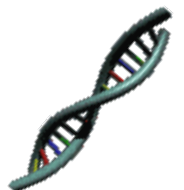
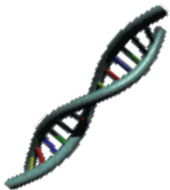
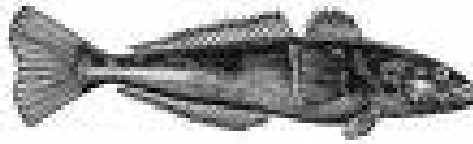


**"Unidades evolutivas del Bacalao de Profundidad,
Dissostichus eleginoides Smitt, 1989**

(Perciforme: Nototheniidae), en aguas del océano austral"

**Universidad de Concepción
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas
Departamento de Oceanografía
Laboratorio de Genética y Acuicultura**



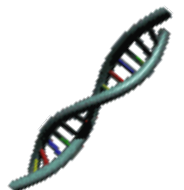
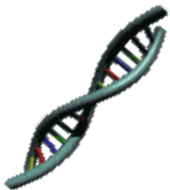


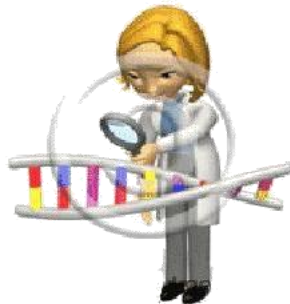
PROYECTO FIP 2006-41

"UNIDADES POBLACIONALES DEL BACALAO DE PROFUNDIDAD»

Sandra Ferrada Fuentes
Cristian Canales Aguirre
Ricardo Galleguillos González

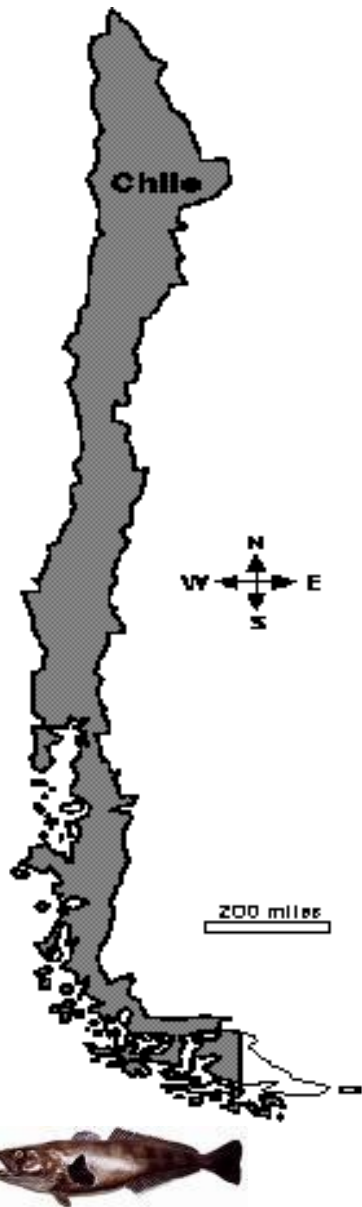
Departamento de Oceanografía
Universidad de Concepción





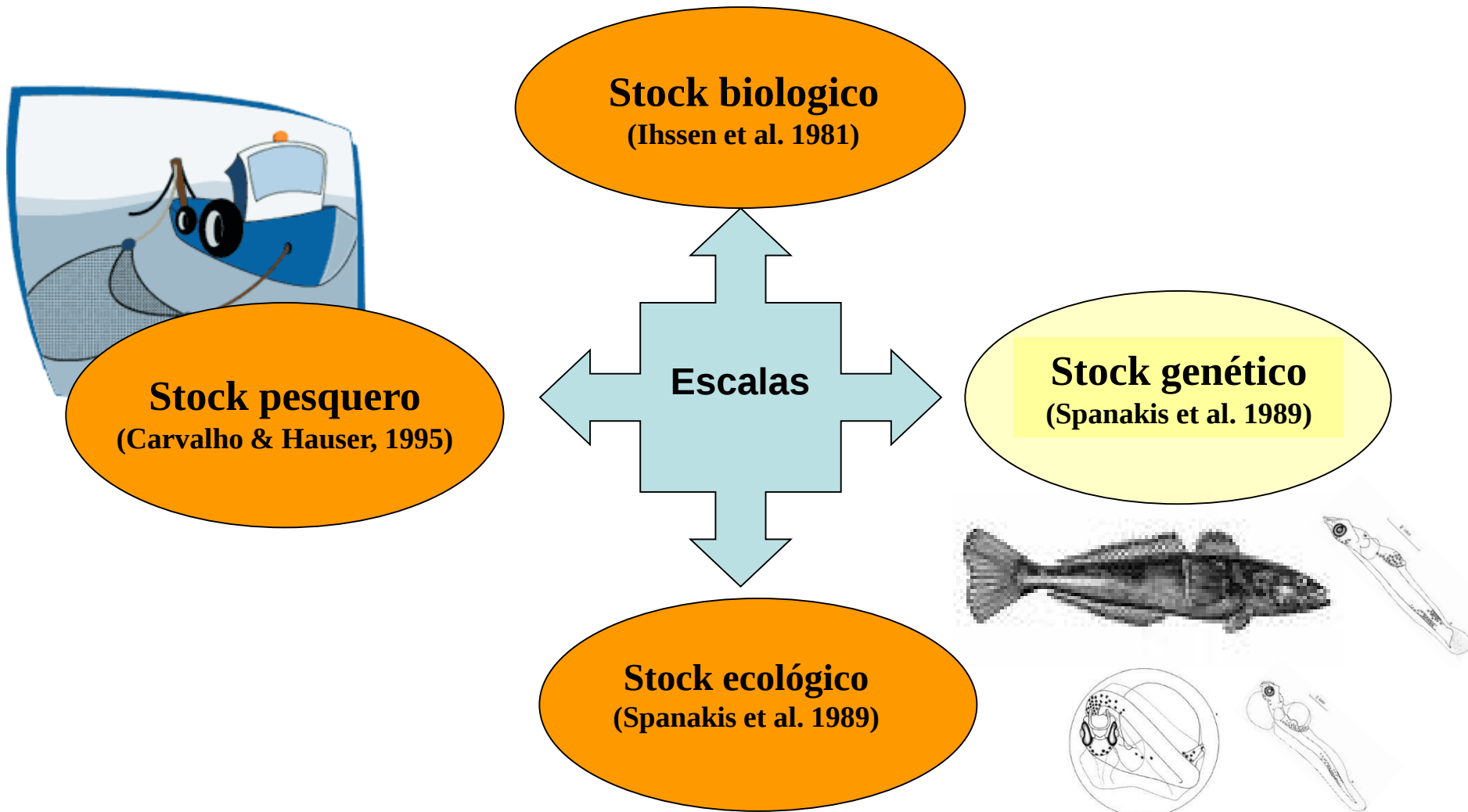
OBJETIVOS

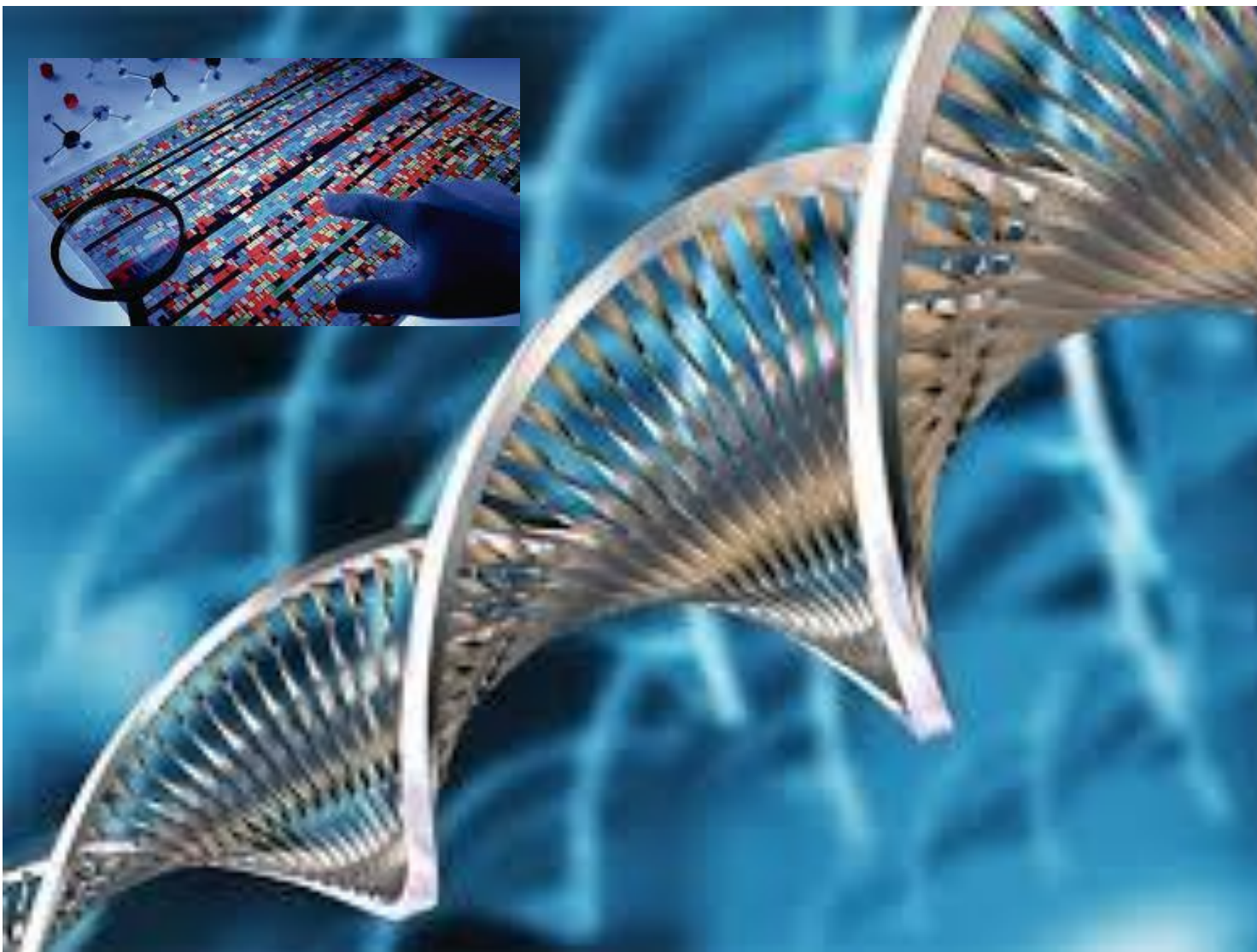
Caracterizar genéticamente la o las unidades poblacionales del Bacalao de Profundidad bajo pesquerías en Chile, la industria pesquera industrial localizada al sur del 47°S , y la pesquería artesanal, al norte de dicho paralelo.



El **objetivo** de identificar las **unidades poblacionales** de un recurso es entender la dinámica de su diferenciación espacial y temporal a distintas **escalas**, y aplicar estos conceptos en la conservación y manejo de las especies.

(Winans, 1987)





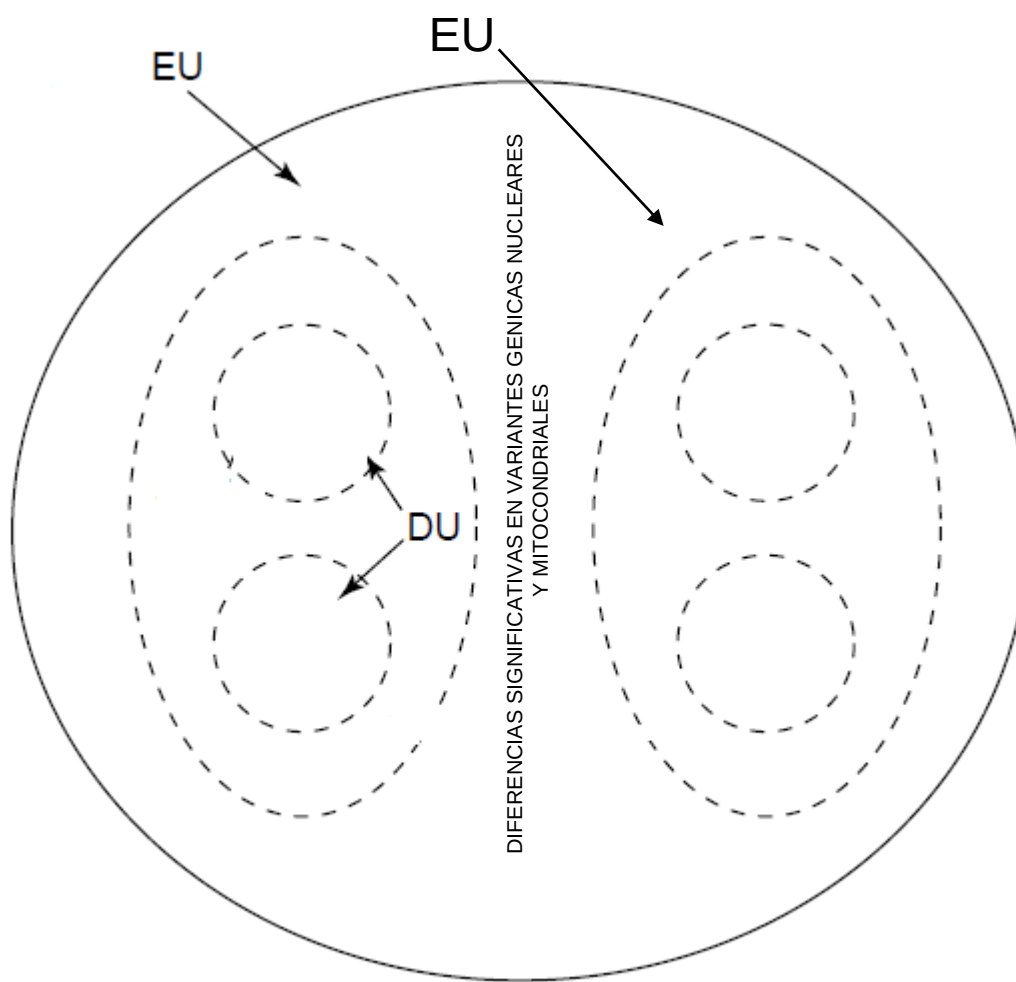
unidad biológica que **evolucionó** independientemente y que por lo tanto acumuló diferencias genéticas y pueden ser mantenidas en el tiempo bajo ciertas condiciones, especialmente si el flujo génico es bajo o cero (Spanakis et al. 1989).

UNIDADES EVOLUTIVAS

Stock genético
(Spanakis et al. 1989)

Conceptos teóricos y operacionales de unidades evolutivas

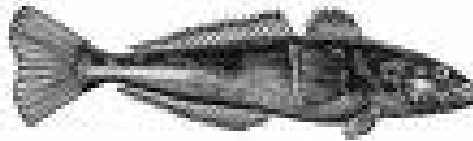
Autor (es)	Criterio
Dobzhansky (1950)	Clásica población mendeliana, con independencia evolutiva, con fertilización cruzada entre individuos que conforman un mismo pool génico.
Ryder (1986)	Subset de una especie, que posee atributos genéticos significativos para las generaciones presentes y futuras de la especie en cuestión.
Waples (1991)	Una población o grupo de poblaciones que: (i) Esta aislada significativamente en términos reproductivamente de otras unidades poblacionales conespecíficas; y (ii) Representa un importante componente de la historia evolutiva de la especie
Dizon et al. (1992)	Poblaciones o grupos de poblaciones que muestran significativa divergencia en frecuencias alélicas.
Avice (1994)	Conjunto de poblaciones derivadas de una filogenia génica consistentemente congruente.
Moritz (1994)	Poblaciones que:
ESU; Evolutionarily Significant Units	(i) Muestran una monofilia recíproca en variantes del ADN mitocondrial; y (ii) Muestran significativa divergencia genética de frecuencias alélicas de loci nucleares
Bowen (1998)	Poblaciones que muestran evidencia de aislamiento a largo plazo
Vogler & DeSalle (1994)	Grupo de individuos o poblaciones que son diagnosticados por caracteres que comparten, y por los cuales son excluidos desde otras agrupaciones
Crandall et al. (2000)	Abandona el término de ESU por un concepto más holístico de especie, consistente de poblaciones con variados niveles de flujos génicos, que evolucionan a través de deriva y selección.
Fraser & Bernatchez (2001)	Un linaje que muestra un flujo génico restringido desde y hacia otros linajes, dentro del más alto nivel organizacional (linaje) de las especies.
Taylor (2005)	Segmentos de población distintos: Equivalente a la definición de ESU, las cuales corresponden a unidades cercanamente relacionadas han tenido un bajo flujo génico que adaptaciones locales pueden ocurrir.
De Guia & Saitoh (2007)	Divide el término ESU en: • ESUs parcial: se considera como un primer paso hacia la identificación de una ESU total, y son fieles al concepto original de reflejar verdaderas variaciones evolutivas. • ESUs total: pueden ser definidas únicamente si se tiene la información tanto sobre la variación genética neutral, y adaptativa.



