Moritz (1994) dicho marcador molecular permite: i) estimar una medida de la variabilidad genética dentro de las poblaciones, mostrando si existe declinación más o menos reciente; ii) identificar el “set” de poblaciones evolutivamente divergentes y aisladas proporcionando la medida del flujo génico (migración) entre las mismas; iii) definir el valor de conservación de poblaciones ó áreas desde una perspectiva evolutiva; iv) delimitar regiones

geográficas dentro de las cuales las especies presentan poblaciones genéticamente únicas, tales como endemismos.

Los aportes de nuevas disciplinas como la Filogeografía (Avise *et al.*, 1987, Avise 2000) o sea los principios y procesos que gobiernan la distribución geográfica de los linajes genealógicos, especialmente aquellos dentro y entre especies estrechamente emparentadas, han comenzado a enriquecer los estudios de la ictiofauna Neotropical. En este sentido, estudios que incluyen la construcción de árboles de genes o genealogías de genes basados en ADN mitocondrial o en secuencias nucleares, así como la detección de especies crípticas ha comenzado a incrementarse desde la década pasada: en “mojarra” y “pirañas” del orden Characiformes (Ortí *et al.*, 1996), en “bagres” del orden Siluriformes (Perdices *et al.*, 2002), en cíclidos (Farias *et al.* 1999, López-Fernández *et al.* 2005), en peces anuales del orden Cyprinodontiformes (García *et al.*, 2000, 2002; Hrbek *et al.*, 2005) y en “pejerreyes” del género *Odontesthes* (Beheregaray & Sunnucks 2001).

Por otro lado, la definición de Unidades de Manejo (MU) y Unidades evolutivamente significativas (ESU) según propone Avise (1994) son desafíos pendientes aún para la mayor parte de los taxa integrantes de la ictiofauna Neotropical.

La detección de eventos de hibridación entre poblaciones naturales de peces y de introgresión entre especies nativas y/o introducidas sigue siendo otro de los tópicos pendientes de los abordajes genéticos para la ictiofauna Neotropical. Según Campton (1988) la hibridación natural es un evento mucho más frecuente en peces que en otros vertebrados. Varias características de los peces están en la base de esta diferencia: la existencia de fecundación externa en la mayoría de ellos, los débiles mecanismos de aislamiento etológico, la abundancia desigual de dos o más especies parentales, la competencia por sitios de reproducción limitados y la susceptibilidad al contacto secundario entre taxa muy emparentados. Sólo en unos pocos casos hasta el presente, han sido mencionados eventos de hibridación entre poblaciones naturales de la ictiofauna sudamericana. Estudios recientes de Beheregaray (2000) en poblaciones de “pejerreyes” del género *Odontesthes* con marcadores mitocondriales y microsatélites estarían indicando la posibilidad de que dos especies *O. bonariensis* y *O. perugiae* puedan estar implicadas en eventos de hibridación introgresiva. Más recientemente Abel *et al.* (en preparación) sugieren la posible ocurrencia de dichos eventos también entre *O. bonariensis* y *O. argentinensis*. Para especies endémicas de peces del género *Cynolebias* en el sitio de Reserva de la Biósfera

“Baños del Este”, García *et al.* (2004) basados en los análisis poblacionales con marcadores moleculares nucleares, citan la posible ocurrencia de una zona híbrida entre dos taxa hermanos de dicho género en la cuenca inferior del Río Cebollatí, en Uruguay.

HACIA UN PROGRAMA GENÉTICO DE PESQUERÍAS

Según informaciones de la FAO (1998) desde hace al menos tres decenios, la ocupación en la actividad pesquera y en la acuicultura creció en todo el mundo con mayor rapidez que el empleo agrícola, aunque datos posteriores (1990-1995) mencionan la desaceleración de este proceso. Spinetti *et al.* (2001) afirman que el carácter comunal y no privado de los recursos pesqueros y su jurisdicción no definida, son características que los diferencian de todas las otras industrias productoras, lo que genera una extrema competitividad entre los usuarios. De tal manera que la regulación de esta actividad por parte de organismos gubernamentales a nivel nacional y en coordinación con sus similares a nivel regional, se hace imprescindible cuando se trata de recursos compartidos.

