

NOTA CIENTÍFICA

LINEAMIENTOS GENERALES PARA EL REPOBLAMIENTO DE PECES AMAZÓNICOS EN AMBIENTES NATURALES

Carmen GARCIA-DAVILA^{1,3}, Diana CASTRO-RUIZ^{1,3}, Dixner RENGIFO-TRIGOSO^{1,3}, Werner CHOTAMACUYAMA^{1,3}, Juan GARCIA¹, Jean-François RENNO^{2,3}

- 1 Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP). Programa para el Uso y Conservación del Agua y sus Recursos –AQUAREC. Apartado 784. Iquitos. Perú. E-mail: cdavila19@yahoo.com
- 2 Institut de Recherche pour le Développement (IRD). Montpellier, France.
- 3 Laboratoire Mixte International – Evolution et Domestication de l'Ichtyofaune Amazonienne (LMI – EDIA).

El aumento de la ocupación territorial y la mayor efectividad en actividades de pesca, ha ocasionado una mayor presión sobre las especies de peces de elevado valor económico en la Amazonía. Como consecuencia de esto, especies como el paiche *Arapaima gigas*, la gamitana *Colossoma macropomum* y el paco *Piaractus brachypomus* entre otros, presentan drásticas reducciones en sus poblaciones naturales. Tratando de revertir esta situación diversas instituciones vienen promoviendo el repoblamiento de diferentes cuerpos de agua con estos peces Amazónicos.

Es importante considerar que el repoblamiento es una actividad cuyo objetivo es contribuir al restablecimiento de una especie en un área geográfica, y que está tenga éxito a través del tiempo en su expansión demográfica. Algunas consideraciones principales tienen que ser llevadas en consideración para que esta actividad cumpla el objetivo esperado: i) no confundir repoblamiento con piscicultura; ii) conocer el histórico de diversidad de la ictiofauna del cuerpo de agua a repoblar, es decir que especies de peces habitan o habitaban en este cuerpo de agua, para saber si estamos hablando de un repoblamiento o de la introducción de una especie exótica; iii) levantamiento de una línea base de la diversidad genética de la especie en el área para conocer si ella está todavía presente, e intentar repoblar con una población genéticamente cercana de la población nativa; iv) conocer la estructuración poblacional y los rasgos de vida (periodo reproductivo y crecimiento principalmente) de la especie a repoblar para acercarse de la población original en la elección del stock de repoblamiento; v) asegurar una diversidad genética equivalente a las poblaciones naturales, en el stock a utilizar en el programa de repoblamiento y por último, vi) el repoblamiento no es un mero acto de liberación de peces, tiene que estar acompañado de un programa de monitoreo periódico de los stocks de peces liberados para medir el nivel de éxito del repoblamiento.

Pasaremos a explicar cada uno de los puntos considerados:

- i) Actualmente muchas de las actividades de repoblamiento confunden las actividades de piscicultura convencional (aquella pensada solo en el cultivo de peces para producción de carne, sin ningún otro interés) con las de repoblamiento. Estas dos actividades tienen diferentes objetivos, la primera la crianza en cautiverio para la comercialización, en tanto que la segunda la conservación de la especie en la naturaleza y su eventual uso ulterior en el marco de una pesca sostenible. Es decir, la primera en la Amazonia peruana está lamentablemente pensada para un tiempo finito, cultivar peces hasta que alcancen el tamaño comercial y venderlos como carne, allí acaba esta actividad en el marco de una piscicultura todavía no sostenible en nuestra región. En tanto que el repoblamiento, debe ser pensado para que la especie se establezca y sobreviva en un área determinada a través del tiempo (largo plazo), lo que involucra eventos de reproducción para la producción de progenie. Si estos eventos reproductivos se realizan en base a lotes provenientes de la piscicultura, seguramente presenten reducida variabilidad genética (baja heterocigosidad es decir pool genético homogenizado) debido a un deficiente número efectivo de reproductores en el curso de las diferentes generaciones, lo que puede producir problemas de consanguinidad y correlativamente falta de adaptabilidad y supervivencia de las progenies (Aho *et al.*, 2006; Lopera-Barrero *et al.*, 2008; Povh *et al.*, 2008). Esto ocasiona la pérdida de caracteres favorables como vigor, viabilidad, fecundidad y resistencia a enfermedades (Ferguson *et al.*, 1995). Estos problemas pueden consecuentemente afectar las poblaciones naturales de peces y el ecosistema en general, pudiendo conducir la especie a la

extinción, tornando el repoblamiento ineficiente (Sønstebø *et al.*, 2007; Agostinho *et al.*, 2005; Povh *et al.*, 2008).