Si las líneas
continuas
representan la
distribución
geográfica de una
especie

EU, Poblaciones que muestran una monofilia recíproca en variantes del ADN mitocondrial; y significativa divergencia genética de frecuencias alélicas de loci nucleares.

DU, unidades demográficas son poblaciones con independencia demográfica y patrones de historia de vida, e.g fluctuaciones asincrónicas en tamaños, flujo génico restringido o nulo (McLaughlin, J, 2002)

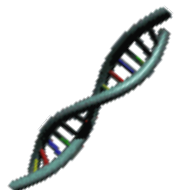
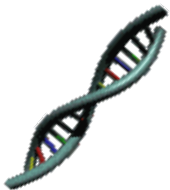


Defining 'Evolutionarily Significant Units' for conservation

Se evaluó las diferencias genéticas de *Dissotichus eleginoides* en su distribución geográfica en América del Sur.

La evidencia para dar cumplimiento a los objetivos se basa en el análisis de ADN nuclear de tipo microsatélites, y de ADN mitocondrial del gen Dloop y el NADH dehydrogenasa subunidad 2.

Para evaluar la estructura genética poblacional se utilizó el análisis estadístico tradicional y análisis bayesiano





Sampling localities of *Dissostichus eleginoides*

on the South American Plateau and Island South Georgia

Diseño de
muestreo
basado en la
biología del
recurso y la
experiencia del
sector
pesquero



- Instituto de Fomento Pesquero
- Universidad Austral
- GlobalPesca
- PolarPesca
- Australnova
- Falkland Islands Government
- Pescadores Artesanales
- IMARPE



Sampling localities of Dissostichus eleginoides
on the South American Plateau and Island South Georgia

Sample area	Sample Code	Latitude / Longitude	Sampling date	Sample Size
Perú North	PN	7°35' 81°15'	2007	43
Perú South	PS	12°46' 77°27'	2007	42
Iquique	BI	20°16' 70°49'	2007	81
Lebu	L	37°21' 74°31'	2001-2007	65
Valdivia	V	40°30' 74°31'	2001	37
Quellón	Q	46°30' 75°31'	2001	72
Golfo de Penas	GP	48°52' 75°25'	2007	37
Island Malvinas	FB	49°34' 54°28'	2007	52
Island South Georgia	POP	54°39' 34°00'	2007	91
Islas Diego Ramirez	TF	56°30' 68°37'	2007	66

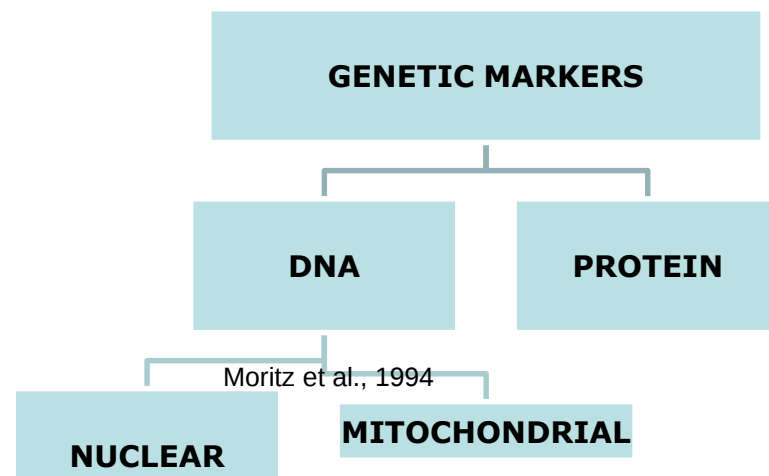
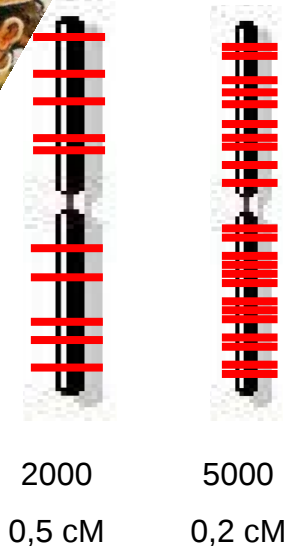
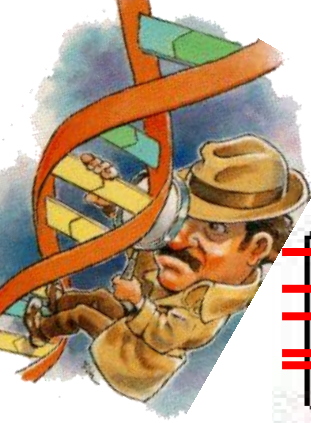
FIP N°2001-17 “Asignación de edades y crecimiento de bacalao de profundidad”

FIP N°2001-16 “Monitoreo de la pesquería artesanal de Bacalao de Profundidad entre la VIII y XI regiones”

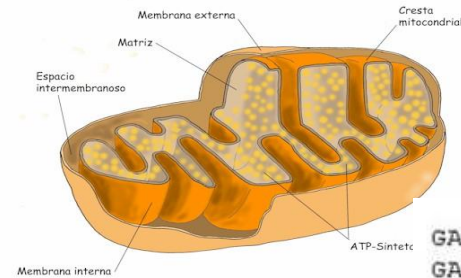
FIP N°2006-41 “UNIDADES POBLACIONALES DEL BACALAO DE PROFUNDIDAD”

N = 652

METHODS: GENETIC MARKERS



Oyarzun et al., 2003. 6 enzimas/37 a 54°LS



Haplotipos, secuencia de ADN específico, heredado desde uno de los parentales

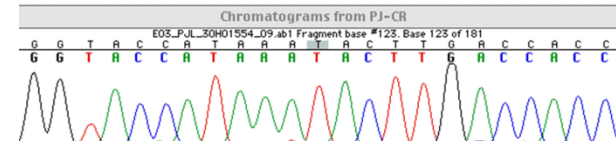
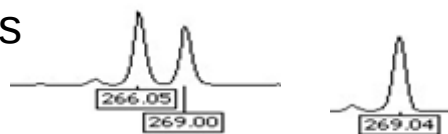
GATATTCGTACGGATT
GATGTTTCGTACTGAAT
GATATTCGTACGGATT
GATATTCGTACGGAAAT
GATGTTTCGTACTGAAT
GATGTTTCGTACTGAAT

AGT
GTA
AGA
Haplotypes

ND2 DLOOP

Genotipos, combinación de alelos de un gen específico, que ha sido heredado desde ambos padres

genotypes



Haplotypes

¿Que son los Microsatélites?



➤ Loci microsatélites son cortas secuencias de ADN ubicadas en tándem.

➤ Las cortas secuencias de ADN pueden ser de 1 a 5 pares de bases nitrogenadas de longitud (motivo de repetición).

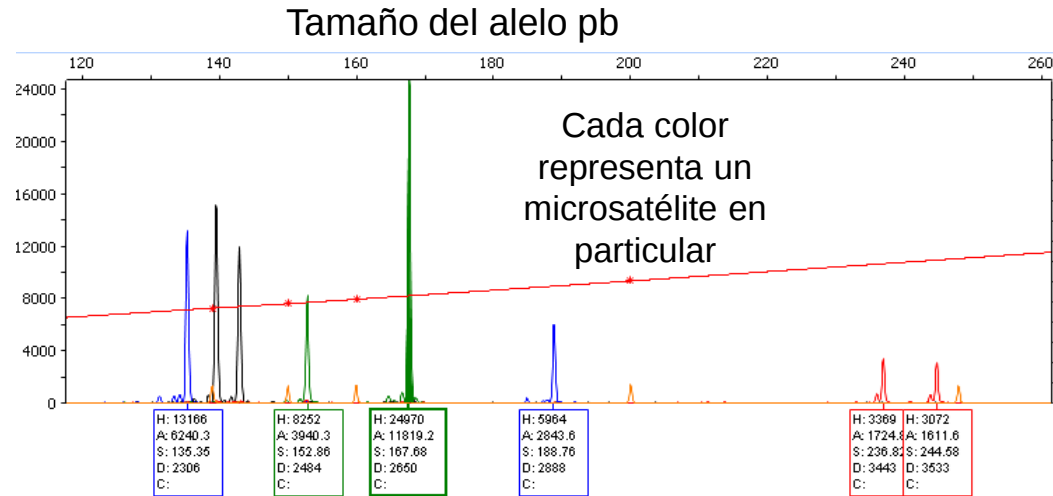
➤ El numero de alelos microsatélites es altamente variables debido al deslizamiento de la polimerasa durante la replicación del ADN, esto hace que

➤ Sea una sensitiva herramienta molecular para detectar estructura genetica y migraciones.

➤ La mayoría de los microsatelites estan presentes en intrones y regiones no codificantes del genoma, por lo que no estarían afectados a la selección natural.

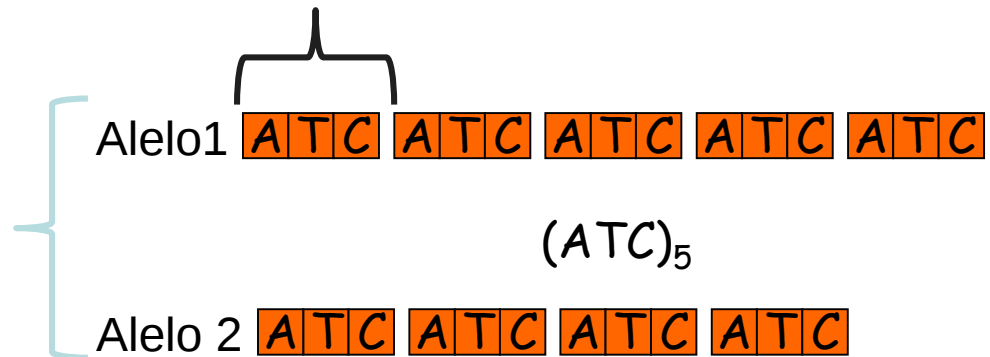
➤ La diversidad de los microsatelites son detectados por amplificacion mediante PCR, con partidores que aislan los bloques microsatelites.

Densidad del peak de fluorescencia



For example:

Motivo de repetición



(ATC)₅

(ATC)₄

Genotipo = ATC5/ATC4

Pero antes de analizar los microsatélites hay que aislarlos del genoma de la especie

**Microsatellite loci to determine
population structure of the Patagonian
toothfish *Dissostichus eleginoides***

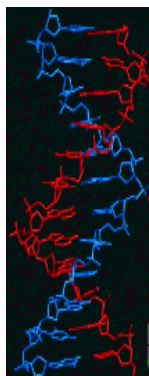
A. REILLY and R. D. WARD 1999

Characteristics of
microsatellite loci successfully
amplified in *D. eleginoides*

**Allozyme and microsatellite DNA markers of toothfish
population structure in the Southern Ocean**

P. SMITH* AND M. McVEAGH 2000

Locus	Primer Sequence (5'-3')	MgCl ₂ (mM)	Repeat Motif	Size (pb)	Annealing temp. °C
CmrDe4	GCCTTCCCAAACCTGAGC ACCCCTCATCCCAACAC	2.5	(CAA) ₈	260-299	52
CmrD9	TGAGGAGCATCCTAATAC AACCAATAGAATCCAGAG	2.5	(CA) ₃₂	212-284	48
CmrDe30	CACTGACCTTTAACCTGCG CCAGCCAAAAACCTCAC	1.5	(CA) ₁₄	161-181	50
CmrDe2	GAGACCTCTGACAGGGTAG TGACAGATGTTTTCTGATTAAG	1.5	(CA) ₂₉	119-149	50
To2	CTCTGAAGATGAATTGGTGGATGC CATCATGTCACCCTGTCTTTAACG	2.5	(CA) _n	121-151	54
To5	CACAGACCAGCACTACAACCCAAGG AAGTGTAGTAATCCAAATGCACGC	2.5	(CA) _n	157-169	54