En el análisis sobre la actividad pesquera artesanal o de pequeña escala realizado por Spinetti *et al.* (2001), los autores plantean que la misma se desarrolla en ambientes marinos, fluviales y lacustres. Generalmente las pesquerías que operan en el mar comparten sus especies objetivo (“merluza”, “corvina blanca”, “pescadilla de red” y “pescadilla de calada”, entre otras) con la pesquería industrial (de gran escala) la que por su autonomía, tipo de tecnología utilizada, capital invertido y generación de empleo contrastan ampliamente con las pequeñas embarcaciones, equipos de poco alcance, velocidad, capacidad de carga y con el manejo de artes simples de las pesquerías artesanales (Crossa 1989). En nuestro país, el desarrollo del Plan Pesquero (1976) si bien intentó ordenar la actividad pesquera en general, el mismo se centró principalmente en políticas de apoyo al sector pesquero industrial, no atendiendo mayormente a la pesca artesanal (Spinetti *et al.*, 2001). Sin embargo algunos esfuerzos posteriores impulsados por varias ONGs intentaron integrar la pesquería artesanal a la gestión de áreas costeras, ya que este cometido forma parte del artículo 10 del Código de Conducta de Pesca Responsable de la FAO (García *et al.*, 1999).

Según Puig (2001) los recursos pesqueros tienen como una de las características más importantes el ser renovables, lo que significa que cualquier recurso bien administrado es sustentable. Este autor también propone que para organizar la explotación y dar un buen manejo a estos, es

fundamental el conocimiento de sus características biológicas, reproducción, áreas de cría, abundancia, distribución y su relación con el medio ambiente. En este sentido según Allendorf *et al.* (1988) existen por lo menos dos requerimientos básicos de importancia en las pesquerías: 1) comprender la estructura poblacional de las especies a explotar y 2) la pesquería debe estar regulada para que la cosecha de cada población pueda ser controlada como unidades de manejo individualmente. Los abordajes tradicionales sobre análisis de estructura poblacional en Uruguay y en la región, han incluido análisis estadísticos sobre la talla, edad, sexo, estado de madurez gonadal de los individuos, en general procedentes de desembarque de las pesquerías. Dichos trabajos han estado básicamente focalizados en algunos de los principales recursos pesqueros como en “corvina blanca” *Micropogonias furnieri* (Norbis & Verocay 2001, Vizziano 2001).

Nuevos abordajes basados en la genética poblacional con marcadores moleculares a nivel del ADN están revolucionando el manejo de las pesquerías a nivel mundial, lo cual sería imprescindible unir y confrontar con los abordajes tradicionales. Al presente se hace necesario diseñar un Programa Genético de Manejo en Pesquerías a nivel local y regional, que tienda el puente entre técnicas de la biología molecular y los problemas o hiatos de información latentes en las ciencias pesqueras. Entre estos problemas, uno de los más importantes es el de la determinación de la estructura genética de la población o composición del “stock” pesquero de especies comercialmente o recreacionalmente importantes en pesquerías, así como los movimientos y migraciones en el mismo. Esto último obliga en gran medida al movimiento de los propios pescadores artesanales que explotan dichos recursos. La determinación del tipo de estructura poblacional por este tipo de metodologías de trabajo, podría brindar información sobre la existencia de variantes genéticas y su distribución, de tal manera que si las mismas están restringidas en algunas regiones y la pesquería colapsa en esa área, dicha variante genética podría perderse para la especie en cuestión. El programa también debe incluir el empleo de técnicas moleculares que permitan determinar las historias evolutivas (filogenias) de muchos organismos marinos, así como identificar huevos, larvas y tejidos de especies estrechamente relacionadas. De esta manera puede encararse la discriminación de especies crípticas que no han podido ser determinadas por la sistemática convencional, como es el caso de algunos tipos de tiburones como el “gatuso” *Mustelus schmitti* endémico de Atlántico Sudoccidental o de muchas otras especies que aún quedan por caracterizar dentro de los principales recursos pesqueros.

