

ESTUDIO PRELIMINAR DE LA ESTRUCTURA GENETICA DE LA CORVINA (*Micropogonias furnieri*) ENTRE RIO GRANDE (BRASIL) Y EL RINCON (ARGENTINA)¹

Rodrigo Maggioni², Alfredo N. Pereira³, Beatriz Jerez⁴, Luiz F. Martins²,
M.B. Conceição² y José. A. Levy²

²Fundación Universidad de Río Grande
Cx. Postal 474, Río Grande, 96.200, RS, Brasil

³Instituto Nacional de Pesca
Constituyente 1497.11200 Montevideo, República Oriental del Uruguay

⁴Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero
Pasaje Victoria Ocampo N° 1, Escollera Norte, 7600 Mar del Plata, República Argentina

RESUMEN: La corvina (*Micropogonias furnieri*), es uno de los más importantes recursos pesqueros del Atlántico Sudoccidental, como lo demuestran los datos de captura de Argentina, Uruguay y Brasil. La dinámica poblacional de esta especie ha sido estudiada por décadas y el análisis genético que se realiza en el presente trabajo es una contribución importante en este sentido.

Fueron examinados 145 individuos de corvina colectados independientemente entre Río Grande (Brasil) y El Rincón (Argentina). Muestras de músculo e hígado fueron analizadas para 10 sistemas enzimáticos a través de la técnica de electroforesis usando como soporte almidón y poliacrilamida.

Los resultados obtenidos, aunque preliminares, indican que el flujo génico en la región estudiada es más intenso de lo que se esperaba y solamente esfuerzos conjuntos de los tres países podrán definir el grado de interacción de los cardúmenes de corvina a lo largo de la costa de América del Sur.

Palabras clave: Corvina, *Micropogonias furnieri*, genética-bioquímica, isoenzimas, electroforesis.

SUMMARY: PRELIMINARY STUDY OF GENETIC STRUCTURE OF WHITE CROACKER (*Micropogonias furnieri*) BETWEEN RIO GRANDE (BRAZIL) AND EL RINCON (ARGENTINA).— The white croacker is one of the larger fishery resources in Argentina, Uruguay and Brazil. The population dynamics of this species was very studied and the genetic information will be a very important contribution for a more comprehensive understanding of that.

Were examined 145 individuals of white croacker collected independently between Rio Grande (Brazil) and El Rincón (Argentina). Sample of muscle and liver were analyzed for 10 enzymatic systems with electrophoresis technique of starch and polyacrylamide gel.

These preliminary results show an intense genetic flow in this area, and will be useful to know better the interaction of this species for a more adequate fishery management along of the South American coast.

Key words: White croacker, *Micropogonias furnieri*, genetic-biochemistry, isozymes, electrophoresis.

INTRODUCCION

La corvina (*Micropogonias furnieri*) es uno de los recursos más importantes de la costa este de América del Sur. Su abundancia alcanza niveles de explotación comercial desde Cabo Frío (23°S, Brasil) hasta El Rincón (40°S, Argentina). Este sciaenido de hábito demersal, que habita sobre fondos fangosos y arenosos, es intensamente pescado en esta área (Otero e Ibáñez, 1986; Haimovici *et al.*, 1989 y Valentini *et al.*, 1991).

Se distribuye desde la Península de Yucatán (20°N) en el mar de las Antillas, hasta el Golfo de San Matías (Argentina) a los 41°S. Estudios basados principalmente en los datos de capturas y caracteres morfométricos y merísticos, revelaron un patrón heterogéneo en los cardúmenes de corvina distribui-

dos al sur de 23°S, lo que condujo a la hipótesis de la existencia de por lo menos cinco subunidades reproductivas parcialmente aisladas (Isaac, 1988). Para la costa brasileña Vazzoler (1971) sugirió la existencia de dos poblaciones, una entre los 23°S y 29°S (desovando en la región de Bom Abrigo en el complejo estuarino-lagunar de Cananeia) y otra entre los 29°S y 33°S (desovando al oeste de la Barra de Río Grande próximo al estuario de la Laguna de los Patos). Otras dos poblaciones fueron propuestas para la región del Río de la Plata y para Bahía Blanca (39°S) (Cotrina, 1986; Figueroa y Díaz de Astarloa, 1991).