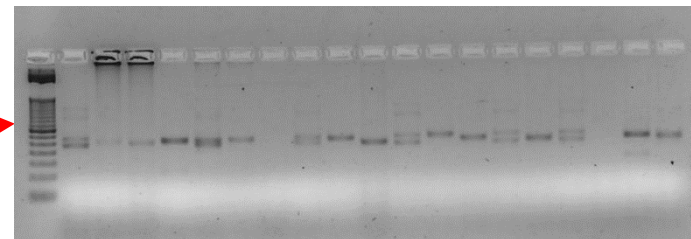


Sampling and DNA extraction



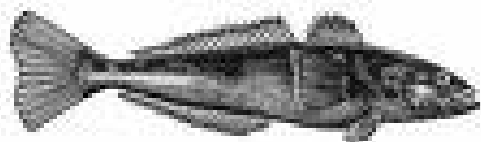
PCR reactions

loci microsatellite

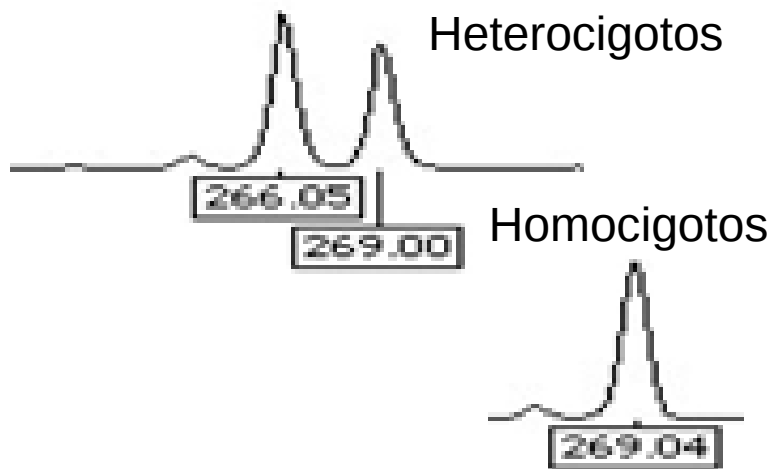


Agarose gel

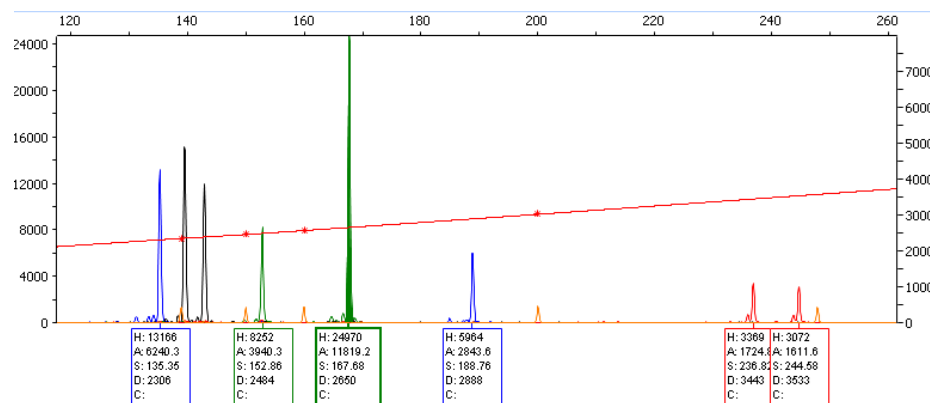
N; 652



**Characterization of
microsatellite genotypes
DNA Sequencer**

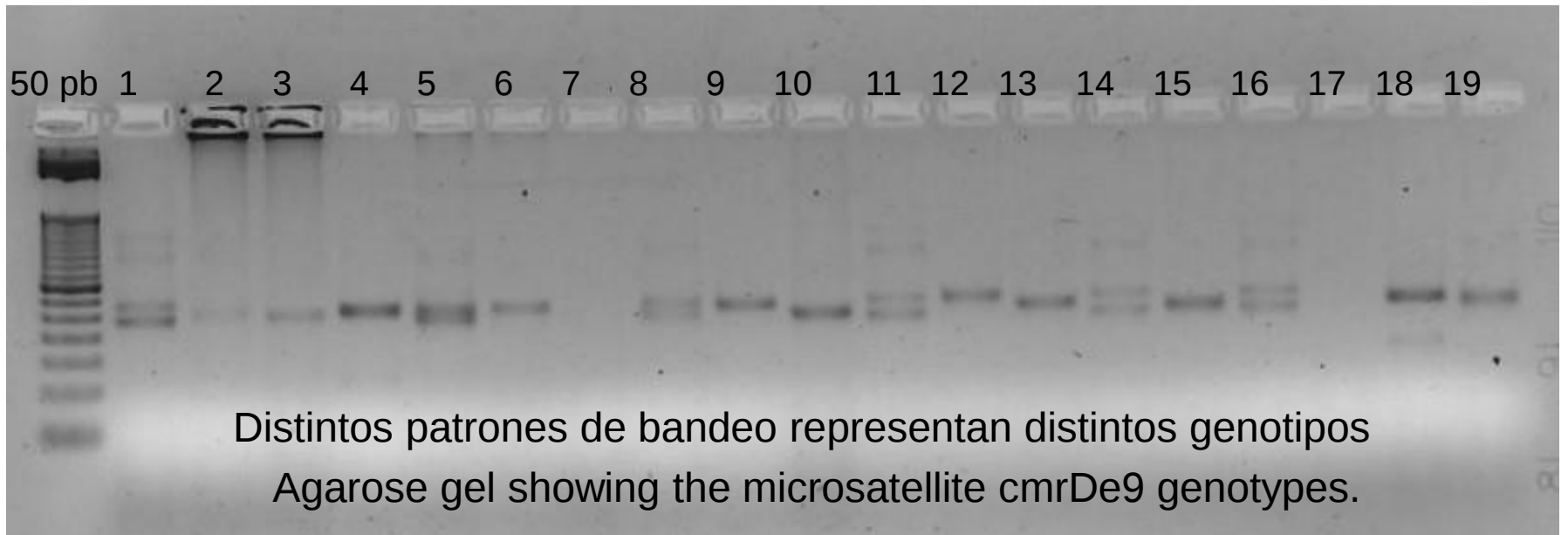
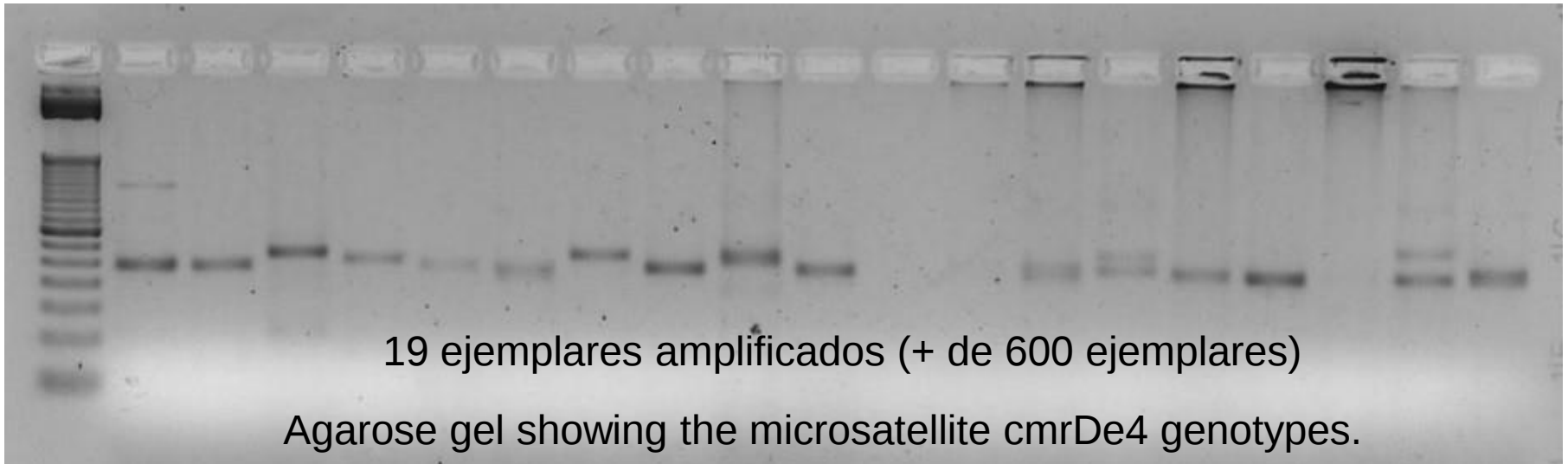


Data base



RESULTS

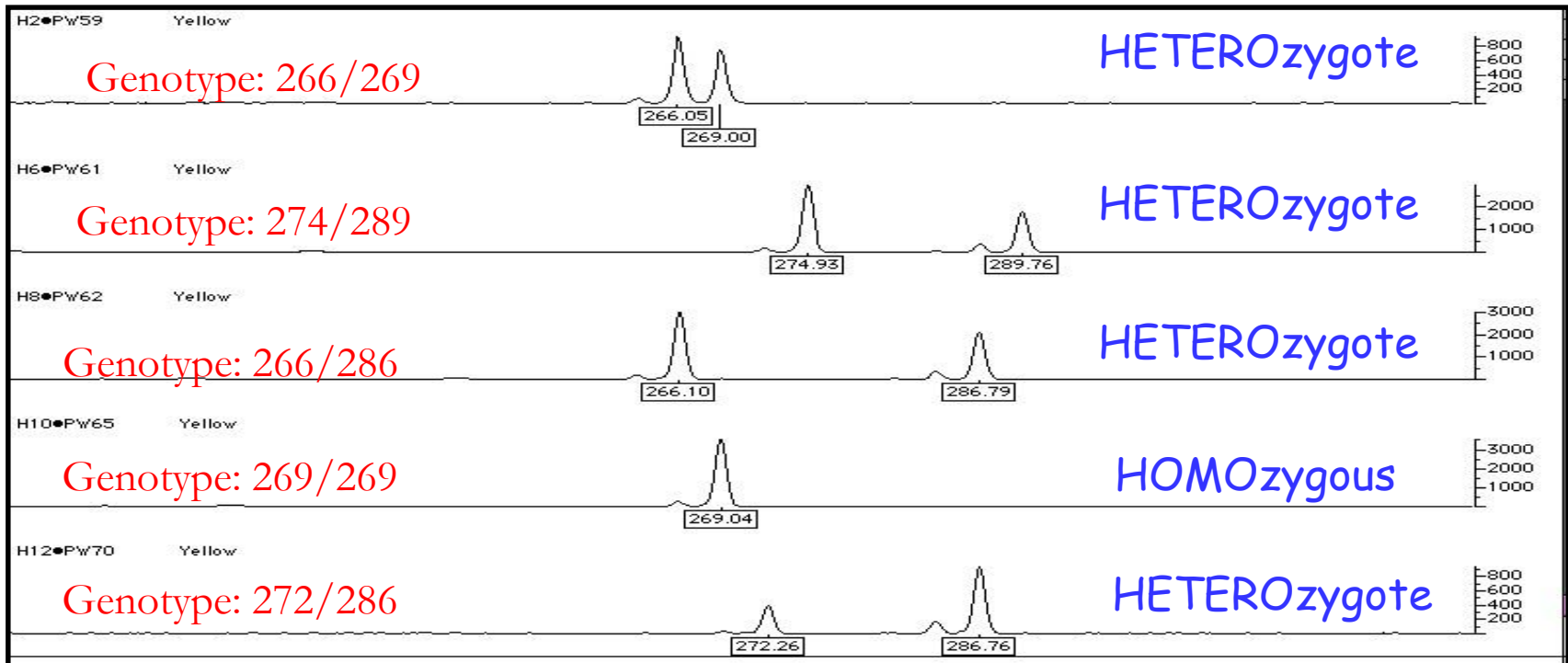
Verificación de la amplificación de cada alelo microsatélite, previo al análisis en secuenciador



Genotypes of microsatellite were scored and binned using Peakscanner software (Applied Biosystems)

Example of Chromatogram. Fragment analysis and image microsatellite cmrD4

Cinco ejemplares provenientes de Puerto Williams



Homozygous: An organism is referred to as being homozygous at a specific locus when it carries two identical copies of the gene (dos alelos identicos).

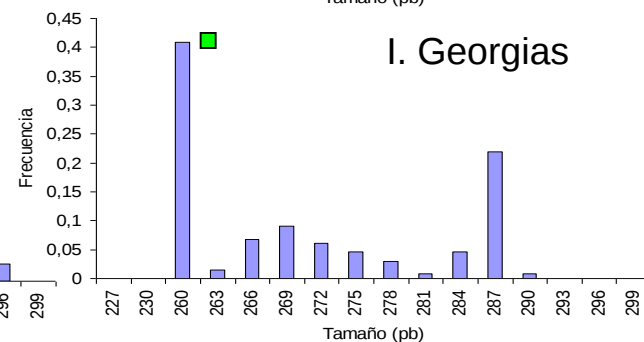
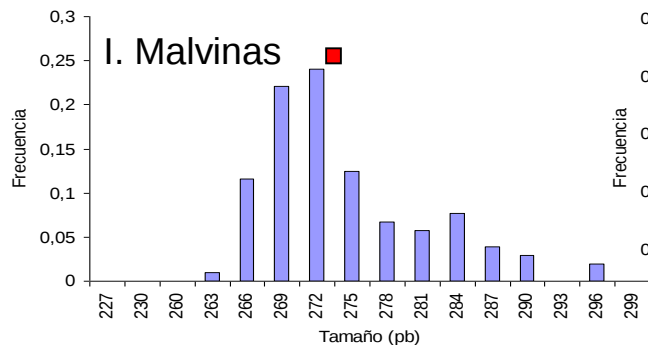
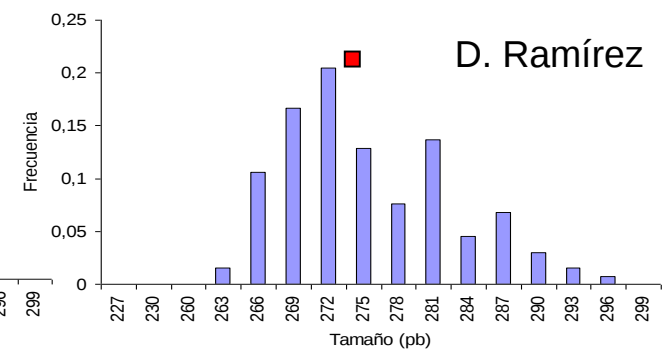
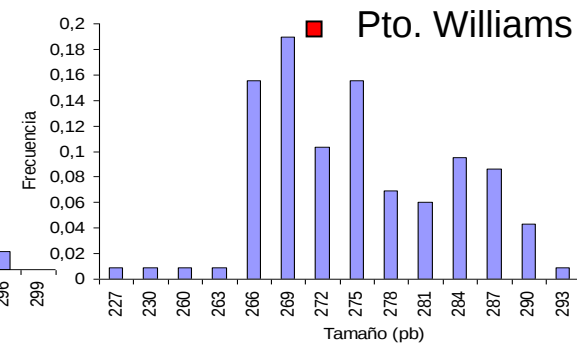
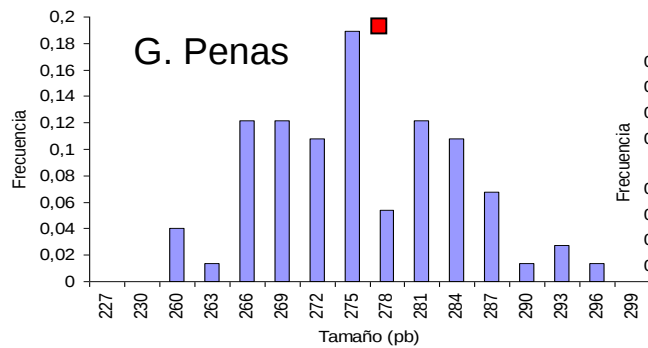
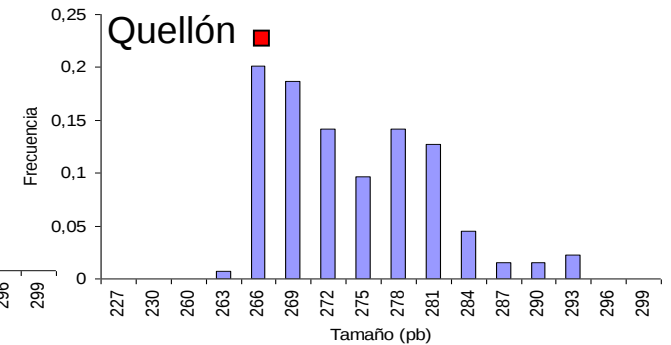
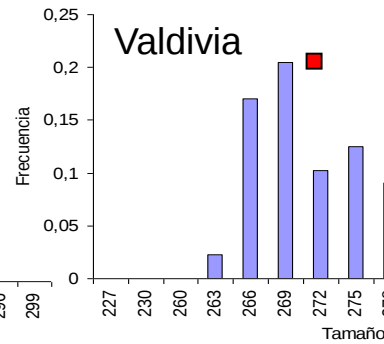
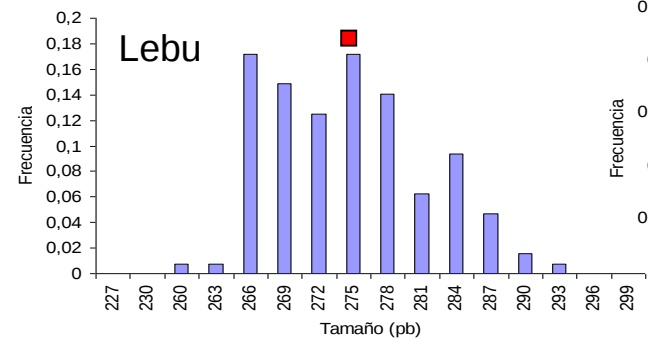
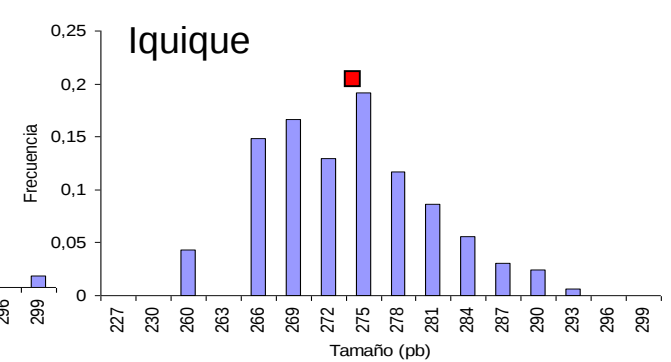
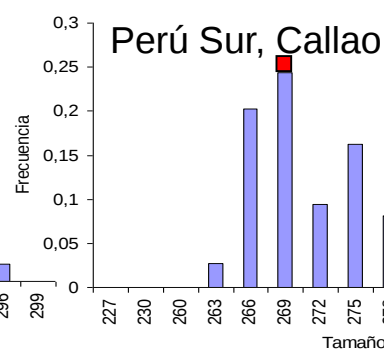
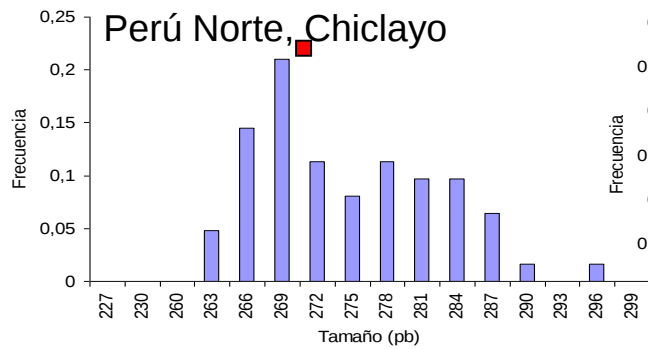
Heterozygotes: An organism is a heterozygote at a locus when it has different alleles occupying the gene (dos alelos distintos).