Otro de los aspectos relevantes a destacar con el uso de los marcadores moleculares (o sea a nivel de los genomas y por lo tanto menos influidos por el ambiente) es que los mismos constituyen herramientas robustas biotecnológicas de identificación de los individuos por especie y población, informaciones que podrían ser empleadas para el control de autenticidad de productos de conserva y monitoreo de las poblaciones explotadas en pesquerías, haciendo posible la trazabilidad sobre estos recursos. Esta metodología está siendo implementada con éxito en el análisis de conservas de «anchoas» *Engraulis encrasicolus* y «sardinias doradas» *Sardinella aurita*, en base a secuencias de citocromo b mitocondrial (Sebastio *et al.*, 2001). En nuestro país al presente son pocas las especies aún importantes para las pesquerías artesanales e industriales, que vienen siendo abordadas desde esta perspectiva utilizando secuencias de ADN mitocondrial: en la “lacha” *Brevoortia aurea* y “anchoita” *Engraulis anchoita* (García *et al.* en preparación); en el “bagre blanco” *Pimelodus albicans* y “sardina” *Licengraulis grossidens* (García *et al.* 2003); en la “corvina blanca” *Micropogonias furnieri* (Pereira *com. pers.*). En la región, los estudios de Beheregaray (2000) y Beheregaray & Sunnuck (2001) con ADN mitocondrial y microsatélites han permitido identificar y comprender la dinámica poblacional de “pejerreyes” del género *Odontesthes*.

HACIA UN PROGRAMA GENÉTICO DE ACUICULTURA

Según lo reporta Harvey (2001) la acuicultura global (casi toda de aguas continentales) proporcionó el 29% de alimento global de la producción de las pesquerías en 1996. La mayoría de la producción de acuicultura es en países de bajos recursos y con un déficit en alimentos. En muchos países esta actividad ha crecido como consecuencia de una reducción considerable de los “stocks” naturales, a partir de la década de los 80.

Si bien en Uruguay y en la región la acuicultura es una actividad con excelente potencial de desarrollo asociada a las grandes cuencas, la misma no ha tomado mayor impulso como actividad productiva en países como Uruguay. A nuestro entender varias pueden ser las principales causas de este fenómeno:

1) La elección de la especie y su manejo en cultivo. En nuestro país los emprendimientos en acuicultura más relevantes han estado a cargo de la DINARA. Durante algunas décadas algunas especies autóctonas como el “bagre negro” *Rhamdia quelen*, o el “pejerrey” *Odontesthes bonariensis* fueron experimentalmente criadas en instala-

ciones de las estaciones de piscicultura de Laguna del Sauce y Salto Grande respectivamente, con el objetivo de producir semillas. La producción de semillas de pejerrey está basada en estos momentos en la captura de reproductores en diversos cuerpos de agua dentro de la distribución natural de las especies, pero de las cuales no existe una buena determinación taxonómica aún (río Uruguay, Río de La Plata). En otros casos se han introducido poblaciones principalmente desde Argentina en Laguna del Sauce, Lagos de Areneras del Dpto. de Canelones y Lago Iporá en Tacuarembó. Una de las modalidades de acuicultura promovida por la DINARA fue la de poblar o repoblar ambientes artificiales o naturales con semillas provenientes de incubaciones en cautiverio. Para realizar estas siembras se debería contar con la información previa sobre las poblaciones naturales, a los efectos de no afectar la biodiversidad existente porque dichos eventos de repoblamiento podrían ser muy perjudiciales al desconocer la estructura genética de las poblaciones silvestres y la potencial extinción de algunas de estas por efecto de la hibridación.

También otras de las especies introducida en piscicultura ha sido la “carpa” *Cyprinus carpio*, la que lejos de haber constituido un recurso para la explotación en cultivo, terminó invadiendo prácticamente todas las cuencas de Uruguay. Algunas de estas introducciones realizadas por organismos gubernamentales y por particulares sin el debido análisis previo del posible impacto en los ecosistemas acuáticos locales, constituyen una amenaza para la fauna autóctona entre otras cosas, por la posible competencia por los habitats disponibles.

2) La insuficiente caracterización genética del “stock” reproductor que pueda asegurar una producción estandarizada de semillas en cantidad y calidad que justifique el emprendimiento productivo y la rentabilidad del mismo.