La aplicación de las técnicas de genética bioquímica en estudios de poblaciones marinas son de gran valor para la identificación de poblaciones: estimando la contribución de mezclas de stocks, indicando problemas en los cultivos de peces, en el reconocimiento y cuantificación de poblaciones híbridas y contribuyendo para la comprensión de los

1 Este trabajo fue presentado en el Octavo Simposio Científico de la CTMFM, diciembre de 1991.

problemas de conservación de la diversidad biológica (Ryman y Utter, 1987). Estas técnicas, principalmente la electroforesis, son una herramienta que permiten caracterizar genéticamente grupos de organismos, con base en el polimorfismo proteico, ya que posibilita identificar uno o más *loci* (genes) con variantes (alelos) los cuales pueden ser interpretados mendelianamente (Ferguson, 1980).

La existencia de poblaciones genéticamente diferenciadas es un problema de interés tanto científico como de administración pesquera, ya que la explotación racional de un recurso requiere el conocimiento de su estructura poblacional.

Con el objetivo de conocer la estructura genética de la población de corvina distribuida en la costa de la Argentina, Uruguay y Brasil, investigadores de los tres países iniciaron el estudio genético-bioquímico de esta especie, buscando, en una primera etapa, identificar la variabilidad de *locus* comúnmente polimórficos.

MATERIAL Y METODOS

Las muestras fueron colectadas independientemente por los investigadores de los tres países y reunidas en cinco grupos (Fig. 1). De los ejemplares capturados se extrajeron porciones de tejido muscular y hepático, excepto para las muestras de El Rincón, de las cuales sólo se obtuvo tejido muscular. Los extractos proteicos obtenidos por homogeneización mecánica fueron separados en almidón



Fig. 1. Área de muestreo de *Micropogonias furnieri* en la región costera de Brasil, Uruguay y Argentina desde Río Grande (32° S) hasta Bahía Blanca (39° S).

(horizontal) o poliacrilamida (vertical) según el sistema analizado. Para ambos soportes fue usado el buffer Tris-Citrato-Borato-Hidróxido de Litio (Shaklee y Keenan, 1986).

Fueron examinados 10 sistemas enzimáticos: enzima málica (*ME*), esterasas (*EST*), fosfatasa ácida (*ACP*), fosfatasa alcalina (*ALP*), 6-fosfogluconato deshidrogenasa (*6PGDH*), fosfoglucomutasa (*PGM*), fosfoglucoisomerasa (*PGI*), glutamato-oxaloacetato transaminasa (*GOT*), lactato deshidrogenasa (*LDH*) y malato deshidrogenasa (*MDH*), todas presentes en pasos importantes del metabolismo de células eucariotas. Estos fueron revelados de acuerdo a Harris y Hopkinson, 1978. Los *loci* observados fueron numerados en orden creciente de movilidad. Los resultados de la interpretación de los zimogramas fueron expresados en la forma de frecuencias alélicas, índices de similaridad y diversidad genética.

RESULTADOS OBTENIDOS

De los sistemas enzimáticos ensayados, cuatro fueron interpretados genéticamente (Tabla 1). En la Tabla 2 son presentadas las frecuencias alélicas

Tabla 1. Sistemas enzimáticos considerados para el análisis genético.

Sistemas enzimáticos		Soporte	Tejido
Esterasas	<i>EST</i>	pa	m
Lactato deshidrogenasa	<i>LDH</i>	pa	h
Malato deshidrogenasa	<i>MDH</i>	pa	m
Fosfoglucomutasa	<i>PGM</i>	am	m

am: almidón; pa: poliacrilamida; h: hígado; m: músculo

de los 9 *loci* obtenidos y la probabilidad correspondiente al Chi-Cuadrado resultante del análisis de contingencia. Para las muestras de El Rincón, no fue posible obtener padrones de *LDH* porque no se disponía de muestras de hígado.