RESULTS MICROSATELLITES

Data base of 3924 genotypes



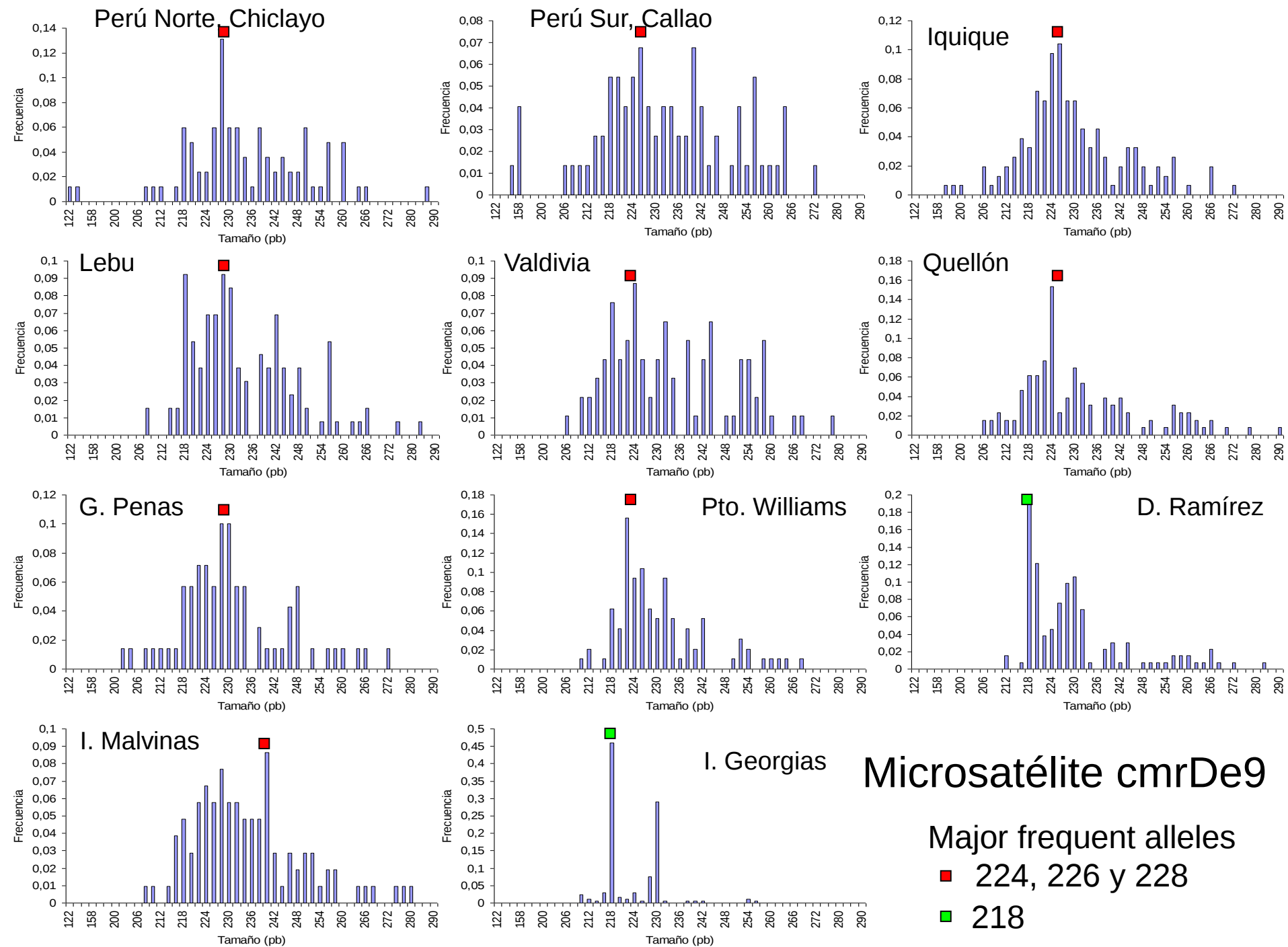


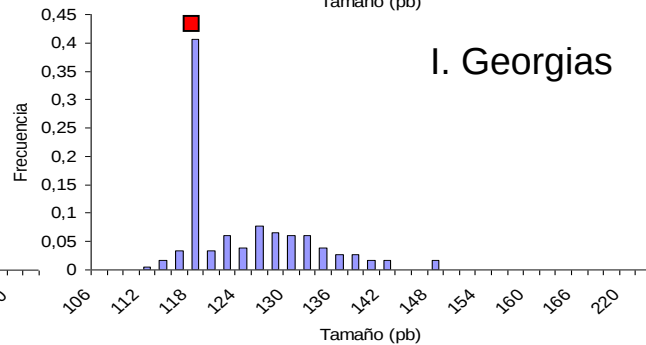
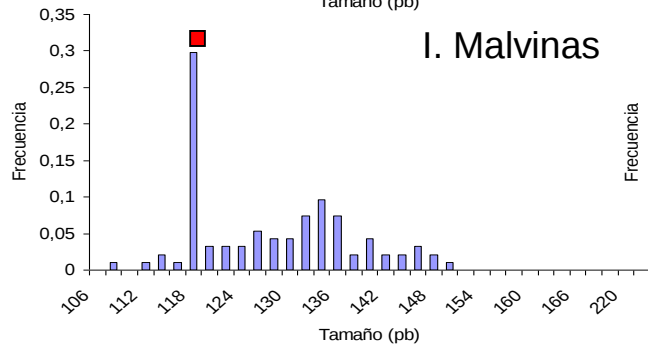
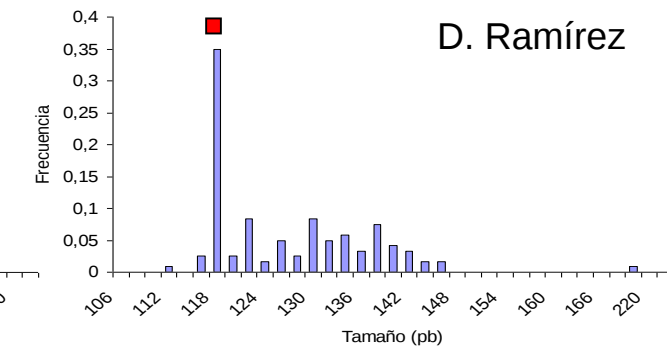
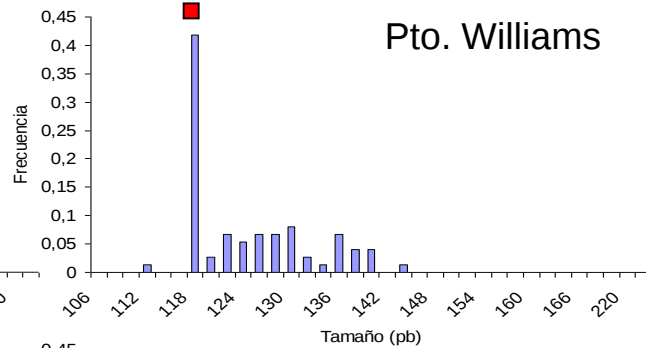
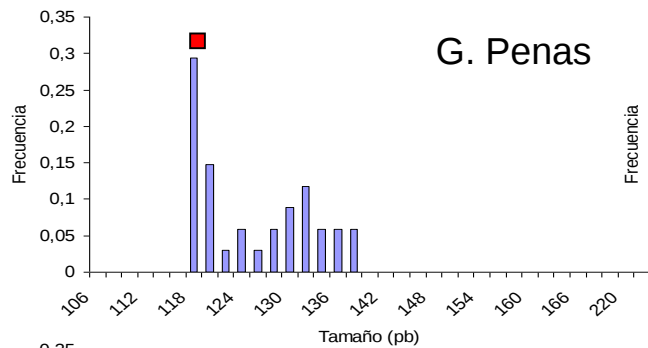
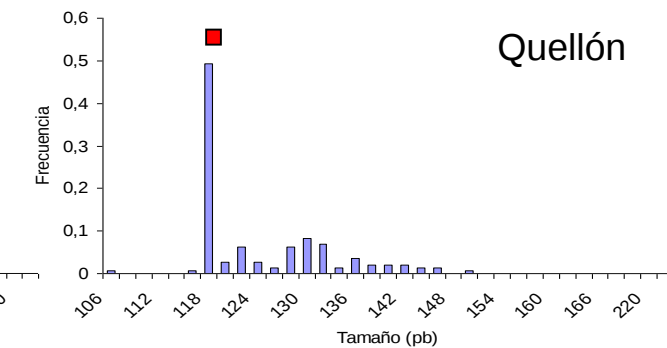
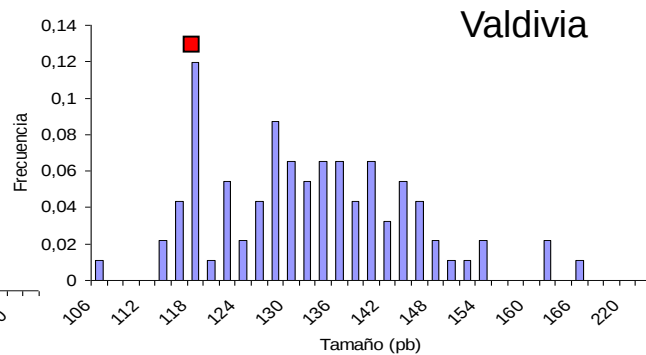
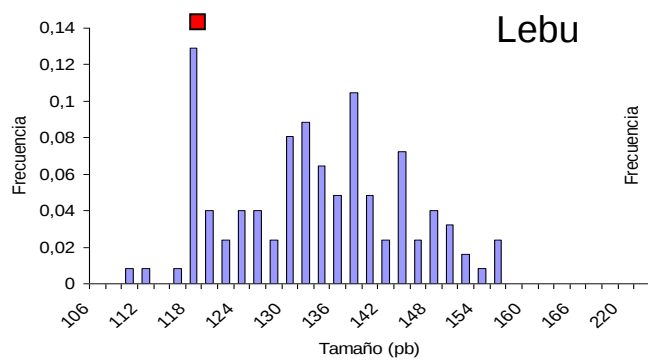
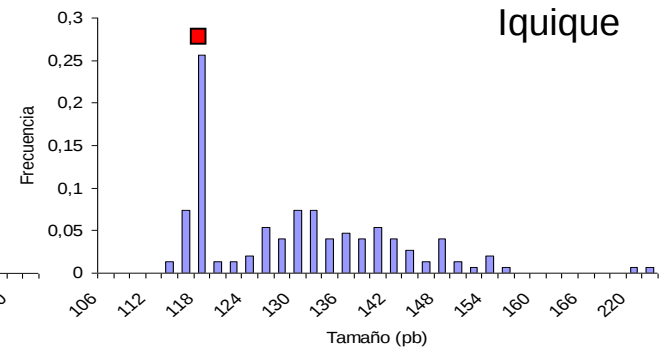
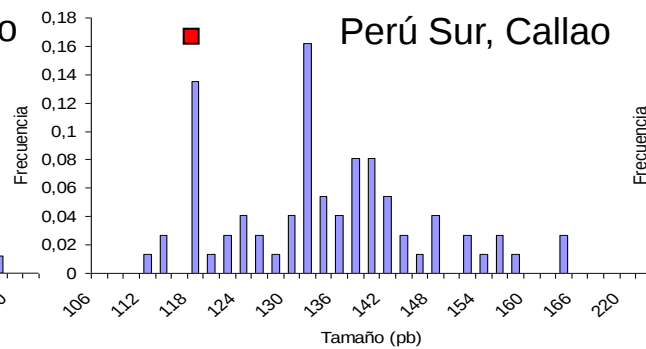
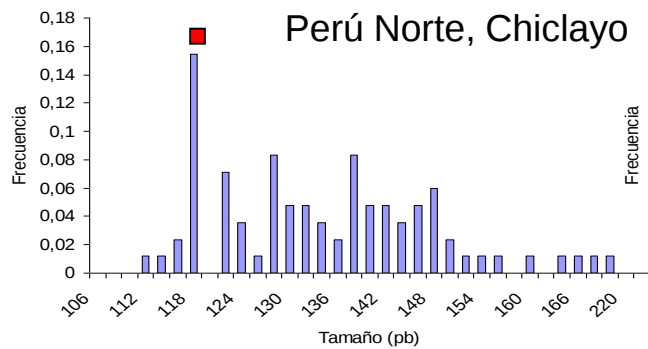
Microsatélite cmrDe4

Major frequent alleles

■ 266, 269

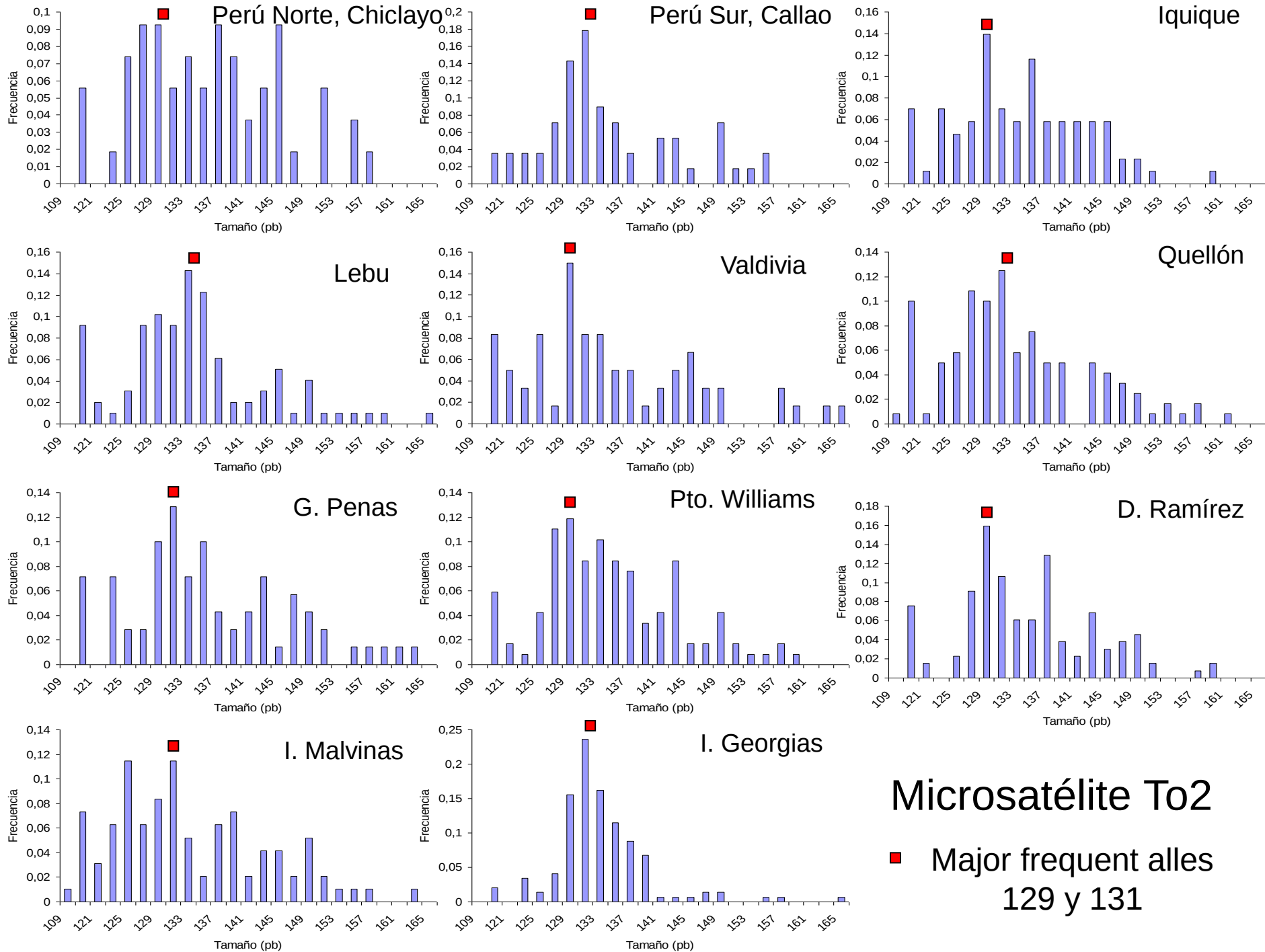
■ 260





Microsatélite cmrDe2

■ Major frequent alleles
118



Genetic structuring in sampled locations of *D. eleginoides* based in microsatellites.