3) La falta de masa crítica en la población para intentar emprendimientos productivos combinados agricultura-acuicultura y dónde ambos componentes logren una armonía redituable.

4) La falta de una tarea de extensión participativa entre técnicos, investigadores y productores, que permita el intercambio fluido y la resolución de problemas que afectan la viabilidad de los cultivos.

Frente a la experiencia generada por los emprendimientos previos realizados en el país y contando con nuevas herramientas de la genética poblacional utilizando marcadores moleculares, es que estamos proponiendo la integración de un programa genético de acuicultura, a las demás disciplinas que están en la base de estos emprendimientos.

¿Para qué aplicar programas genéticos de manejo de los recursos en Acuicultura?

- 1) Para la resolución de problemas taxonómicos (a nivel de especies, poblaciones, subpoblaciones, híbridos naturales).
- 2) Para la detección de la diversidad genética y su distribución en las poblaciones naturales mediante la determinación de la estructura genética. Dicha estructura ha sido moldeada por sistemas de apareamientos determinados en cada especie, por lo que la detección de la proporción relativa de sexos y la estimación del tamaño efectivo poblacional, permitirán comprender los factores relevantes que mantienen la variabilidad en la especie elegida en condiciones naturales. Dichas condiciones debieran ser reproducidas en cautiverio lo más fielmente posible.
- 3) Para una mejor identificación y caracterización de los "stocks" reproductores. Esto se vuelve imprescindible desde que la mayor parte de los rasgos a ser seleccionados o sea aquellos caracteres comercialmente importantes, como por ejemplo, diferencias en tasas de crecimiento, tamaño corporal, caracteres ligados a la productividad entre otros, tienen herencia de base cuantitativa. Por otro lado, muchos de ellos presentan una heredabilidad baja por lo que el componente ambiental se vuelve un factor determinante de la varianza fenotípica (Allendorf *et al.*, 1988). De aquí la importancia de poder utilizar marcadores moleculares a los efectos de realizar el mapeo genómico de alta densidad y de ubicar los candidatos a QTLs que están en la base de dichos caracteres de interés en la producción.
- 4) Para dirigir adecuadamente los sistemas de cruzamientos y selección entre los "stocks" reproductores, evitando la pérdida de heterocigosidad por generación, debido a la endogamia y a la deriva genética.
- 5) Para la fundación y seguimiento de los stocks de reproductores a ser monitoreados mediante marcadores moleculares. De esta manera más allá de factores ambientales cambiantes, es posible certificar el pedigree de las semillas que se producen y su comercialización.
- 6) Para evaluar prácticas de repoblamiento y su posible impacto en las poblaciones naturales.
- 7) Para aplicar técnicas de manipulación cromosómica y génica, integrando las prácticas tradicionales de producción de ginogénesis, poliploidías y control de la determinación del sexo, en sistemas experimentales que incluyen el manejo de la genética molecular en peces transgénicos.
- 8) Para proporcionar bases sólidas de desarrollo en los emprendimientos productivos basándolos en la inves-

tigación participativa con actores locales y productores.

CONCLUSIONES

Existen vacíos de conocimiento importantes respecto a la fauna ictícola Neotropical y del Atlántico Sudoccidental, no sólo en lo que tiene que ver con la descripción de nuevas especies, sino y sobre todo, en la discriminación de especies crípticas, en la definición de la estructura genética poblacional y de los patrones filogeográficos, sin lo cual se vuelve imposible definir las Unidades de Manejo y Unidades Evolutivamente Significativas para su posible conservación. En las especies importantes para las pesquerías, este vacío de conocimiento es todavía más grave, pues las mismas se encuentran ya en su mayor parte sobreexplotadas o sometidas a otros efectos antropogénicos que las ponen en verdadero riesgo. Este programa genético para el manejo de las mismas, permitirá fundamentar las políticas de explotación de los recursos que son compartidos a nivel regional. Por otro lado, un programa de manejo en acuicultura permitirá aumentar la eficacia de los emprendimientos productivos en esta área. A través de prácticas adecuadas de investigación y extensión es posible que esta actividad adquiera otra dinámica en su desarrollo.

