

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPESCA

SESION	FECHA	RESPONSABLE (S) EJECUCION	FECHA LIMITE DE CUMPLIMIENTO
27-2018	29-06-2018	DDI	INMEDIATO

### CONSIDERANDO

1-Que la Ley de biodiversidad (Ley 7788), el Decreto Ejecutivo 31-514: Normas Generales para el Acceso a los Elementos y Recursos Genéticos y Bioquímicos de la Biodiversidad y el Reglamento para el Acceso a los Elementos y Recursos Genéticos y Bioquímicos de la Biodiversidad en condiciones *ex situ* (Decreto Ejecutivo 33-697), facultan al INCOPESCA para emitir el Consentimiento Previamente Informado (CPI), requisito necesario para que la Comisión Nacional para la Gestión en Biodiversidad (CONAGEBIO) pueda permitir el Acceso a los Elementos o Recursos Genéticos y Bioquímicos de la Biodiversidad o al Conocimiento Tradicional Asociado

2-Que en el Artículo 9 del Decreto Ejecutivo 31-514 en el requisito 3 se establece la obligatoriedad de preparar el Consentimiento Previamente Informado (CPI) y las condiciones mutuamente acordadas y precisamente en el Inciso t) del mismo requisito se anotan otras cláusulas negociadas entre el Interesado y el Proveedor de los elementos y recursos genéticos y bioquímicos de la biodiversidad (Incopescas): "Si el acceso se va a materializar en un área costero-marina, que no esté comprendida en la definición de humedal del artículo 40 de la Ley Orgánica del Ambiente o no esté comprendida dentro de los límites de un área protegida declarada como tal, el consentimiento previamente informado debe ser tramitado ante el INCOPESCA".

3-Que el Sr. **Ronald Sasso Rojas**, mayor, vecino de Escazú, San José, cédula uno –cero quinientos treinta y cuatro –cero cero setenta y ocho, actuando en calidad de Presidente y representante legal de UNIVERSIDAD VERITAS SOCIEDAD ANÓNIMA, con cédula jurídica número tres -ciento uno -cero cincuenta y un mil trescientos veinticuatro ha solicitado CPI para acceder los recursos de la biodiversidad mediante el proyecto de investigación básica, denominado "**Conectividad genética de teleósteos asociados a la pesca deportiva y artesanal a lo largo de la costa Pacífica de Costa Rica: implicaciones de su manejo y gestión**".

4-Que el Departamento de Desarrollo e Investigación del Incopescas, mediante oficio número DDI-050-2018 emitió criterio técnico positivo para emitir este CPI.

5-Que el Señor Heiner Méndez Barrientos, Asesor Legal de INCOPESCA, por medio de correo electrónico dirigido a esta Junta Directiva ha dado el Visto Buen al presente Consentimiento Previamente Informado.

6-En consecuencia y por encontrarse dichas disposiciones dentro de las facultades y atribuciones que por ley le competen al INCOPESCA, la Junta Directiva, **POR TANTO;**

### Acuerda

1º-Aprobar el Consentimiento previamente informado número: **INCOPESCA-CPI-001-05-2018**, para que la Universidad Veritas pueda realizar la investigación básica Conectividad genética de teleósteos asociados a la pesca deportiva y artesanal a lo largo de la costa Pacífica de Costa Rica: implicaciones de su manejo y gestión", el cual se registrará por las siguientes cláusulas:

**PRIMERA: Fines de la investigación: El INTERESADO** podrá acceder los recursos de la biodiversidad para el proyecto de investigación básica, denominado "**Conectividad genética de teleósteos asociados a la pesca deportiva y artesanal a lo largo de la costa Pacífica de Costa Rica: implicaciones de su manejo y gestión**".

Los fines que se han propuesto alcanzar con el presente proyecto por parte del **INTERESADO** son los siguientes:

1. Estudiar los patrones de conectividad genética de las poblaciones de especies comerciales asociados a la pesca deportiva y a lo largo de la costa Pacífica de Costa Rica.
2. Determinar la diversidad genética y niveles de polimorfismo de marcador molecular mitocondrial y de los marcadores de microsatélites utilizados para las especies en estudio.