Below diagonal are pairwise F_{ST} values (Wright, 1951).

Above diagonal are P-Values for pairwise differentiation. Test that remain significant after Bonferroni corrections are indicated with an asteriks.

8/11

Samples	Peru Norte	Peru Sur	Iquique	Lebu	Valdivia	Quellon	Golfo de Penas	Pto. Williams	Is. Diego Ramirez	Is. Malvinas	Is. Georgias
Peru Norte	/	0.834	0.987	0.999	0.999	0.000*	0.999	0.999	0.999	0.995	0.000*
Peru Sur	0.005	/	0.800	0.999	0.999	0.000*	0.999	0.998	0.127	0.372	0.000*
Iquique	0.010	0.003	/	0.999	0.999	0.614	0.999	0.999	0.999	0.999	0.000*
Lebu	0.070	0.081	0.045	/	0.950	0.999	0.999	0.999	0.999	0.999	0.0001*
Valdivia	0.108	0.128	0.074	0.005	/	0.999	0.999	0.999	0.999	0.999	0.999
Quellon	0.014	0.020	0.001	0.037	0.078	/	0.999	0.999	0.085	0.001	0.000*
Golfo de Penas	0.090	0.073	0.071	0.054	0.088	0.052	/	0.999	0.999	0.999	0.997
Pto. Williams	0.040	0.015	0.047	0.099	0.162	0.018	0.0366	/	0.999	0.999	0.000*
Is. Diego Ramirez	0.011	0.003	0.026	0.073	0.119	0.002	0.0530	0.0101	/	0.067	0.000*
Is. Malvinas	0.010	0.000	0.020	0.055	0.101	0.007	0.0432	0.0114	0.0029	/	0.000*
Is. Georgias	0.062	0.067	0.044	0.011	0.018	0.053	0.0142	0.0209	0.0212	0.05	/

- The range 0 to 0.05 may be considered as indicating *little* genetic differentiation.
- The range 0.05 to 0.15 indicates *moderate* genetic differentiation. ✓
- The range 0.15 to 0.25 indicates *great* genetic differentiation.
- Values of F_{ST} above 0.25 indicate *very great* genetic differentiation.

En peces marinos, variados estudios han indicado una débil diferenciación genética a través de amplias escalas geográficas (Ward et al., 1994), con valores de F_{ST} promedio de 0,01.



To quantify the inbreeding effect of populations subdivision, Wright (1921) defined what has come to be called the **fixation index**

$$F_{ST} = (H_t - H_e) / H_t$$

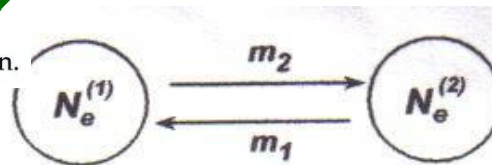
Genetic structuring in sampled locations of *D. eleginoides* based in microsatellites.
 Below diagonal are pairwise Rst values (Slatkin, 1995).
 Above diagonal are P-Values for pairwise differentiation.
 Test that remain significant after Bonferroni corrections
 are indicated with an asteriks.

11/11

	Peru Norte	Peru Sur	Iquique	Lebu	Valdivia	Quellon	Golfo de Penas	Pto. Williams	Is. Diego Ramirez	Is. Malvinas	Is. Georgias
Peru Norte	/	0.888	0.234	0.999	0.999	0.0009	0.999	0.999	0.002	0.066	0.000
Peru Sur	0.0148	/	0.172	0.149	0.960	0.000	0.967	0.723	0.0009	0.008	0.000
Iquique	0.0087	0.0175	/	0.093	0.635	0.000	0.999	0.999	0.930	0.338	0.000
Lebu	0.0320	0.0172	0.0161	/	0.962	0.000	0.997	0.919	0.003	0.106	0.000
Valdivia	0.0503	0.0215	0.0038	0.0109	/	0.016	0.999	0.999	0.823	0.999	0.000
Quellon	0.0643	0.0889	0.0404	0.0755	0.0287	/	0.999	0.999	0.061	0.038	0.000
Golfo de Penas	0.1090	0.0346	0.1566	0.0276	0.0798	0.0526	/	0.999	0.999	0.999	0.000
Pto. Williams	0.0891	0.0076	0.1015	0.0098	0.0877	0.0374	0.0463	/	0.999	0.997	0.000
Is. Diego Ramirez	0.0349	0.0655	0.0127	0.0298	0.0071	0.0109	0.0600	0.0480	/	0.015	0.000
Is. Malvinas	0.0150	0.0614	0.0060	0.0103	0.0236	0.0190	0.0321	0.0207	0.0174	/	0.000
Is. Georgias	0.1885	0.2060	0.1269	0.2552	0.2116	0.1055	0.0693	0.0648	0.0799	0.1898	/

- The range 0 to 0.05 may be considered as indicating *little* genetic differentiation.
- The range 0.05 to 0.15 indicates *moderate* genetic differentiation.
- The range 0.15 to 0.25 indicates *great* genetic differentiation. ✓
- Values of F_{ST} above 0.25 indicate *very great* genetic differentiation.

$$F_{ST} = \frac{1}{1 + 4Nm}$$

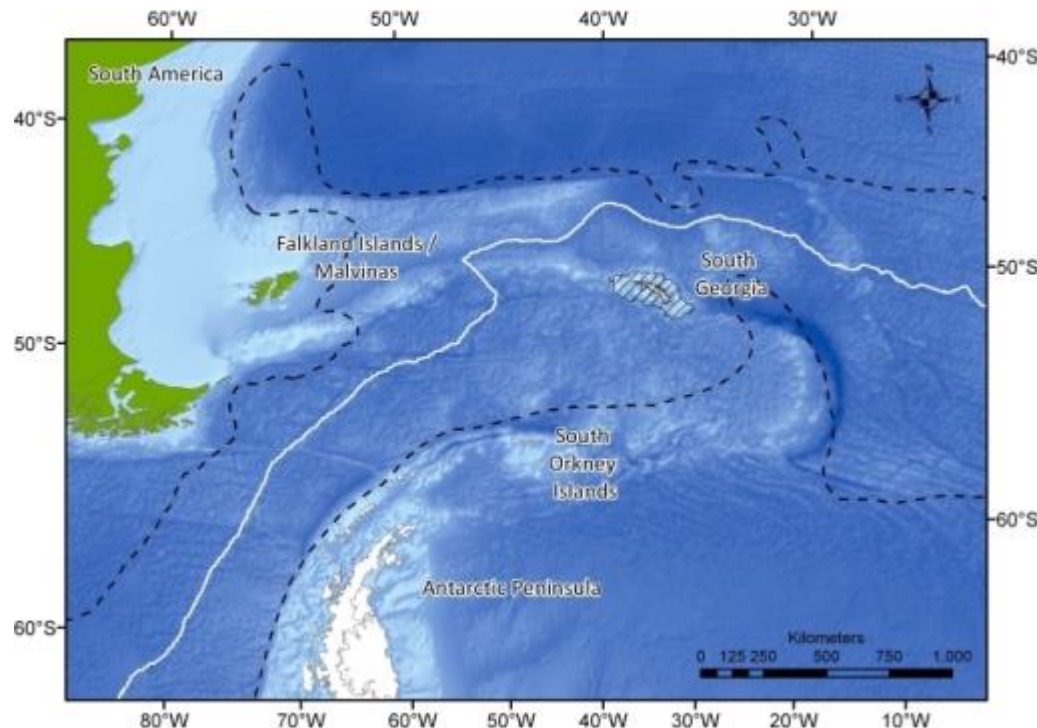


$$F_{ST} = (H_t - H_e) / H_t$$



MICROSATELITES

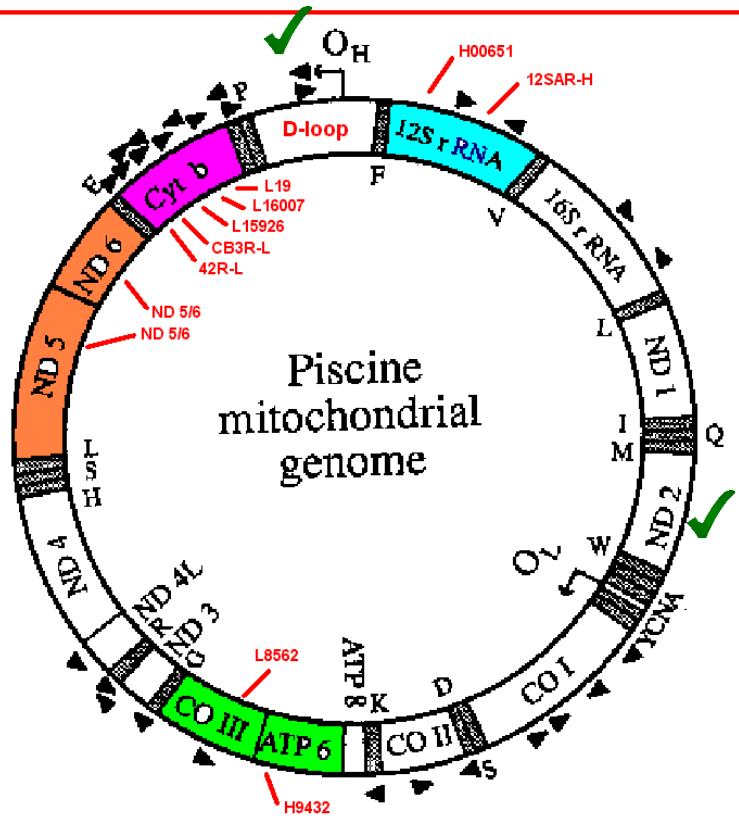
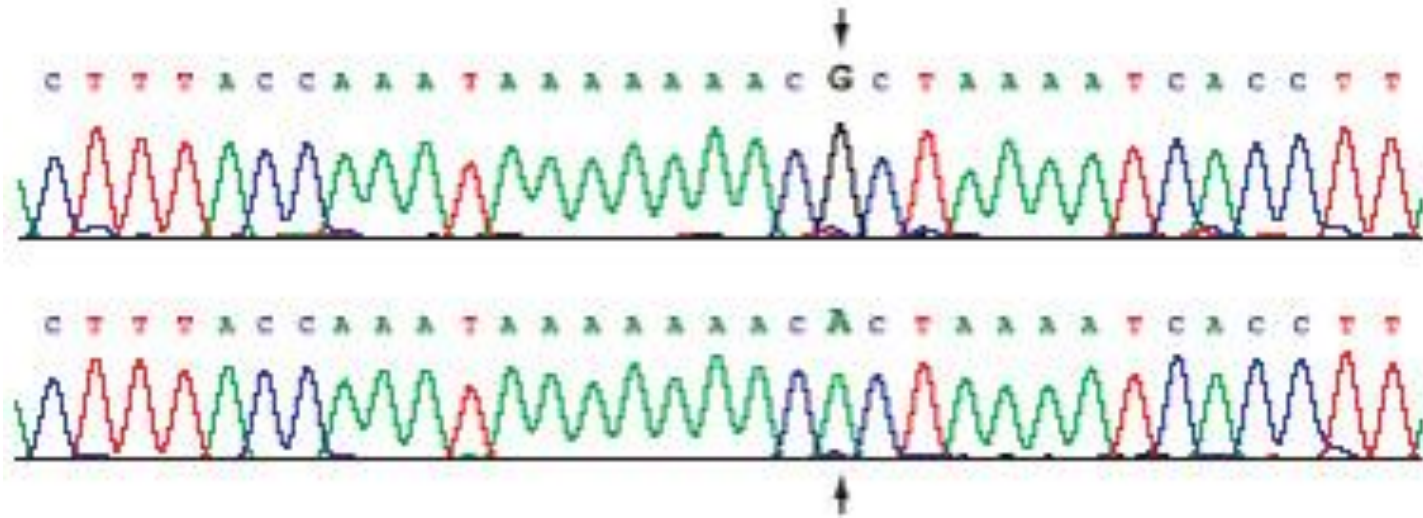
Divergencia genética significativa fue evidenciada entre las localidades desde el Plateau de America del Sur e Islas Georgia.