- ii) En los eventos de repoblamiento es necesario contar con conocimiento claro sobre el histórico de diversidad ictica del cuerpo de agua en el cual se desarrollara el programa de repoblamiento. En algunos casos se habla de repoblamiento cuando nunca antes ha existido esa especie en ese ambiente, en tal caso no es un repoblamiento, es la introducción de una especie exótica para esa área. Muchas veces cuando poblaciones exóticas son introducidas en una área, ellas traen consigo patógenos o parásitos, que si bien representan un peligro relativamente pequeño para la población introducida, pero para las poblaciones nativas su efecto puede ser devastador (Primack & Rodrigues, 2001).
- iii) En situaciones ideales un programa de repoblamiento también debería de implicar la realización de un levantamiento de línea base de la diversidad genética molecular de la especie en el área, es decir cuáles son los padrones genéticos de los ejemplares nativos de la especie, esto es útil para procesos de comparación en el programa de monitoreo de la especie luego del repoblamiento, para poder saber que había genéticamente antes y después del repoblamiento.
- iv) En estos momentos en la Amazonía peruana, no debemos solo realizar un acto de liberación de peces, sino realizar un programa real de repoblamiento. El IIAP en alianza con otras instituciones (IRD, UFAM e INPA) ha generado información valiosa sobre las características genéticas y los rasgos de vida de las poblaciones de las principales especies utilizadas en programas de repoblamiento. Teniendo en cuenta que el conocimiento de la composición genética y de los rasgos de vida de una especie, y de como ella está organizada (estructurada) genéticamente y fenotípicamente en sus poblaciones, es fundamental para las acciones de manejo y conservación (Frankham *et al.*, 2008). Una de las principales condiciones a tener en cuenta es el grado de diferenciación genética poblacional (estructuración genética poblacional) de la especie, es decir la cantidad de flujo génico que la especie tiene entre sus poblaciones, esto está fuertemente relacionado con los rasgos de vida de la especie. Por ejemplo

las especies migrantes (gamitana, paco, dorado, doncella, etc.) tiene mayor flujo de genes entre poblaciones que las especies sedentarias (paiche y arahuana). Los datos moleculares muestran que la gamitana presenta una estructuración genética poco marcada entre sus poblaciones, es decir hay un elevado flujo de genes entre ellas en la Amazonia continental, lo que es concordante con los hábitos migratorios de la especie (Farias *et al.*, 2010). En tanto que el paiche presenta una fuerte estructuración genética (diferenciación genética), esto es debido principalmente a que los individuos de esta especie no migran grandes distancias, solo se dispersan en una área limitada geográficamente durante el periodo de inundación (García-Dávila *et al.*, 2011). En el caso, del Arahuana la variación genética esta correlacionada en una variación de talla y fecundidad según las poblaciones (Ruiz-Arce, 2011; Chota-Macuyama, 2012).

En el caso de la gamitana los programas de repoblamiento pueden considerar el repoblamiento de un área geográfica con especímenes provenientes de otra área relativamente lejana. Esta premisa no es válida para el paiche, debido a la fuerte diferenciación genética entre sus poblaciones (esto hace que estas poblaciones estén adaptadas o tengan respuestas a las condiciones del área en que habitan históricamente, mas no a las condiciones de otras áreas). Además el cruzamiento de individuos genéticamente distintos a aquellos encontrados en una población natural puede promover la pérdida de genes o de combinaciones genéticas importantes de adaptabilidad al ambiente, que puede influenciar en la supervivencia de progenies en el ambiente natural (Melo *et al.*, 2006; Sønstebø *et al.*, 2007; Lopera-Barrero *et al.*, 2008). Es decir debemos considerar que el repoblamiento sea en base a especímenes recolectados en áreas lo más cercanas posible del área a repoblar, para evitar nuevos tipos de cruzamientos que podrían causar el rompimiento de los complejos genéticos que permiten la adaptación a las peculiaridades del medio. Por ejemplo si introducimos alevinos o juveniles de paiche en el lago Rimachi, los especímenes a utilizar en el repoblamiento tienen que provenir de la cuenca del río Pastaza. Es decir, en el caso de especies con fuerte diferenciación genética, no se puede traspasar especímenes de una cuenca a otra distante, pues los ejemplares introducidos son exóticos (extraños al ambiente) en estas áreas.