A partir de las frecuencias alélicas fueron calculados los índices de identidad y distancia genética de Nei (1978) (Tabla 3), la estadística de F (Wright, 1965) y la diversidad genética de Nei (1973) (Tabla 4). Exceptuando la diversidad genética, todos los resultados fueron calculados con el programa Biosys-1 (Swofford y Selander, 1981).

DISCUSION

Para todos los *loci* el alelo más común fue el mismo entre las distintas localidades. Dos *loci* presentaron frecuencias diferentes, *EST-3* y *LDH-2* (Tabla 2). En el caso de esta última no fue posible confirmar la tendencia de fijación del alelo A, debido

Tabla 2. Frecuencias alélicas en los 9 loci observados.

LOCUS ALELO	Río Grande	Chuy	Pajas Blancas	Los Pueblos	El Rincón	P(%)	
EST-1	A	.818	1.000	.970	.917	.917	6.73
	B	.068	.000	.015	.050	.033	
	C	.045	.000	.015	.033	.017	
	D	.068	.000	.000	.000	.033	
EST-2	A	.864	.867	.939	.817	.750	5.05
	B	.136	.133	.061	.183	.250	
EST-3	A	.841	.933	1.000	1.000	1.000	0.00
	B	.159	.067	.000	.000	.000	
EST-4	A	.932	.933	.970	.983	1.000	19.60
	B	.068	.067	.030	.017	.000	
LDH-1	A	1.000	1.000	1.000	1.000	—	—
	B	—	—	—	—	—	
LDH-2	A	.682	.833	.970	.950	—	0.00
	B	.227	.117	.030	.050	—	
	C	.091	.000	.000	.000	—	
MDH-1	A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	—
	B	—	—	—	—	—	
MDH-2	A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	—
	B	—	—	—	—	—	
PGM	A	1.000	.933	.939	.950	.933	94.90
	B	.000	.067	.061	.050	.067	
	N	22	30	33	30	30	

Tabla 3. Identidad genética (arriba de la diagonal) y distancia genética (abajo de la diagonal) de Nei (1978).

	Chuy	Pajas Blancas	Los Pueblos	Río Grande	El Rincón
Chuy	****	1.000	.999	.997	.997
Pajas Blancas	.000	*****	.999	.995	.996
Los Pueblos	.001	.001	*****	.997	1.000
Río Grande	.003	.005	.003	*****	.994
El Rincón	.003	.004	.000	.006	*****

Tabla 4. Estadístico de F y Diversidad Genética de Nei (* no entra en la media).

LOCUS	Estadístico de F				Diversidad genética (x10 ⁻²)				
	Fis	Fit	Fst	Ht	Hs	Dst	Gst	Gs	
EST-1	.422	.444	.038	14.35	13.81	0.54	3.77	96.23	
EST-2	-.217	-.180	.030	25.86	25.08	0.78	3.01	96.99	
EST-3	-.152	-.047	.091	8.63	7.85	0.78	9.06	90.94	
EST-4	.311	.325	.021	7.02	6.87	0.15	2.10	97.90	
LDH-2*	-.161	-.058	.089	22.92	20.87	2.04	8.92	91.08	
PGM	-.066	-.051	.014	9.32	9.19	0.13	1.37	98.63	
MEDIAp	.012	.048	.036	13.04	12.56	0.47	3.86	96.14	
MEDIAt	.012	.048	.036	9.31	8.97	0.34	3.65	96.35	

a la falta de muestras de El Rincón, como ya fue citado. A pesar de una cierta estructuración indicada por estos resultados, los altos valores (>0.994) del Índice de Identidad de Nei (1978), sugieren que estas diferencias no son estadísticamente significativas.

La estadística del índice de fijación *F* involucra el cálculo de *Fis* y *Fit*, los cuales son medidas del desvío del cruzamiento aleatorio (equilibrio de Hardy-Weinberg) en las subpoblaciones y poblaciones totales, respectivamente. Cuanto más próximo de cero, más ajustados al equilibrio de Hardy-Weinberg; un valor negativo indica exceso de heterocigotas, o sea conservación de la variabilidad por la ausencia de endocruzamiento; un valor positivo indica deficiencia de heterocigotas, que pueden ser resultado de un efecto de tipo Wahlund (dos poblaciones tratadas como una única). El valor de *Fst* mide la variabilidad genética entre las subpoblaciones, y un valor significativo es 0.1, para el cual puede haber considerable varianza en las frecuencias (Allendorf y Phelps, 1981).