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPECSA

3. Determinar los patrones de conectividad genética del marcador molecular mitocondrial y de los marcadores de microsátélites para las especies en estudio.
4. Recomendar medidas de manejo y gestión de la pesca deportiva y artesanal con respecto a los resultados obtenidos en el presente estudio.

**SEGUNDA: Descripción del lugar de acceso:** Para los efectos del presente contrato la zona autorizada para el acceso del **INTERESADO** a los elementos o recursos genéticos y bioquímicos de la biodiversidad (*in situ*), comprenderá toda la Zona Económica Exclusiva de Costa Rica, exceptuando las áreas marinas protegidas administradas por el Sistema Nacional de Áreas de Conservación. En todo caso, las embarcaciones que se utilicen para la recolección de las muestras deberán de operar dentro de los ámbitos permitidos en sus respectivas licencias de pesca.

**TERCERA: Número de Investigadores autorizados para ingresar al predio y la forma de identificarlos: Autorización de ingreso.** El **PROVEEDOR** de los recursos autoriza al interesado para que designe los investigadores para realizar este procedimiento, los cuales deberán estar debidamente legitimados y cumplir con todos los requisitos que exige el ordenamiento jurídico, para por llevar a cabo la investigación, para estos efectos el interesado bajo su absoluta responsabilidad designa como investigador principal, **Sebastián Hernández Muñoz**, pasaporte número uno ciento cincuenta y dos doble cero ciento veintiuno doble cero seis, y a los coinvestigadores, **Mario Espinoza Mendiola**, número de cédula uno mil ciento treinta y cuatro cero ochocientos treinta y ocho; **Juan Carlos Azofeifa Solano**, cédula de identidad número uno mil cuatrocientos setenta y seis cero ciento cuarenta y ocho y **José Luis Molina Quirós**, cédula de identidad número tres cero cuatrocientos setenta y seis doble cero ochenta y siete, para que se desplacen en la zona autorizada, a realizar el acceso a los elementos y recursos genéticos y bioquímicos de la biodiversidad.

**CUARTA: Tipo de material en que se está interesado y la cantidad aproximada que se requiere:** El material biológico que el **PROVEEDOR** autoriza extraer *in situ*, consiste en muestras de tejido de la aleta pectoral (3 cm<sup>2</sup>) de las especies especificadas en el cuadro 1:

**Cuadro 1.** Lista de posibles especies de peces para análisis **no** letal y determinar la conectividad genética.

Familia	Especie	Nombre común	Posible número de muestras	Tipo de muestra y tamaño
Centropomidae	<i>Centropomus nigrescens</i>	Róbalo negro	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Centropomus unionensis</i>	Mano de piedra	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Centropomus viridis</i>	Róbalo blanco	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Centropomus armatus</i>	Róbalo chucumite	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
Coryphaenidae	<i>Coryphaena hippurus</i>	Dorado	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
Istiophoridae	<i>Istiompax indica</i>	Marlin negro	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Istiophorus platypterus</i>	Pez vela	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Kajikia audax</i>	Marlin rayado	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPESCA

	<i>Makaira nigricans</i>	Marlin azul	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Tetrapturus angustirostris</i>	Marlin trompa corta	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
Lutjanidae	<i>Hoplopagrus guentherii</i>	Pargo roquero	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Lutjanus argentiventris</i>	Pargo colamarilla	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Lutjanus colorado</i>	Guacamayo	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Lutjanus guttatus</i>	Pargo manchado	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Lutjanus novemfasciatus</i>	Pargo negro	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
	<i>Lutjanus peru</i>	Pargo seda	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>
Nematis-tiidae	<i>Nematistius pectoralis</i>	Pez gallo	300	Clip de aleta pectoral, de 3 cm <sup>2</sup>

**QUINTA: Métodos a utilizar:** Los recursos de la biodiversidad que se recolectarán *in situ*, descritos en la cláusula anterior de este contrato, serán obtenidos de acuerdo a las técnicas y protocolos establecidos para tal fin, extremando todas las medidas de rigor que aseguren la protección y salud de los individuos que serán estudiados.