**Primer requisito
de una unidad
evolutiva**



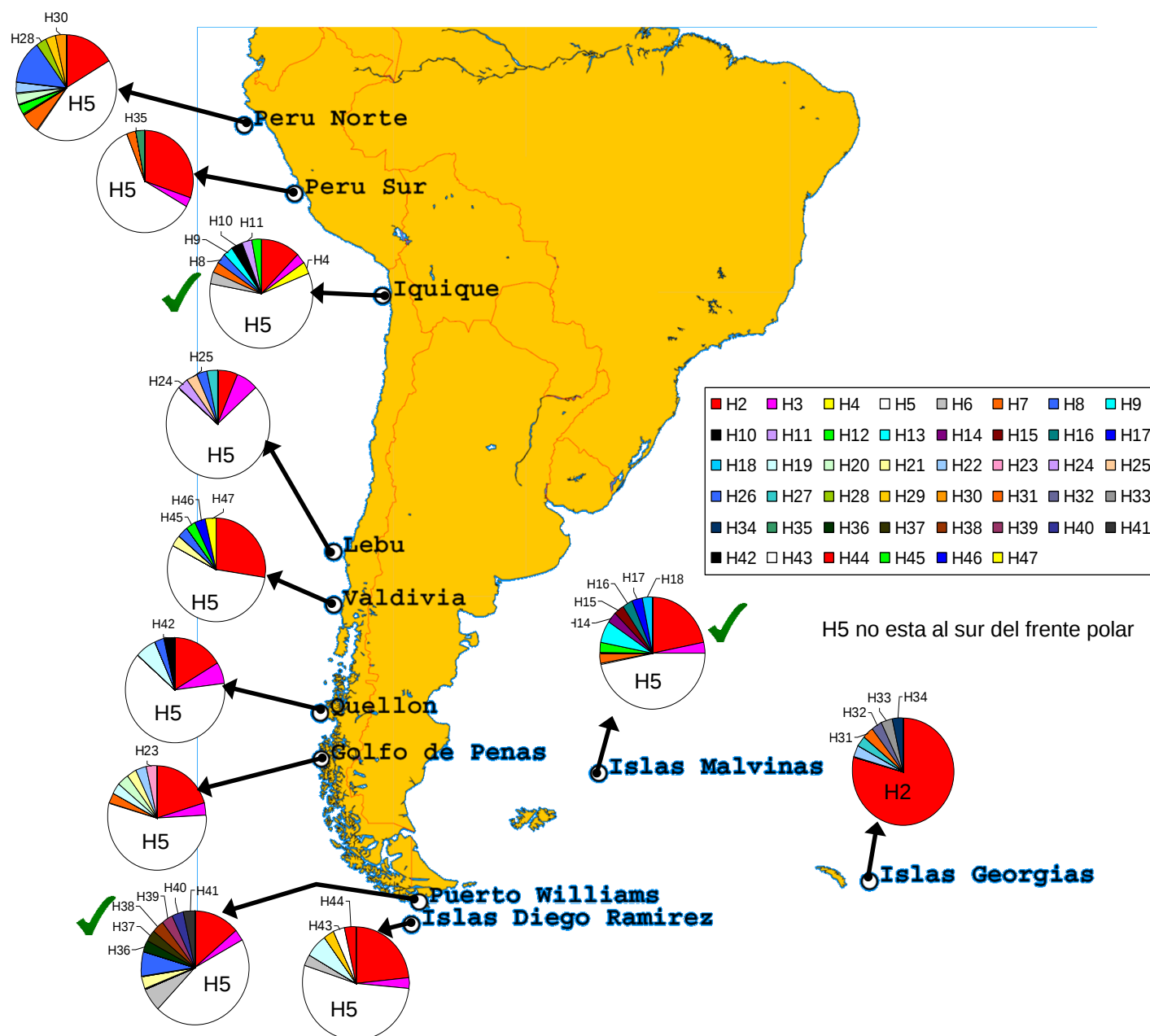
DNA MITOCHONDRIAL



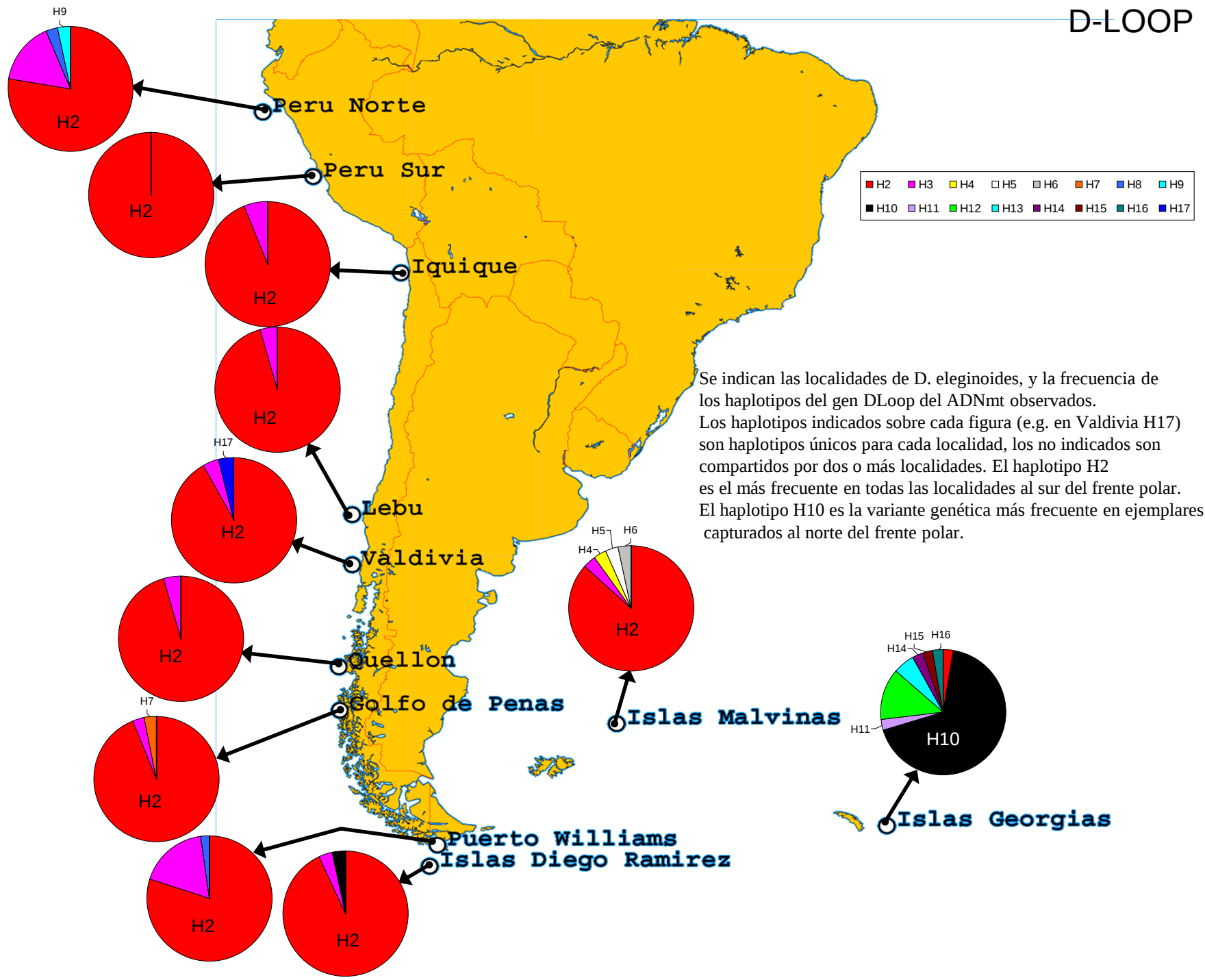
- ❑ NADH dehydrogenase subunit 2;
- ❑ 900 pb, 333 sequences
- ❑ Dloop;
- ❑ 500 pb, 344 sequences

RESULTS

DNA mitochondrial DLoop and ND2

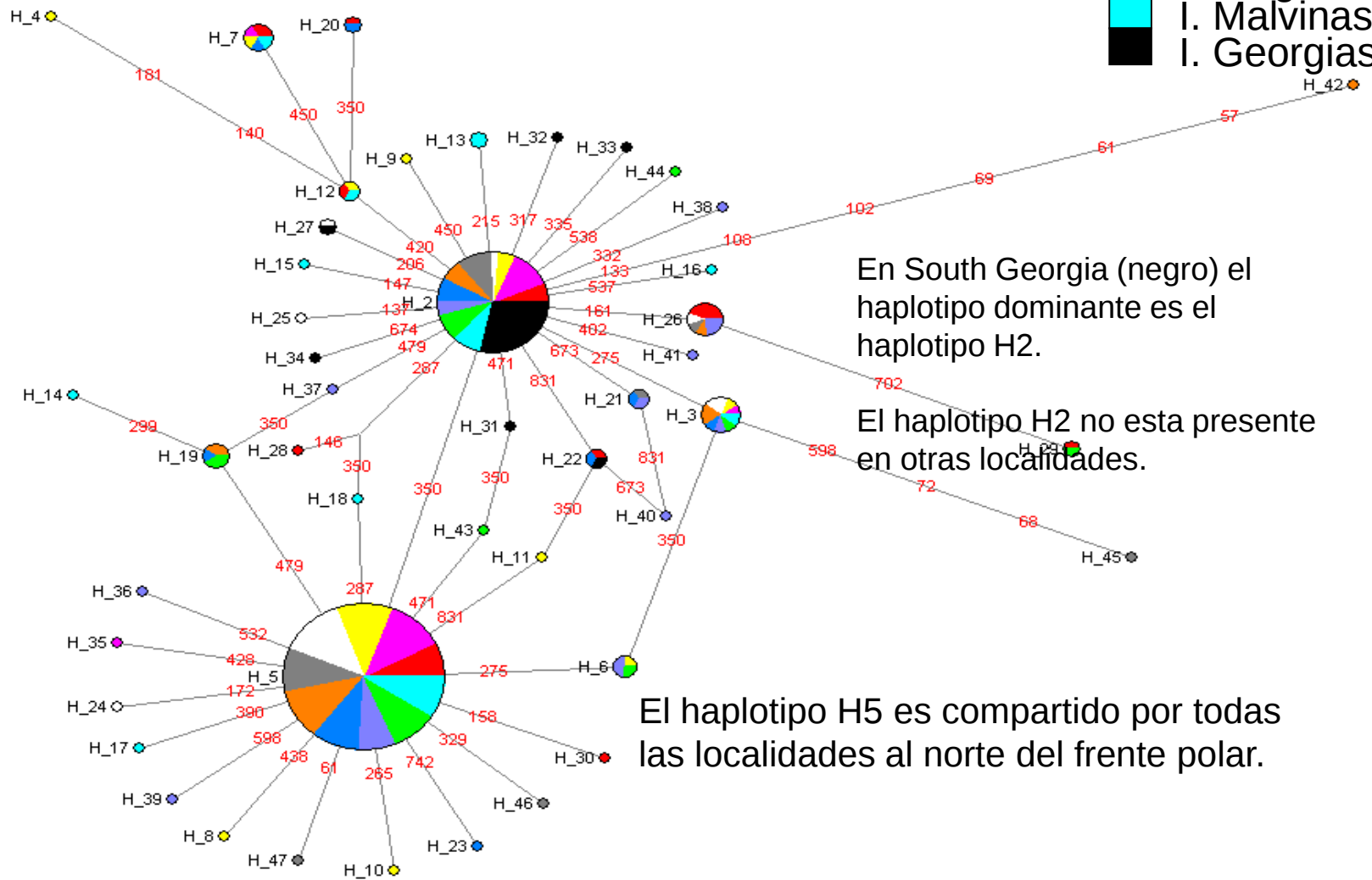


Se indican las localidades de muestreo de *Dissostichus eleginoides*, y la frecuencia de los haplotipos del gen ND2 del ADN mitocondrial observados. Los haplotipos indicados sobre cada figura (e.g. en Lebu H24 y H25) son haplotipos únicos para cada localidad, los no indicados son compartidos por dos o más localidades. El haplotipo H5 es el más frecuente en todas las localidades al sur del frente polar. El haplotipo H2 es la variante genética más frecuente en ejemplares capturados al norte del frente polar.



RED DE HAPLOTIPOS PARA ND2

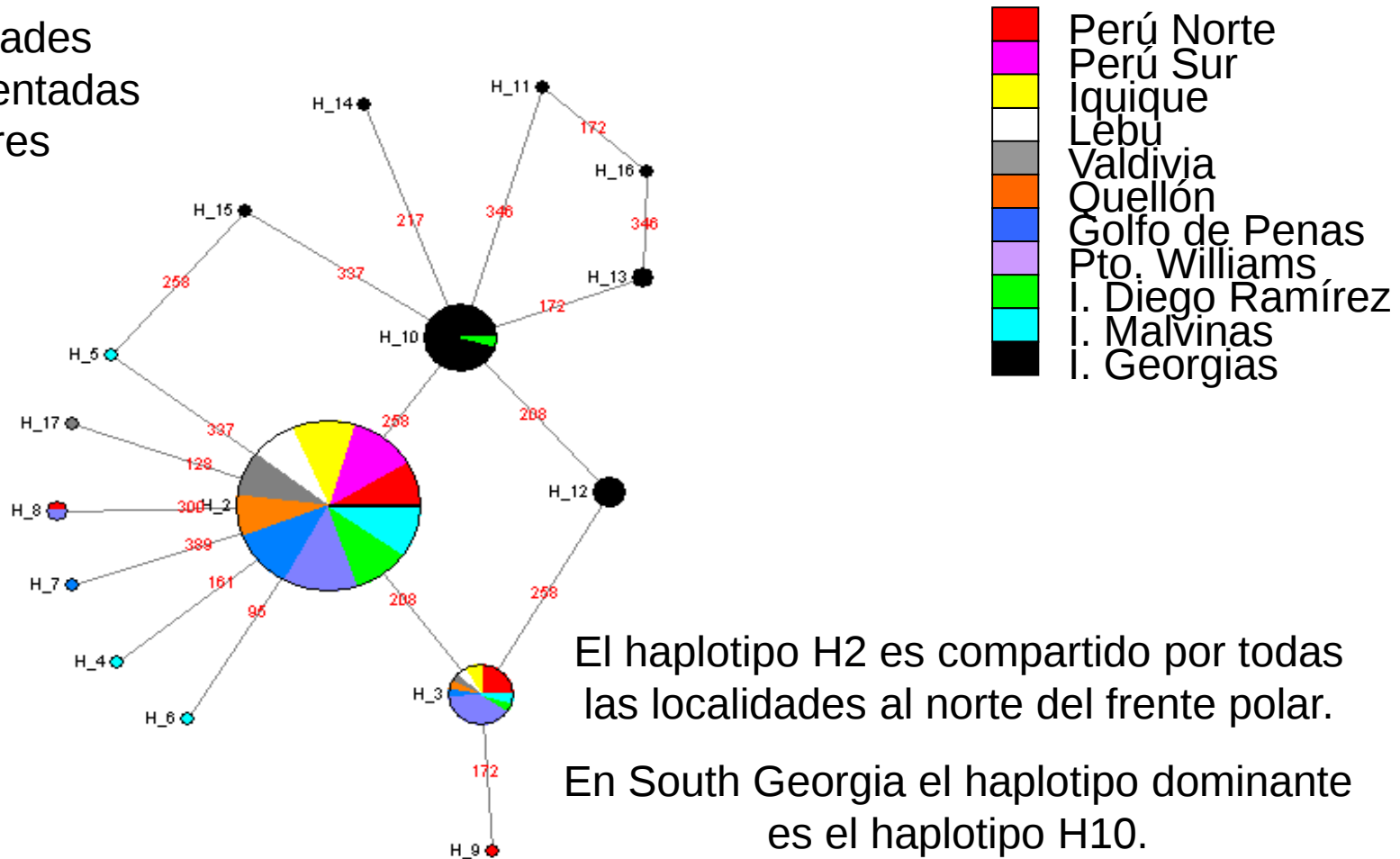
Red de haplotipos basados en 333 amplicones del ND2 para *Dissostichus eleginoides* (H_1 – H_47). Los haplotipos son representados por los círculos. El tamaño de los círculos es proporcional a la frecuencia del haplotipo en cada localidad (color). El número rojo representa el paso (mutación o secuencia no muestreada) requerida para unir los haplotipos en la red.



RED DE HAPLOTIPOS PARA DLOOP

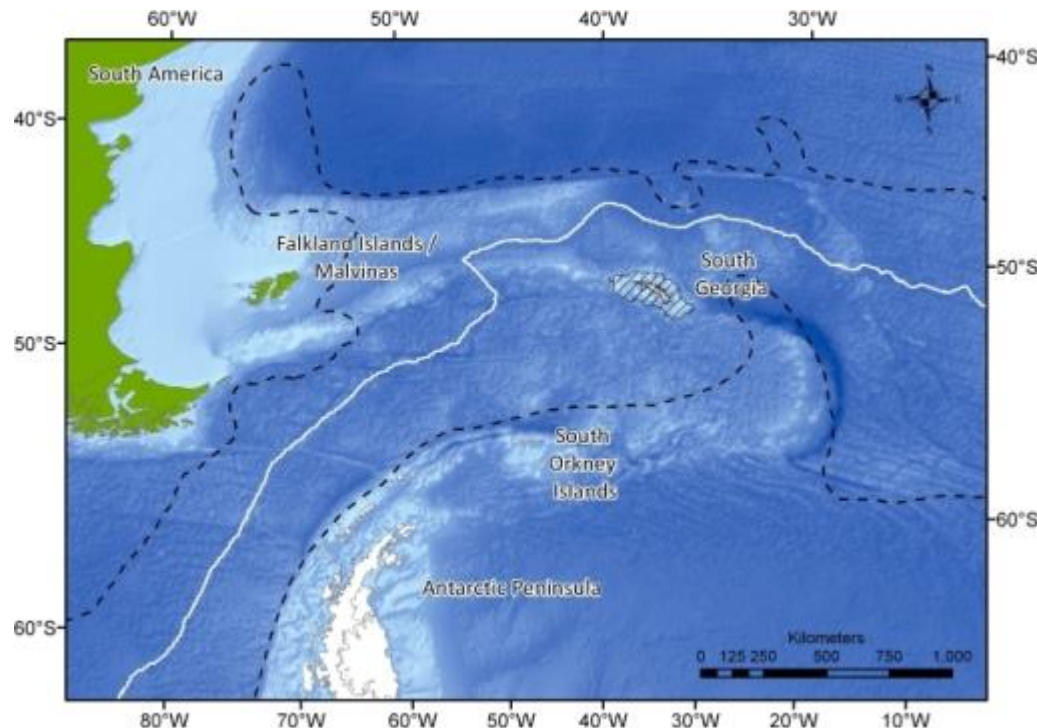
Red de haplotipos basados en 344 secuencias del Dloop para *Dissostichus eleginoides* (H_1 – H_16). Los haplotipos son representados por los círculos, mostrando su frecuencia por localidad. El tamaño de los círculos es proporcional a la frecuencia del haplotipo. El numero rojo representa el paso (mutación o secuencia no muestreada) requerida para unir los haplotipos en la red.