Se puede notar que *Fis* es menor que *Fit*, indicando una tendencia para la existencia de aislamiento, aunque los valores son bajos. De la misma forma *Fst* indica que esa tendencia es incipiente, por lo menos hasta el presente momento. Resultados semejantes obtenidos por Ramsey y Wakeman (1987) en estudios de sciaenidos del Golfo de México, fueron considerados indicadores de la ausencia de aislamiento reproductivo. Los altos valores de *Fis* y *Fit* para algunos loci en particular muestran, todavía, los efectos del pequeño número de muestras y de la colecta independiente, en la forma de distanciamiento del equilibrio de Hardy-Weinberg.

Los índices de diversidad genética calculados describen la variabilidad en función de la heterocigosidad. *Ht* es la diversidad genética general, o sea, heterocigosidad total. *Hs* y *Dst* son diversidades dentro y entre subpoblaciones. *Gst* es

el coeficiente de diferenciación genética, describiendo la cantidad de variación genética entre subpoblaciones y G_s es la diferenciación genética intrasubpoblacional relativa. Los datos de la Tabla 4 muestran que 96,35 % de la variabilidad genética encontrada es debida a variación intrapoblacional y solamente 3,65 % a variación interpoblacional.

Las medidas de diversidad genética apuntan en la misma dirección que la estadística de F , sugiriendo un intercambio genético intenso. Aquí se observa más claramente la ausencia de aislamiento reproductivo, por los bajos valores de D_{st} y G_{st} a diferencia de los altos de H_s y G_s .

El intenso flujo genético ya fue constatado en estudios recientes de *Micropogonias furnieri* en la costa del Brasil (Levy *et al.*, 1991; y Marins *et al.*, 1991) y en el Río de la Plata y su frente oceánico en la Zona Común de Pesca Argentino-Uruguay (Pereira, 1990).

CONCLUSIONES

Problemas relacionados con la colecta podrían ser eliminados si la misma fuese realizada de manera coordinada, como sugería el objetivo inicial del «Proyecto Corvina», elaborado por investigadores de Uruguay, Argentina y Brasil y presentado a instituciones de los tres países.

La corvina es por hoy un importante recurso pesquero en el Uruguay, Argentina y Brasil, aunque aparentemente la presión pesquera actual se halla próxima al esfuerzo máximo sostenible. La dinámica poblacional, en biología pesquera, de esta especie ha sido objeto de estudio desde hace ya varios años atrás, siendo el análisis genético una contribución importante para alcanzar decisiones de manejo del recurso.

Los resultados obtenidos indican que el flujo genético en la región estudiada es más intenso de lo que era esperado y solamente esfuerzos conjuntos de los tres países que explotan este recurso podrán definir el grado de interacción de los cardúmenes de corvina a lo largo de la costa de América del Sur. Este trabajo debe ser continuado, analizando un mayor número de loci, mayor número de individuos de cada localidad y futuramente también utilizando otras técnicas genético-bioquímicas como estudios con DNA mitocondrial y nuclear.

AGRADECIMIENTOS

Queremos agradecer muy especialmente a la Comissão Interministerial dos Recursos do Mar (CIRM/BRASIL), al Conselho de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq/BRASIL), al Progra-

ma de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA/URUGUAY) y a la UNESCO, organismos cuyo apoyo económico hicieron posible la realización del presente trabajo.