El método para conseguir las muestras será a través de la coordinación con los pescadores deportivos y el sector artesanal a lo largo de la costa Pacífica de Costa Rica. Para cumplir los objetivos del estudio, se tomará un trozo de tejido (3 cm<sup>2</sup>) de la aleta pectoral de las especies de teleósteos en estudio. El tejido se almacena en un tubo con ETOH al 100%. Posteriormente, las muestras serán llevadas al Laboratorio de Biología Molecular (BioMol) de la Universidad Veritas para su análisis.

**Determinar la diversidad genética y niveles de polimorfismo del marcador molecular mitocondrial (Región Control y NADH deshidrogenasa 2) y de los marcadores de microsatélites para las especies en estudio.**

Extracción de ADN, PCR y secuenciación de la región control (RC): El ADN será extraído según el protocolo basado en cloruro de litio (Aijanabi & Martínez 1997) y/o el kit de extracción PROMEGA. Se analizarán 50 muestras de tres poblaciones para cada especie en la región Norte, Central, y Sur. La región control (RC) y/o la región NADH deshidrogenasa 2 serán amplificadas a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando partidores especie-específicos que serán diseñados en el programa Primer 3 utilizando como referencia la secuencias mitocondriales encontradas en GenBank. Las amplificaciones serán llevadas a cabo en un PCR múltiplex de 25 uL de volumen con 10X Taq Buffer con (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 2.0 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.8 mM dNTPs, 0.6 M de cada partidor, 0.8 unidades de TAQ Polimerasa y 1 uL de ADN. Los PCR serán realizados en un SimpliAmp (Applied Biosystem, EE.UU.), y las condiciones de PCR serán determinadas de acuerdo al diseño de los partidores especie-específicos. Las bandas de los productos de PCR para la identificación de las especies de acuerdo al tamaño de los amplicones o bandas que serán visualizadas en una cámara de luz UV con un gel de agarosa de 1% teñido con Gel Red. Los productos de PCR serán purificados utilizando FastAp y Exo I, para posteriormente los productos PCR sean enviados a Molecular Cloning Laboratory (MCLAB) en EE.UU. para la determinación de las secuencias "forward" y "reverse". Las secuencias serán editadas y alineadas en Geneious 9.12. Los cromatogramas serán observados para determinar los

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPECSA

polimorfismos y resolver las ambigüedades para la confirmación de bases nucleotídica. La diversidad genética será estimada a partir del número de sitios de bases nucleotídicas segregados ( $k$ ), el número de haplotipos ( $n$ ), el número de haplotipos privados ( $ph$ ), diversidad haplotípica ( $h$ ), y la diversidad nucleotídica (?) para cada sitio de muestreo utilizando ARLEQUIN 3.1.1 (Excoffier et al. 2005).