Las localidades
están representadas
por colores



ADN MITOCONDRIAL

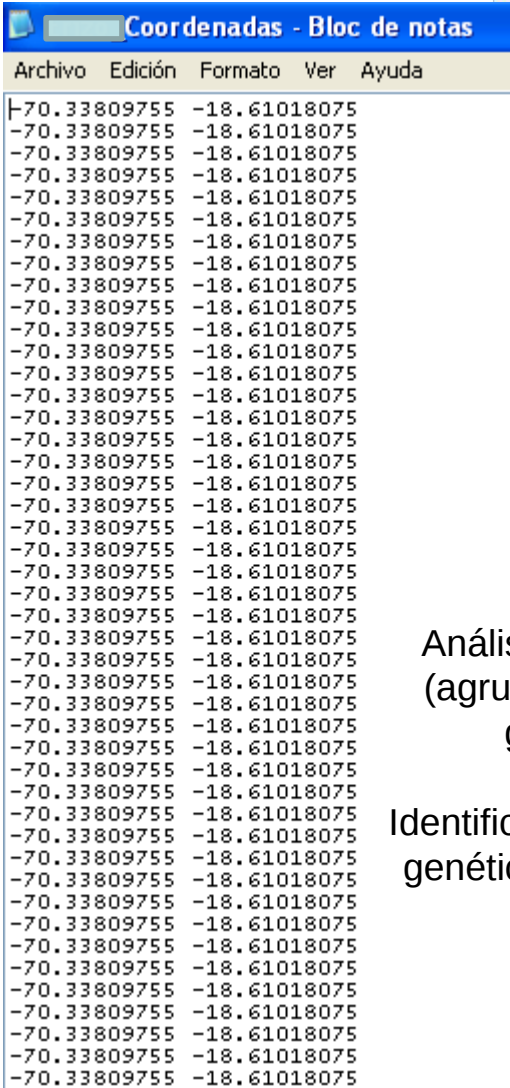
Los marcadores moleculares mitocondriales evidencian una divergencia genética significativa en las frecuencias de haplotipos entre las muestras al norte del frente polar e South Georgia



**Segundo
requisito de una
unidad evolutiva**

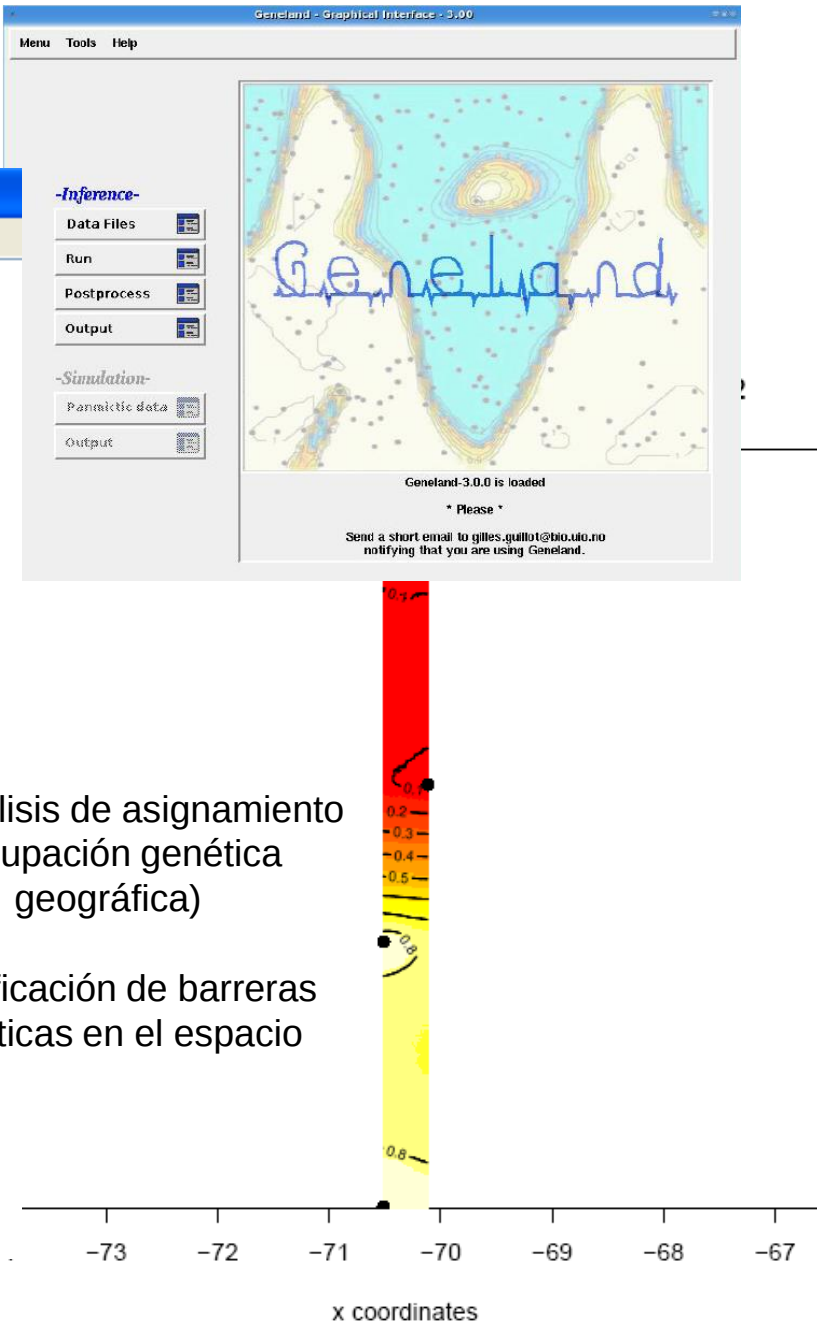


ANALISIS DE AGRUPAMIENTO BAYESIANO

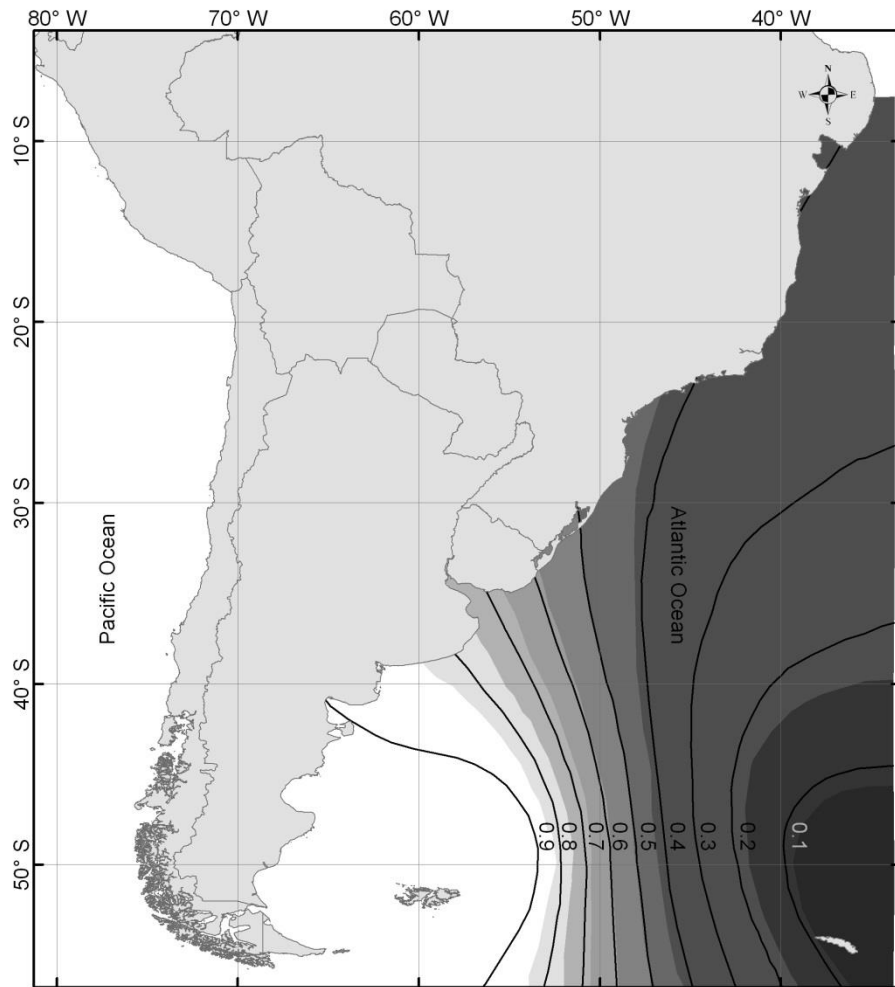


Análisis de asignamiento (agrupación genética geográfica)

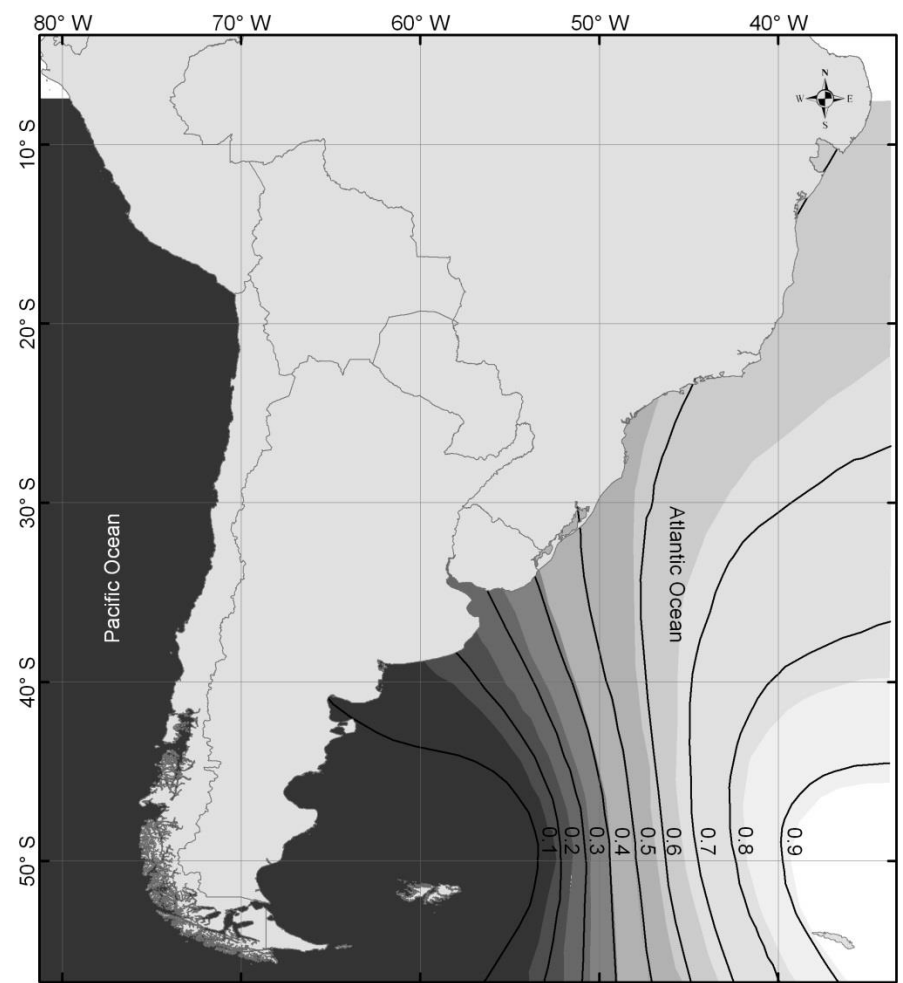
Identificación de barreras genéticas en el espacio



Geneland - Bloc de notas											
Archivo		Edición		Formato		Ver		Ayuda			
135	145	170	198	268	271	271	283	160	174	198	268
159	159	166	166	268	271	279	287	142	142	142	142
145	151	170	178	265	265	279	291	182	192	192	192
137	137	166	166	0	0	263	291	158	158	224	224
141	141	170	222	0	0	263	267	158	158	0	0
139	139	166	170	268	268	279	291	0	0	0	0
141	151	166	166	271	274	271	287	0	0	0	0
145	161	170	170	268	274	287	287	126	126	126	126
149	155	162	182	226	271	255	255	160	160	160	160
123	155	166	174	0	0	263	263	146	148	0	0
189	189	158	222	268	274	0	0	124	124	0	0
153	153	154	166	268	271	263	291	0	0	0	0
135	135	134	154	268	271	271	287	176	178	178	178
141	147	134	170	0	0	271	283	120	120	0	0
143	149	166	166	271	274	279	291	0	0	226	226
123	147	166	182	268	268	287	303	150	150	150	150
147	161	166	198	268	274	283	295	0	0	0	0
163	163	138	198	265	274	263	291	154	154	154	154
147	151	166	166	262	274	267	295	144	144	144	144
155	155	150	222	253	274	287	295	166	166	166	166
147	159	198	222	268	271	283	291	158	170	170	170
139	145	166	170	265	271	287	287	138	140	140	140
123	149	134	154	268	274	283	299	128	136	136	136
155	155	178	178	0	0	287	291	126	126	0	0
147	147	166	166	265	274	0	0	146	148	230	230
153	189	166	222	259	262	267	295	0	0	0	0
135	155	158	166	265	268	283	291	166	166	166	166
133	157	166	166	253	262	267	283	142	162	162	162
145	145	166	166	265	253	263	291	158	184	184	184
143	189	138	170	262	271	291	295	126	140	140	140
133	147	150	150	268	295	283	287	124	124	124	124
165	189	166	174	259	265	275	295	116	116	116	116
153	189	166	166	0	0	263	287	140	156	0	0
155	155	166	166	268	268	267	275	0	0	0	0
135	143	158	158	265	268	275	275	158	192	192	192
153	165	166	166	268	271	263	279	128	128	128	128
135	147	134	170	268	274	283	287	0	0	0	0
135	169	162	166	268	268	279	283	126	126	126	126
143	151	130	166	265	268	275	291	142	142	142	142
135	151	130	138	0	0	283	291	128	158	240	240
123	123	150	150	268	271	287	291	158	168	168	168
135	163	154	166	0	0	0	126	126	0	0	0
147	151	166	170	0	0	267	275	180	182	234	234
139	143	166	170	268	274	263	287	158	158	158	158
147	147	166	166	253	259	279	291	0	0	0	0