BIBLIOGRAFIA

- ALLENDORF, F.W. y S.R. PHELPS. 1981. Use of allelic frequencies to describe population structure. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 38:1507-1514.
- COTRINA, C.P. 1986. Estudios biológicos sobre peces costeros con datos de dos campañas de investigación realizadas en 1981. 2. La corvina rubia (*Micropogonias furnieri*). *Publ. Com. Téc. Mix. Fr. Mar.*, 1(1): 8-14.
- FERGUSON, A. 1980. *Biochemical Systematics and Evolution*. Blackie and Son. Glasgow and London. 194 p.
- FIGUEROA, D.E. y J.M. DIAZ DE ASTARLOA. 1991. Análisis de los caracteres morfométricos y merísticos de la corvina rubia (*Micropogonias furnieri*) entre los 33°S e 40°S (Pisces Sciaenidae). *Atlántica, Rio Grande*, 13(1):55-74.
- HAIMOVICI, M., S.D. PEREIRA y P.C. VIEIRA. 1989. La pesca demersal en el sur de Brasil en el período 1975-1985. *Frente Marítimo Vol. 5, Sec A*:151-163.
- HARRIS, H. y D.A. HOPKINSON. 1978. *Handbook of Enzyme Electrophoresis in Human Genetics*. North-Holland. Amsterdam.
- ISAAC, V.J. 1988. Synopsis of Biological Data on the Whitemouth Croaker, *Micropogonias furnieri* (Desmarest, 1823). *FAO Fish. Synop.* (150):35 p.
- LEVY, J.A., R. MAGGIONI y L.F. MARINS. 1991. Genetic population structure of *Micropogonias furnieri* in brasilian coast. *International Symposium on Biochemical Genetics and Taxonomy of Fish*. 22 a 26 de Julio de 1991. Belfast. Irlanda del Norte.
- MARINS, L.F., J.A. LEVY y R. MAGGIONI. 1991. Implicaciones genéticas del polimorfismo de la transferrina en la corvina (*Micropogonias furnieri*) de la costa sur-sudeste del Brasil. *Cuarto Congreso Latinoamericano de Ciencias del Mar*. 30 de Septiembre a 4 de Octubre de 1991. Coquimbo. Chile.
- NEI, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci.* vol 70 (12), part I: 3321-3323.
- NEI, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- OTERO, H. y P. IBAÑEZ. 1986. Abundancia relativa de la corvina rubia *Micropogonias furnieri*. *Modelo de Producción excedente*. *Publ. Com. Téc. Mix. Fr. Mar.*, 1(2): 341-349.
- PEREIRA, A. N. 1990. Estudio de la variación genética en la corvina blanca *Micropogonias furnieri* (Desmarest, 1823) del Río de la Plata y su Frente Oceánico. Tesis de Maestría. Facultad de Ciencias. Universidad de la República. Montevideo, Uruguay.
- RAMSEY, P.R. y J.M. WAKEMAN. 1987. Population structure of *Sciaenops ocellatus* and *Cynoscion nebulosus* (Pisces:Sciaenidae): Biochemical variation, genetic subdivision and dispersal. *COPEIA*, 3: 682-695.
- RYMAN, N. y F. UTTER. 1987. *Population genetics and fishery management*. Washington Sea Grant Program. Londres.
- SHAKLEE, J.B. y C.P. KEENAN. 1986. *A Practical Guide to the Techniques and Methodology of Electrophoresis and its Application to Fish Fillet Identification*. Report 177, 58 p. CSIRO Marine Laboratories. Hobart.
- SWOFFORD, D.L. y R.B. SELANDER. 1981. BIOSYS-1: A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation

- in Genetics (Users' Manual). 65 p. University of Illinois, Urbana.
- VALENTINI, H., P.M.G. de CASTRO, G.J. de M. SERVO y L.A.B. de CASTRO. 1991. Evolução da pesca das principais espécies demersais da costa sudoeste do Brasil, pela frota de arrasteiros de parelha baseada em São Paulo, de 1968 a 1987. *Atlântica*, Rio Grande, 13(1): 87-95.
- VAZZOLER, A.E.A de M. 1971. Diversificação fisiológica e morfológica de *Micropogonias furnieri* (Desmarest, 1823) ao sul de Cabo Frio, Brasil. *Bol.Inst.Oceanogr.*, São Paulo, 20(2): 1-70.
- WRIGHT, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19: 395-420.