PCR, y Genotipificación de marcadores de Microsatélites: Se analizarán 50 muestras de tres poblaciones para cada especie para la región Norte, Central, y Sur. De acuerdo a los microsatélites desarrollados para especies afines, se genotificarán al menos ocho microsatélites en total por especies. Las amplificaciones para los marcadores de microsatélites serán llevadas a cabo en 10uL de volumen con 10X Taq Buffer con  $(NH_4)SO_4$ , 2.0 mM  $MgCl_2$ , 0.05M del "Forward" partidor con la secuencia M13, 0.2M del "Reverse" partidor, 0.05M del partidor M13 con fluorescencia (FAM, VIC, PET, etc.), 0.8 mM dNTPs, 0.3 unidades de TAQ Polimerasa, y 1 uL de ADN (50-80 ng/uL). Los PCR serán realizados en un termociclador SimpliAmp cuyas condiciones de PCR serán determinadas de acuerdo a las condiciones establecidas por los autores asociados al diseño de los partidores publicados. Los productos de PCR serán determinados a partir del tamaño de las bandas que serán visualizadas en un gel de agarosa de 1%. Los productos de PCR de diferentes microsatélites serán combinados dentro de un solo plate (96 posillos) de acuerdo a su tamaño, cuyas combinaciones serán determinadas en el software Multiplex Manager 1.2 (Holleley & Geerts 2009). La separación por capilaridad de la fluorescencia utilizado para cada microsatélite serán obtenidos de secuenciador ABI3730. El tamaño de los alelos será determinado utilizando el programa AUTOBIN (<http://www4.bordeaux-aquitaine.inra.fr/biogeco/Ressources/Logiciels/Autobin>). Los alelos serán genotificados o codificados con tres dígitos, y serán ingresados a una base de datos donde se prepararán los "input files" para determinar la variabilidad y conectividad genética a partir de análisis bioinformáticos. Todos los procedimientos genéticos serán realizados en el Laboratorio de Biología Molecular (BIOMOL) de la Universidad Veritas.

Análisis de los microsatélites genotificados: Los datos serán analizados en el programa MICRO-CHECKER 2.2.3 (van Oosterhout et al. 2004) para determinar la presencia de alelos nulos, saltos el tamaño de los alelos, y errores de codificación debido a "stuttering". La diversidad genética de cada población se estimará a partir del número de alelos por locus, heterozygosis observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ), y el coeficiente de consanguinidad (FIS) serán estimados en ARLEQUIN 3.1.1 (Excoffier et al. 2005). La diversidad alélica, frecuencia alélica, y FIS a través de los loci serán estimados en FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 1995). La distribución alélica de cada población y loci será estimada en GENALEX 6.41 (Peakall & Smouse 2006). Las desviaciones del equilibrio de Hardy Weinberg (HWE) será analizada a través de cada loci por población, y los análisis pareados para determinar el "Linkage Disequilibrium" (LD) entre los pares de alelos a través de los loci entre todas las poblaciones será estimado en ARLEQUIN 3.1.1. La significancia estadística de las estimaciones de HWE será calculada utilizando el test exacto (Guo & Thompson, 1992) con una cadena de Markov de 106 pasos y 105 pasos de dememorización. Valores de significancia de LD serán calculados utilizando un "likelihood-ratio test" (LRT) de 20,000 permutaciones (Slatkin & Excoffier, 1996). De manera de minimizar cometer errores de tipo I, correcciones secuenciales de Bonferroni de los valores significantes serán estimados (Rice, 1989).

Diseño de marcadores moleculares de microsatélites para *Nematistius pectoralis*: Debido a que es la única especie del género *Nematistius* y el único representante de la familia *Nematistidae*, y debido a que no existen marcadores de microsatélites, es que la se van a enviar a desarrollar potenciales microsatélites al servicio de secuenciación en la plataforma Illumina de la Universidad de Georgia ([http://www.srellancelab.com/msat\\_orderform\\_illumina-1-.pdf](http://www.srellancelab.com/msat_orderform_illumina-1-.pdf)). Posteriormente los potenciales microsatélites serán probados en el Laboratorio de Biología Molecular (BIOMOL) de la Universidad Veritas para demostrar su efectividad en la detección de polimorfismos. Una vez seleccionados los microsatélites polimórficos y con mayor cantidad de números de alelos, estos serán ocupados para describir la variabilidad y conectividad genética en las poblaciones de *Nematistius pectoralis*, de acuerdo a la metodología descrita en el punto 3.2.