DESAFÍOS Y PERSPECTIVAS

Los desafíos mayores consisten en la concreción de los mencionados programas apuntando a formar los RRHH que puedan implementarlos y por ende contar con los recursos financieros que permitan el desarrollo de los mismos. Pero una dimensión poco practicada en estas áreas, es la tarea de educación y de extensión que permita el intercambio fluido del conocimiento sobre la ictiofauna entre investigadores, técnicos y actores locales, en especial los pescadores artesanales, quienes en su mayor parte han contribuido a la construcción del mismo.

BIBLIOGRAFÍA

- ALLENDORF, F.W.; RYMAN, N. & UTTER, F.M. 1988. Genetics and fishery management. Past, present and future. En: Ryman N. and Utter F. (eds.) Population genetics and fishery management, pp.1-19. Washington Dea Grant Program, USA..
- AVISE, J.C. 1994. Molecular Markers. Natural History and Evolution. Chapman & Hall, London, UK.
- AVISE, J.C. 2000. Phylogeography. The history and the formation of species. Harvard University Press. Cambridge, MA.

- AVISE, J.C.; ARNOLD, J.; BALL, R.M.; BERMINGHAM, E.; LAMB, T.; NEIGEL, J.E.; REEB, C.A. & SAUNDERS, N.C. 1987. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annu.Rev.Ecol.Syst.* 18: 489-522.
- BEHEREGARAY, L. 2000. Molecular Evolution, Biogeography and Speciation of the Neotropical Fish genus *Odontesthes*. Unpublished Ph.D. Thesis. Department of Biological Sciences, Division of Environmental and Life Sciences. Macquarie University. Australia.
- BEHEREGARAY, L. & SUNNUCKS, P. 2001. Fine-scale genetic structure, estuarine colonization and incipient speciation in the marine silverside fish *Odontesthes argentinensis*. *Molecular Ecology* 10: 2849-2866.
- CAMPOS-DA-PAZ, R. & ALBERT, J.S. 1998. The Gymnotiform "Eels" of Tropical America: A History of Classification and phylogeny of the South American electric Knifefishes (Teleostei: Ostariophysi: Siluriphysi). En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.) pp. 401-418. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- CAMPTON, D.E. 1988. Natural hybridization and introgression in fishes: methods of detection and genetic interpretations. En: Ryman N and Utter F (eds.) *Population Genetics & Fishery management*, pp.161-191. Washington Dea Grant Program, USA.
- COSTA, W.J.E.M. 1998. Phylogeny and Classification of the Cyprinodontiformes (Euteleostei: Atherinomorpha) A Reappraisal. En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.) pp. 537-560. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- CROSSA, M. 1989. Contribución para la caracterización de la situación del sector pesquero artesanal en Uruguay. II Seminario Latinoamericano de Pesca Artesanal. Pontificia Universidad Católica de Chile. Red Latinoamericana de Pesca Artesanal (CIID/FUNCAP). Talcahuano, Chile.