Agrupación A



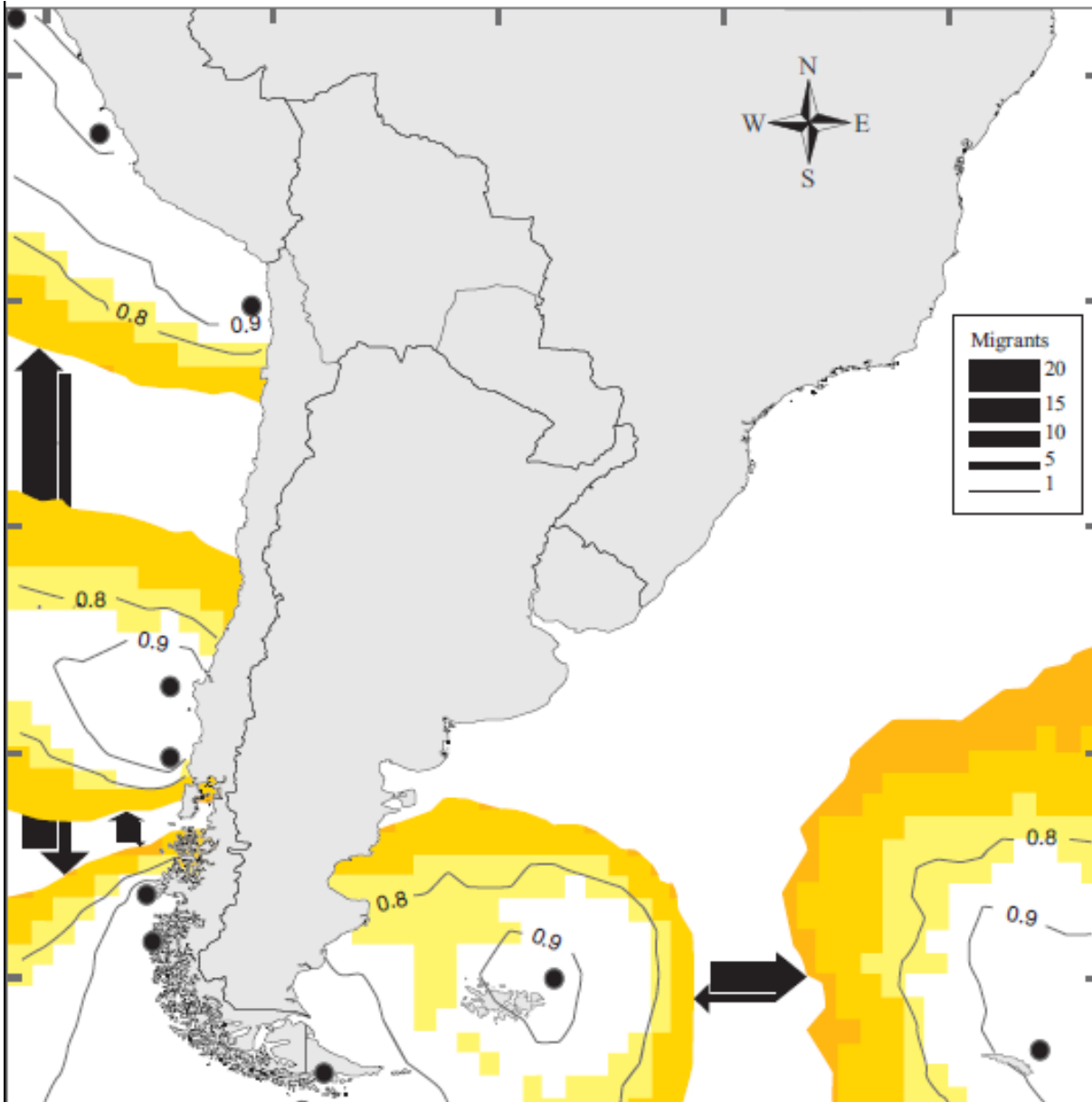
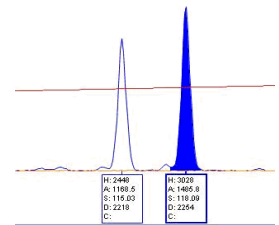
Agrupación B

Mapa de asignamiento a agrupaciones genéticas a partir del ADN mitocondrial ($K=2$): A) Agrupación Pacífico - Patagonia, and B) Agrupación South Georgia. Las isocurvas de probabilidad representan la posición espacial de las discontinuidades genéticas entre agrupaciones. Las regiones con mayores probabilidad de inclusión son indicadas con blanco.

MICROSATELLITE

Mapa
esquemático con
migrantes
putativos entre
agrupaciones
genéticas
evidenciadas a
microescala.

Las flechas
indican el
numero putativo
de migrantes
entre
agrupaciones
por generación



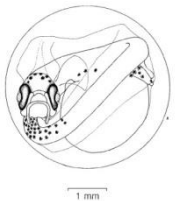
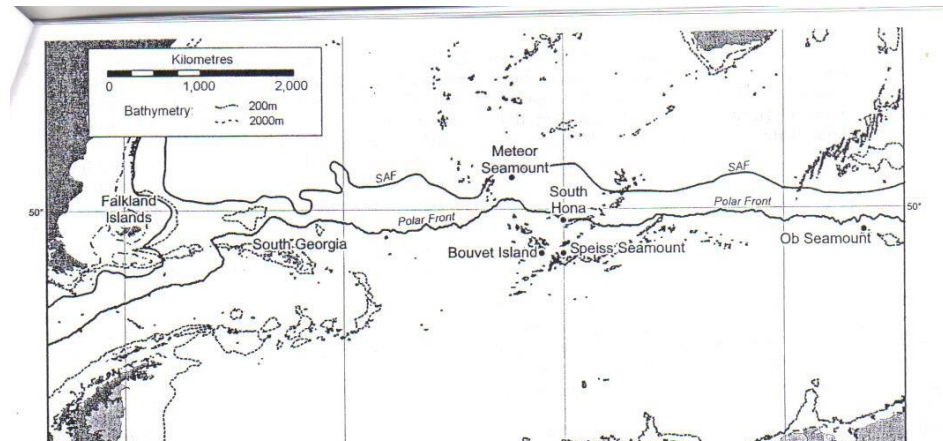
CONCLUSION

Divergencia genética significativa fue detectada entre localidades del Plateau de América del Sur y South Georgia en ambos set de datos, haplotipos mitocondriales (Dloop y ND2), y genotipos microsatelites.

Los marcadores moleculares utilizados evidencian la presencia de al menos dos unidades evolutivas en las localidades en estudio, y solo una unidad evolutiva en la costa de Chile.

La diferenciación genética entre estas unidades evolutivas seria el resultado de:

- aislamiento hidrográfico y topográfico, con aguas profundas (zonas abisales de más de 3000 metros de profundidad) donde los adultos demersales no pueden migrar considerando que su rango de distribución es sobre los 2200 metros de profundidad
- frentes oceanográficos (frente polar y frente subantártico) con temperaturas menores a 2°C, donde *D. eleginoides* no puede habitar dado que carece de proteínas anticongelantes. El flujo génico existente entre la unidad pacífico-patagónica y la unidad de South Georgia estaría mediado por juveniles pelágicos.



Genetic structuring of Patagonian toothfish populations in the Southwest Atlantic Ocean: the effect of the Antarctic Polar Front and deep-water troughs as barriers to genetic exchange

P. W. SHAW,* A. I. ARKHIPKIN† and H. AL-KHAIRULLA *
*School of Biological Sciences, Royal Holloway University of London, Egham TW20 0EX, UK, †Falkland Islands Government Fisheries Department, PO Box 598, FIPASS, Stanley, Falkland Islands

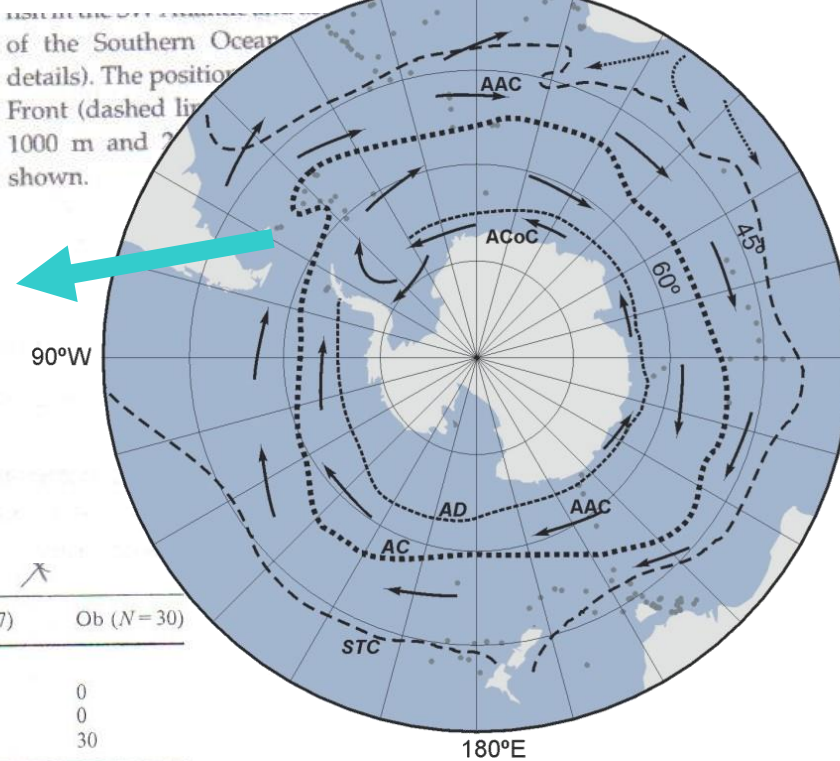
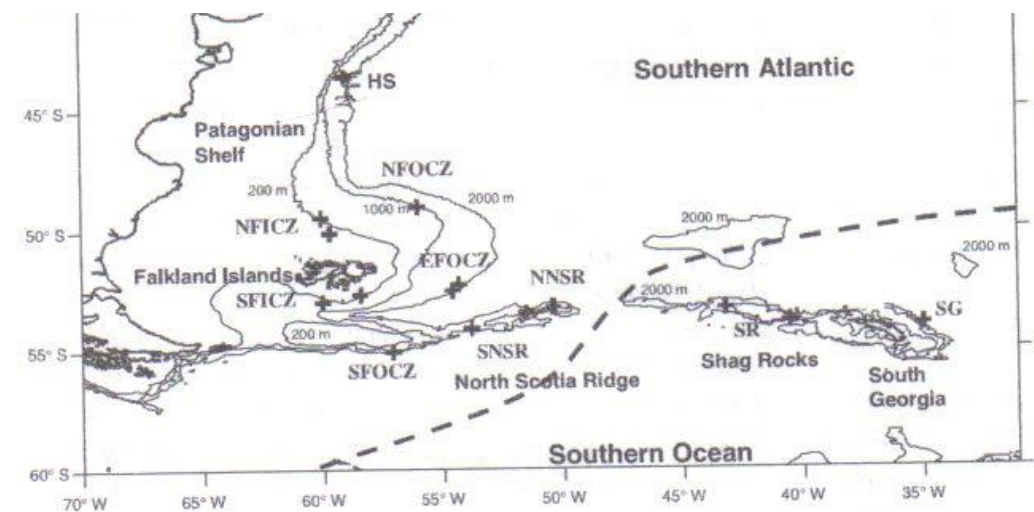


Table 2 *Dissostichus eleginoides*: 12S rRNA partial sequence haplotype distributions for all populations sampled

	Falklands (N=33)	South G (N=45)	Bouvet (N=10)	Meteor (N=16)	Speiss (N=17)	Ob (N=30)
Haplotype						
1	31	0	0	0	0	0
2	1	0	0	0	0	0
3	1	45	10	16	17	30

N number of sequences sampled for each geographic locality

A. D. Rogers • S. Morley • E. Fitzcharles
K. Jarvis • M. Belchier

Genetic structure of Patagonian toothfish (*Dissostichus eleginoides*) populations on the Patagonian Shelf and Atlantic and western Indian Ocean Sectors of the Southern Ocean

12S ARNr ADN
mitochondrial
+
7 loci usat

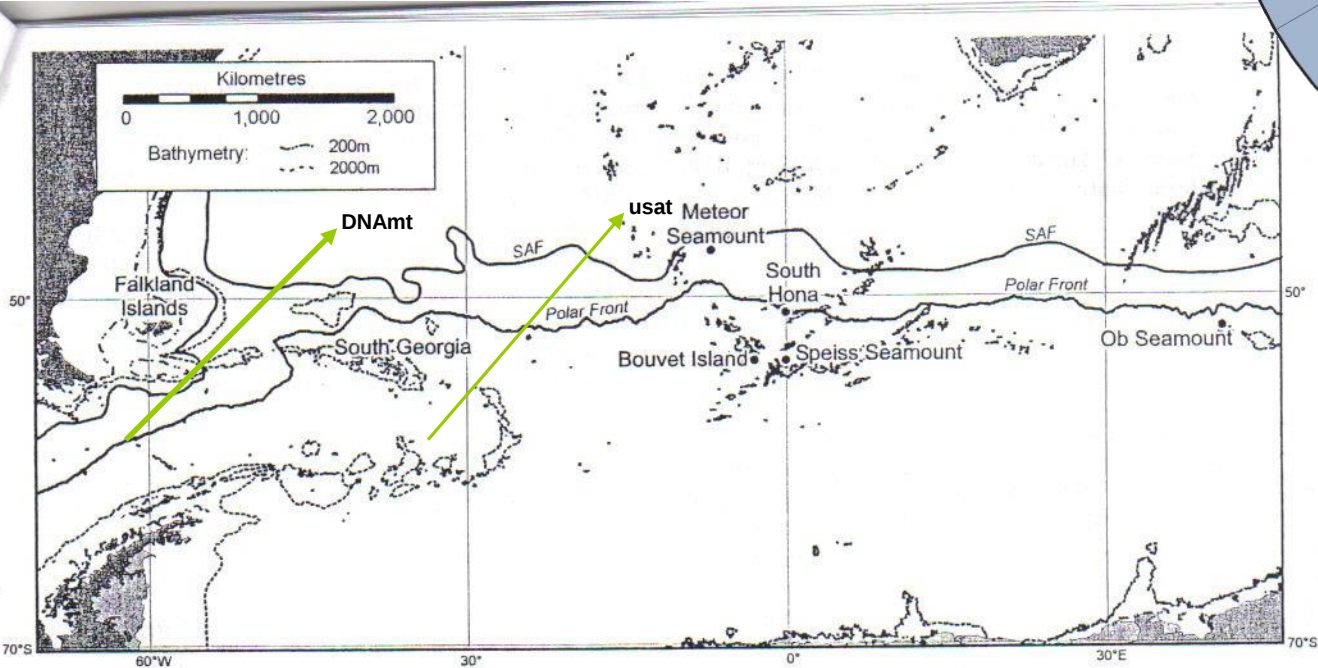
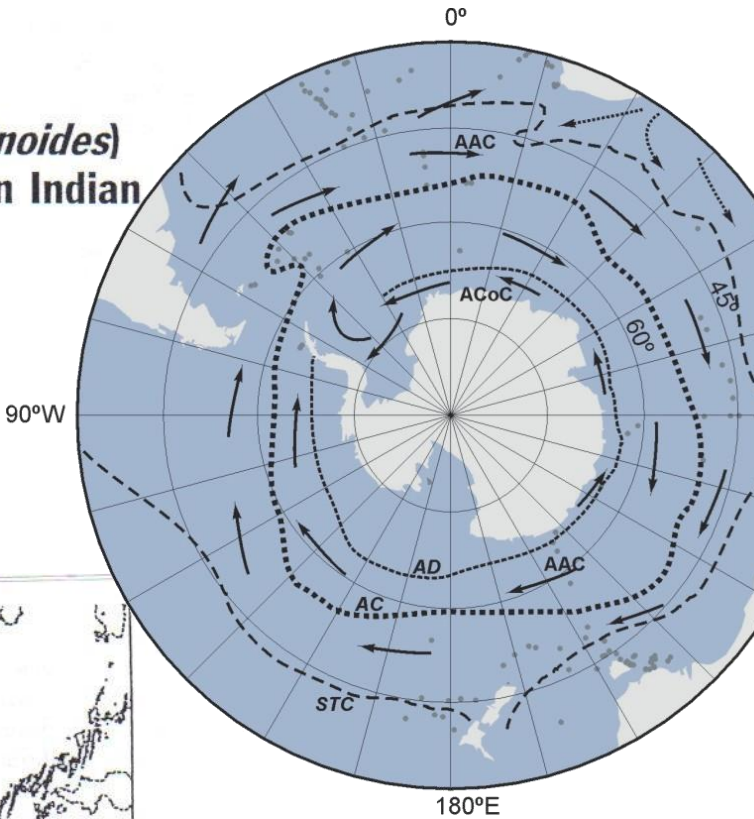


Fig. 1. *Dissostichus eleginoides* map showing the region in which sampling was undertaken for this study. SAF Sub-Antarctic Front

GRACIAS