Colección previa de muestras de tejidos para análisis genéticos: Se cuenta con un stock de varias muestras de tejido ya recolectadas de las especies afines sugeridas en la presente propuesta. Estos tejidos provienen de un proyecto en curso

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPESCA

por parte de la Unidad de Investigación de Pesca y Acuicultura (UNIP) del Centro de Investigación de Ciencias del Mar y Limnología (CIMAR) de la Universidad de Costa Rica (UCR), el cual tiene como objetivo “Estimar la talla de primera madurez sexual de seis especies de interés para la pesca artesanal del Pacífico de Costa Rica”. Dichas muestras han obtenido a partir de un trabajo de campo en 18 comunidades de pesqueras distribuidas a lo largo de toda la costa del Pacífico de Costa Rica. De estas comunidades, cuatro se encuentran en la parte superior del Pacífico Norte (Playas del Coco, Cuajiniquíl, Puerto Soley y El Jobo), siete en la parte baja Pacífico Norte o del Golfo de Nicoya (Nispero, Pochote, Paquera, Bejuco, Tambor, Coyote e Isla de Chira), dos en el Pacífico Central (Tárcoles y Quepos), y cuatro en el Pacífico Sur (Playa Ventanas, Ojochal, Marino Ballena, Pavones y Pilón).

### **Determinar la conectividad genética de la Región Control y los microsatélites.**

Conectividad genética de la Región Control: El análisis de la varianza molecular (AMOVA; Excoffier et al. 2005) será realizada en ARLEQUIN 3.1.1. Análisis de la varianza estima los componentes de la varianza y valores de  $F$ -estadísticos particionando la varianza a tres niveles jerárquicos: a) entre grupos, b) dentro de las poblaciones; y c) la interacción entre ambos (grupos + dentro de las poblaciones). AMOVA será realizada para evaluar los efectos temporales y espaciales de la subdivisión de las poblaciones. La matriz de la distancia genética para el AMOVA será estimada a través de la distancia por diferencias por pareja de sitios de muestreo, donde los niveles de significancia de los tres componentes de la varianza serán analizados a 20.000 permutaciones no paramétrico (Excoffier et al. 2005). Adicionalmente, estimaciones de  $F_{ST}$  serán obtenidas como indicadores de flujo genético entre cada uno de los sitios muestreados para cada especie. Convencionales  $F_{ST}$  serán basados en las frecuencias de los haplotipos utilizando ARLEQUIN 3.1.1 con 20.000 permutaciones. De manera de minimizar cometer errores de tipo I, correcciones secuenciales de Bonferroni de los valores significantes serán estimados para los  $F_{ST}$  (Rice, 1989). La genealogía de los haplotipos serán estimados para todas las secuencias obtenidas en este estudio. La reconstrucción de las genealogías será realizada utilizando algoritmos filogenéticos de manera de estimar las relaciones entre los haplotipos sin presencia de ambigüedades o conexiones sin resolver (Salzburger et al. 2011). La reconstrucción filogenética será estimada con maximum likelihood (ML) en PHYML 3.0 (Guindon et al. 2010). El modelo de sustitución nucleotídica fue estimado de acuerdo a mas alto valor de log-likelihood obtenido desde JMODEL 0.1.1 (Posada, 2008). Finalmente, el árbol filogenético construido por ML fue obtenido en HAPLOVIEWER (Salzburger et al. 2011).

Conectividad genética de los microsatélites: La estructura poblacional dentro y entre las poblaciones de cada especie (Norte, Central y Sur) será determinada con el análisis de la varianza molecular (AMOVA) en ARLEQUIN. AMOVA estimará los componentes de la varianza y valores de  $F$ -estadísticos particionando la varianza a tres niveles jerárquicos: a) entre grupos, b) dentro de las poblaciones; y c) la interacción entre ambos (grupos + dentro de las poblaciones). AMOVA será utilizada para evaluar los efectos espaciales en la subdivisión de los sitios/poblaciones. La matriz de la distancia genética para el AMOVA será estimada a través de la distancia por diferencias por pareja de sitios de muestreo, donde los niveles de significancia de los tres componentes de la varianza serán analizados a 20.000 permutaciones no paramétrico. Los niveles de diferenciación genética entre las poblaciones serán estimados por cuatro diferentes índices: a) las diferencias entre la distribución de las frecuencias alélicas entre todas las poblaciones serán calculadas en GENEPOP 4.0.10 (Raymond & Rousset 1995); b) estimaciones de Wright's  $F_{ST}$  serán obtenidas desde FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 1995); c) Estimaciones de Slatkin's  $R_{ST}$  serán estimadas en ARLEQUIN; d)  $D_{ST}$  serán estimadas en SMOGD 1.2.5 (Crawford, 2010). Adicionalmente, se determinarán las relaciones entre las poblaciones basado en un análisis de componentes principales en PCA-Gen 1.2.1 (Goudet, 1999), y análisis de clasificación bayesiana en STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2003) para determinar diferencias entre las frecuencias alélicas a través de varios marcadores de microsatélites en los cuales se asignan los genotipos de varios locus o individuos a una “población”.