- DE PINNA, M.C.C. 1998. Phylogenetic relationships of the Neotropical Siluriformes: Historical Overview and synthesis of hypotheses. En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.) pp.279-330. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- DUQUE, A. B.; TAPHORN D.C. & WINEMILLER, K.O. 1998. Ecology of the coporo, *Prochilodus mariae* (Characiformes, Prochilodontidae) and status of annual migrations in western Venezuela. *Environ. Biol. Fishes* 53: 33-46.
- FAO (1998). Integración de la pesca en la ordenación de la zona costera. Orientaciones Técnicas para la Pesca Responsable. 3. Roma ISBN 92-5-303916-7:23.
- FARIAS, I. P.; ORTÍ, G.; SAMPAIO, I.; SCHNEIDER, H. & MEYER, A. 2001. The cytochrome b gene as a phylogenetic marker: the limits of resolution for analyzing relationships among cichlid fishes. *J. Mol. Evol.* 53:89-103.
- GARCÍA, G.; WLASIUK, G. & LESSA, E.P. 2000. High Levels of Mitochondrial cytochrome b divergence in annual killifishes of the genus *Cynolebias* (Cyprinodontiformes, Rivulidae). *Zool. J. Linn. Soc.* 129: 93-110.
- GARCÍA, G.; ALVAREZ-VALIN, F. & GÓMEZ, N., 2002: Mitochondrial genes: Signals and Noise in phylogenetic reconstruction within killifish genus *Cynolebias* (Cyprinodontiformes, Rivulidae). *Biol. J. Lin. Soc.* 76: 49-59.
- GARCÍA, G.; VERGARA, J. & MÉNDEZ, L. 2003. Estudios de diversidad con marcadores genéticos en especies de Clupeiformes y Siluriformes del Río de la Plata y su Frente Marítimo. CD-ROM-V- CaX 568.pdf. Jornadas Nacionales de Ciencias del Mar. Universidad Nacional de Mar del Plata.
- GARCÍA, G.; CLARAMUNT, S. & LALANNE, A. 2004: Genetic differentiation among annual fish of the genus *Cynolebias* (Cyprinodontiformes, Rivulidae) in a Biosphere Reserve Site from Uruguay. *Environ. Biol. Fishes* 70, 247-256.
- GARCIA, S. M.; COCHRANE, K.; VAN SANTEN, G. & CHRISTY, F. 1999. Towards sustainable fishery: a strategy for FAO and the World Bank. *Ocean Cost. Manag.* 41: 369-398.
- GOULDING, M.N.; SMITH J. H. & MAHAR, D.J. 1996. Floods of fortune. Ecology and economy along the Amazon. Columbia University Press: New York.
- HARVEY, B. 2001. *Guía de Mejores Prácticas para la Integración Sectorial Complementariedad y Armonización Legislativa de los Acuerdos Ambientales Multilaterales Relacionados con la Biodiversidad Fondo para el Medio Ambiente Mundial (FMAM)*.
- HRBEK, T.; TAPHORN, D.C. and THOMERSON, J.E. Molecular phylogeny of *Austrofundulus* Myers (Cyprinodontiformes : Rivulidae), with revision of the genus and the description of four new species. *Zootaxa* 825: 1-39.
- KULLANDER, S.O. 1998. A phylogeny and classification of the American Cichlidae (Teleostei: Perciformes). En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.) pp. 461-498. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- LAIKRE, L.; PALM, S. & RYMAN, N. 2005. Genetic Population Structure of Fishes: Implications for Coastal Zone Management. *Ambio* 34: 111-119.
- LAURENCE, W.F. 1998. A crisis in the making: responses of Amazonian forests to land use and climate change. *Trends Ecol. Evol.*, 13: 411-415.