Recordemos que cuando una población local es abastecida con individuos criados en cautiverio, que no son originarios del hábitat de la población nativa, se pueden reducir o perder los genes asociados a la supervivencia (Almeida *et al.*, 2003; Leuzzi *et al.*, 2004). Por lo tanto, para rehabilitar una población natural demográficamente reducida, es necesario respetar su pool genético con la introducción de especímenes procedentes de poblaciones genéticamente cercanas (Povh *et al.*, 2008).

- v) El penúltimo punto a tener en consideración es la introducción de diversidad genética en el stock a utilizar en el programa de repoblamiento. Está muy bien documentado en la literatura científica que en poblaciones naturales, la variabilidad genética representa el seguro adaptativo frente a la impredecibilidad ambiental (Allendorf *et al.*, 1987; Lopera-Barrero *et al.*, 2008). Por lo tanto un programa de repoblamiento tiene que considerar la introducción de varios genotipos, es decir alevinos procedentes de varias progenies. Esto es un error frecuente en los programas de repoblamiento actuales en la Amazonía peruana, en la mayoría de los casos el stock a repoblar proviene de uno o pocos pares de reproductores (cuello de botella), es decir que los individuos para el repoblamiento son hermanos. Se está introduciendo un número alto de peces (masa) más no diversidad genética. En un programa de repoblamiento esto puede ocasionar la aparición de fenómenos de depresión consanguínea, lo que con el tiempo puede originar que la población se vea seriamente comprometida por una disminución de la eficacia biológica, lo que puede dar como consecuencia una mayor susceptibilidad a enfermedades, aparición de taras, falta de adaptabilidad al hábitat entre otros.
- vi) En los programas de repoblamiento es necesario considerar un programa de monitoreo biológico y genético de los stocks de peces liberados por un periodo de tiempo después de realizado el evento. Esto permitirá monitorear la evolución del stock introducido en el área, permitiéndonos:
- evaluar el grado de variabilidad genética de la población con el tiempo,
 - determinar el grado de adaptación de los ejemplares sembrados,
 - conocer la proporción de individuos sembrados que participan efectivamente al aumento de la población (es decir a la producción de las nuevas generaciones) y
 - saber si se están

reproduciendo con los especímenes nativos.

Si todos los aspectos anteriormente considerados no son posibles de realizar al menos considerar los siguientes puntos:

- Realizar un levantamiento de la información base sobre el histórico de diversidad ictica del cuerpo de agua a repoblar.
- Informarse sobre la estructuración genética poblacional de la especie a repoblar, en el caso de la gamitana podemos repoblar llevando ejemplares de una sub-cuenca a otra. En tanto que en el caso del paiche, no podemos llevar ejemplares de una sub-cuenca para repoblar otra sub-cuenca diferente, se tiene que utilizar ejemplares de áreas aledañas
- Si vamos a utilizar ejemplares provenientes de la piscicultura asegurarnos de introducir diferentes progenies (stock de alevinos provenientes de varios reproductores) para introducir diversidad genética en el stock a utilizar en el programa de repoblamiento, cuanto más progenies mejor.
- Considerar un programa de monitoreo anual de los stocks de peces liberados.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