**SEXTA: Plazo de duración de todo el proceso y número de veces que ingresará al sitio de acceso autorizado:** El plazo que durará el proceso para realizar las actividades de investigación y de extracción de los elementos o recursos de la biodiversidad será de 3 años, contado a partir de la notificación del permiso emitido por la Oficina Técnica de la CONAGEBIO;



# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPESCA

así mismo, el número de ingresos autorizados por parte del **PROVEEDOR** de los recursos al **INTERESADO** correspondiente a dicho proceso anteriormente establecido será de 2500 veces

**SETIMA: Destino potencial:** El destino para el almacenamiento y procesamiento de los recursos genéticos y bioquímicos de la biodiversidad, será el Laboratorio de Biología Molecular de la Universidad Veritas ubicado en el segundo piso del Edificio Principal, Calle 31 Avenida 20, Zapote, San José, Costa Rica.

Todos los productos de PCR (para secuenciación y genotipificación) serán enviados al Molecular Cloning Laboratory (MCLAB) en E.E.U.U, donde se realizarán los procesos de secuenciación y genotipificación para posteriormente ser enviadas al BIOMOL.

Para el diseño de marcadores moleculares de microsatélites se enviarán tres muestras de ADN al laboratorio SREL Molecular Ecology Laboratory de la Universidad de Georgia, para el diseño de los microsatélites los cuales serán obtenidos a partir de la secuenciación masiva via Illumina. Posteriormente, las secuencias generadas serán enviadas al BIOMOL. En cualquiera de los casos, la (s) compañía (s) no forma parte de la investigación, es solamente una compra de servicios.

Ante la necesidad de un cambio de destino o para transferir a terceros el material original hacia otras investigaciones o fines, el **INTERESADO** deberá solicitar por escrito la autorización correspondiente al **PROVEEDOR** y a la Oficina Técnica de la CONAGEBio para el trámite respectivo.

**OCTAVA: Compromiso formal, por parte del interesado de dar constancia al origen de los recursos y del conocimiento asociado, en cualquier publicación, trámite o uso posterior de se les dé:** El intercambio de conocimientos entre el **INTERESADO** y el **PROVEEDOR** del recurso, se establece de acuerdo a los siguientes términos. El **INTERESADO** se compromete a presentar copia de los estudios, informes, investigaciones y reportes de datos al representante titular asignado por el INCOPESCA ante la CONAGEBIO, así como la invitación con fecha, hora y lugar de la presentación final. De igual forma entregará copia de cualquier tipo de publicación que se derive del proyecto de investigación en cuestión, ya sea a nivel nacional o internacional y las tesis. Cuando la publicación se realice en una lengua extranjera, deberá acompañarse de un resumen ejecutivo en español.

El **INTERESADO** presentará a la contraparte designada por el **PROVEEDOR** informes semestrales y anuales durante la realización de la investigación. La contraparte designada por el **PROVEEDOR** debe comunicar el cumplimiento de dicha disposición a la Junta Directiva del INCOPESCA.