- LOPEZ-FERNÁNDEZ, H.; HONEYCUTT, R. L. & WINEMILLER, K. O. 2005. Molecular phylogeny and evidence for an adaptive radiation of geophagine cichlids from South America (Perciformes: Labroidei). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 34: 227-244.
- LOVEJOY, N.R. 1996. Systematics of myliobatoid elasmobranchs: with emphasis on the phylogeny and historical biogeography of Neotropical freshwater stingrays (Potamotrygonidae: Rajiformes). *Zool. J. Linn. Soc.* 1127: 207-257.
- LUNDBERG, J. 1998. The temporal context for the diversification of neotropical fishes. En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.) pp. 49-68. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- ORTÍ, G.; PETRY, P.; PORTO, J.I.R.; JÉGU, M. & MEYER, A. 1996. Patterns of Nucleotide Change in Mitochondrial Ribosomal RNA Genes and the Phylogeny of Piranhas. *J. Mol. Evol.* 42:169-182.
- PERDICES, A.; BERMINGHAM, E.; MONTILLA, A. & DOADRIO, I. 2002. Evolutionary history of the genus *Rhamdia* (Teleostei: Pimelodidae) in Central America. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 25: 172-189.
- PUIG, P. 2001. Biología de Peces. Sección 2. En: Vizziano, D., Puig P., Mesones C. and Nagy G. J. (eds.). pp. 49. *El Río de la Plata. Investigaciones para la Gestión del ambiente, los recursos pesqueros y la pesquería en el frente salino*. Programa EcoPlata. Montevideo, Uruguay.
- MENEZES, N. A. 1996. Methods for assessing freshwater fish diversity. En: de M. Bicudo C.D. and Menezes N.A. (eds.) pp. 289-295. *Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico: Sao Paulo*.
- MORITZ, C. 1994. Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. *Mol. Ecol.* 3:401-411.
- NORBIS, W. & VEROYAY, J. 2001. Análisis de la estructura de la población de la corvina capturada por la pesquería artesanal de Pajas Blancas. En: Vizziano, D., Puig P., Mesones C. and Nagy G. J. (eds.). pp. 177-190. *El Río de la Plata. Investigaciones para la Gestión del ambiente, los recursos pesqueros y la pesquería en el frente salino*. Programa EcoPlata. Montevideo, Uruguay.
- RICKER, W.E. 1972. Hereditary and environmental factors affecting certain salmonid populations. En: MacMillan H.R. *Lectures in Fisheries* (eds.). pp.19-160. *The Stock Concept of Pacific Salmon*. University of British Columbia, Vancouver.
- SEBASTIO, P.; ZANELLI, P. & NERI, T.M. 2001. Identification of anchovy (*Engraulis encrasicolus* L.) and gilt sardine (*Sardinella aurita*) by polymerase chain reaction, sequence of their mitochondrial cytochrome b gene, and restriction analysis of polymerase chain reaction products in semipreserves. *J. Agric. Food Chem. Mar.* 49:1194-1199.
- SPINETTI, M.; RIESTRA, G.; FOTI, R. & FERNÁNDEZ, A. 2001. La actividad pesquera artesanal en el Río de la Plata: estructura y situación socioeconómica. En: Vizziano, D., Puig P., Mesones C. and Nagy G. J. (eds.). pp. 235-267. *El Río de la Plata. Investigaciones para la Gestión del ambiente, los recursos pesqueros y la pesquería en el frente salino*. Programa EcoPlata. Montevideo, Uruguay.
- STIASSNY, M.L.J. & RAMINOSA, N. 1994. The fishes of the inland waters of Madagascar. En: Teugels, G.G., Guégan J. F. and Albaret J.J. (eds.). *Biological Diversity of African Fresh and Brackish water fishes*. Ann. Mus. Afr. Centr. Tervuren Sci. Zool. 275: 133-149.
- VARI, R. 1998. Higher level phylogenetic concepts within characiforms (Ostariophysi), a historical review. En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.) pp. 111-121. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- VARI, R. & L. Malabarba, 1998. Neotropical Ichthyology: An Overview. En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.), pp. 1-11. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- VIZZIANO, D. 2001. Determinación del ciclo reproductivo de la corvina *Micropogonias furnieri* (Pisces: Scianidae) y los factores que inciden en su estacionalidad en la zona frontal del Río de la Plata. En: Vizziano, D., Puig P., Mesones C. and Nagy G. J. (eds.). pp. 105-114. *El Río de la Plata. Investigaciones para la Gestión del ambiente, los recursos pesqueros y la pesquería en el frente salino*. Programa EcoPlata. Montevideo, Uruguay.
- WEITZMAN, S.H. & MALABARBA, L.R. 1998. Perspectives about the phylogeny and classification of the Characidae (Teleostei: Characiformes). En: Malabarba, L., R. Reis, R. Vari, Z.M.S. Lucena and Lucena C.A.S. (eds.), pp. 161-170. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. EDIPUCRS, Porto Alegre.
- WHITEHEAD, P.J.P.; NELSON, J.E. & WONGRATANA, T. 1988. *FAO species catalogue*. Vol. 7. Clupeoid fishes of the world (Suborder Clupeoidei). An annotated and illustrated catalogue of the herrings, sardines, pilchards, sprats, schads, anchovies and wolf-herrings. Part 2. *Engraulidae*. *FAO Fish. Syn.*, 125, 7. Part 2: 305-379.
- WILLIAMS, J.E.; JOHNSON, J.E.; HENDRICKSON, D.A.; CONTRERAS-BALDERAS, J.D.; WILLIAMS, J. D.; NAVARRO-MENDOZA, M.; McALLISTER, D.E. & DEACON, J.E. 1989. *Fishes of North America, endangered, threatened, or of special concern: 1989*. *Fisheries* 14: 2-20.