- Agostinho, A.A.; Thomaz, S.M.; Gomes, L.C. 2005. Conservation of the biodiversity of Brazil's inland waters. *Conserv. Biol.*, 19(3): 646-652.
- Aho T.; Rönn, J.; Piironen, J.; Björklund, M. 2006. Impacts of effective population size on genetic diversity in hatchery reared Brown trout (*Salmo trutta* L.) populations. *Aquaculture*, 253(1-4): 244-248.
- Allendorf, F.; Ryman, N.; Utter, F. 1987. Genetics and fishery management: Past, present and future. N. Ryman and F.M. Utter (Eds.), *Population Genetics and Fishery Management*. Washington: University of Washington: 1-20.
- Almeida, F.S.; Sodr , L.M.K.; Contel, E.P.B. 2003. Population structure analysis of *Pimelodus maculatus* (Pisces, Siluriformes) from the Tiet  and Paranapanema Rivers (Brazil). *Genetics and Molecular Biology* 26:301-305.
- Chota-Macuyama, W. 2012. *Variabilidad gen tica de la Arahua *Osteoglossum bicirrhosum* (Cuvier, 1829) en la regi n Loreto usando marcadores microsatelites*. Tesis de maestr a Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Per . 54pp.
- Farias, I.; Torrico, J.P.; Garc a-D vila, C.; Santos, F. M.; Hrbek, T.; Renno, J-F. 2010. Are rapids a barrier for floodplain fishes of the Amazon basin? A demographic study of the keystone floodplain species *Colossoma macropomum* (Teleostei: Characiformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56: 1129–1135.

- Ferguson, A.; Taggart, J. B.; Prodohl, P. A.; McMeel, O.; Thompson, C.; Stone, C.; McGinnity, P.; Hynes, R.A. 1995. The application of molecular markers to the study and conservation of fish populations, with special reference to *Salmo*. *Journal of Fish Biology*, 47: 103-126.
- Frankham, R.; Ballou, J.D.; Briscoe, D.A. 2004. A primer of conservation genetics. The Press Syndicate of the University of Cambridge. 262pp.
- García-Dávila, C.; Querouil, S.; Chota-Macuyama, W.; Castro-Ruiz, D.; García, J.; Chu-Koo, F.; Duponchelle, F.; Núñez, J.; Renno, J.-F. 2011. Avances en el estudio de variabilidad genética de cinco poblaciones naturales de paiche *Arapaima gigas* en la amazonia peruana In: E. Agudelo, F. Duponchelle (Eds.), Agua, Biodiversidad, manejo de recursos icticos y Piscicultura sostenible en la Amazonía. 127-135 p.
- Leuzzi, M.S.P.; Almeida, F.S.; Orsi, M.L.; Sodr , M.L.K. 2004. Analysis by RAPD of the genetic structure of *Astyanax altiparanae* (Pisces, Characiformes) in reservoirs of the River Paranapanema. *Genetics and Molecular Biology* 27:355-362.
- Lopera-Barrero, N.M.; Pereira-Ribeiro, R.; Povh, J.A.; Gomes, P.C.; Vargas, L.; Nogueira de Oliveira S. 2008. Caracterización genética de lotes de peces usados en programas de repoblamiento y su importancia en la conservación genética en la piscicultura. *Zootecnia Trop.*, 26(4): 515-522.
- Melo, D.C.; Oliveira, D.A.A.; Ribeiro, L.P.; Teixeira, C.S.; Souza, A.B.; Coelho, E.G.A.; Crepaldi, D.V.; Teixeira, E.A. 2006. Caracterização genética de seis plantéis comerciais de tilápia (*Oreochromis*) utilizando marcadores microssatélites. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 58(1): 87-93.
- Povh, J.A.; Lopera-Barrero, N.M.; Ribeiro, R.P.; Lupchinski Jr, E.; Gomes, P.C.; López, T.S. 2008. Monitoreo genético en programas de repoblamiento de peces mediante marcadores moleculares. *Cien. Inv. Agr.*, 35(1): 5-15.
- Primack, R.B.; Rodrigues, E. 2001. *Biología de la conservación. Londrina, Brasil, 328p*
- Ruiz-Arce, A.C. 2011. *Historia de vida de la arahuana *Osteoglossum bicirrhosum* (Cuvier, 1829) en tres principales cuencas de la Amazonía peruana*. Tesis de maestría de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú. 59pp.
- S nsteb , J.H.; Borgstr m, R.; Heun, M. 2007. Genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) from the Hardangervidda mountain plateau (Norway) analyzed by microsatellite DNA: a basis for conservation guidelines. *Conserv. Genet.*, 8(1): 33-44.