El **INTERESADO** entregará un informe en idioma español con los resultados parciales del proyecto de investigación básica, en el término de seis meses naturales después de la fecha de vencimiento del presente contrato de CPI o de cerrado el Proyecto de Investigación si termina antes, y en un plazo máximo de un año y de previa coordinación, hará una presentación presencial y escrita en formato digital e impreso ante la Junta Directiva del INCOPESCA u otra instancia que el **PROVEEDOR** así lo determine. En cualquier presentación escrita o electrónica, informes y en toda publicación científica nacional e internacional el **INTERESADO** se compromete al reconocimiento de Costa Rica como lugar de procedencia de los datos recolectados en la investigación y demás créditos que correspondan al INCOPESCA como **PROVEEDOR** de los recursos genéticos.

El **PROVEEDOR** no autoriza el uso posterior de los resultados de este proyecto de investigación básica en proyectos de bioprospección o de aprovechamiento comercial sin la firma de su respectivo CPI.

**NOVENA: Constancia de origen:** El **INTERESADO** se compromete a dar constancia del origen de los recursos genéticos y bioquímicos de la biodiversidad tratados en este CPI en cualquier publicación, informe, presentación, trámite u otro uso posterior que se dé a los mismos (según el artículo anterior).

**DECIMA:** El interesado se compromete a respetar las medidas de protección del conocimiento, las prácticas y las innovaciones asociadas de las comunidades locales y pueblos indígenas, según lo establece el ordenamiento jurídico nacional sobre los derechos intelectuales comunitarios sui generis.

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPELCA

**DECIMA PRIMERA:** El **INTERESADO** se compromete a brindar cualquier tipo de información derivada de este proyecto, que contribuya con las acciones de conservación, protección y administración de los recursos marinos, propios de la función y responsabilidades dadas por Ley al INCOPELCA. La definición de las unidades de stock con marcadores moleculares y nucleares será un paso sumamente importante para alcanzar una gestión sostenible del recurso pesquero, ya que dará una visión más clara de cómo se distribuyen los stocks y de la posible interacción entre distintas regiones.

**DECIMA SEGUNDA: Distribución equitativa de beneficios:** En el caso de que se obtuviere algún tipo de beneficio ambiental, social, científico, espiritual, cultural en el corto, mediano o largo plazo, de algún producto o subproducto derivado de la utilización de los recursos de la biodiversidad accedidos, o adquiridos según los términos de este contrato, incluyendo los materiales originales objeto del acceso aquí autorizado, el **INTERESADO** y terceros involucrados se comprometen a compartirlos con el **PROVEEDOR**, mediante intercambio de información, transferencia tecnológica, capacitación u otro tipo de beneficio similar. En un plazo menor a un año.

No obstante lo anterior, si eventualmente los resultados del presente proyecto de investigación básica condujeran a la generación de información con valor comercial para el **INTERESADO** o para terceros, como en el caso de eventuales licenciamientos y/o la obtención posterior de cualquier tipo de producto comercializable derivado de los recursos de la biodiversidad del presente contrato, ya fuere a nivel local o internacional, que representen beneficio económico o material para el **INTERESADO** o para terceros según lo pactado en este contrato de CPI, el **INTERESADO** se obliga a pagarle al **PROVEEDOR**, el 50% (cincuenta por ciento) de todas las regalías y beneficios comerciales similares que pudiese percibir en adelante y a posteridad.

**DECIMA TERCERA:** El otorgamiento de este CPI se realizará, en la medida de lo posible, con la participación equitativa de ambos géneros.

**DECIMA CUARTA:** La eficacia de este CPI, queda sujeta al respectivo refrendo y al otorgamiento del permiso de acceso, por lo que este entrará en vigencia a partir de la notificación de la Resolución que dicte la Oficina Técnica de la CONAGEBIO.

**DECIMA QUINTA:** En caso de que en el desarrollo de la investigación se encontrare por parte del investigador principal o los coinvestigadores asistentes autorizados en el presente acuerdo, algún comportamiento anómalo en las poblaciones de individuos muestreados, deberá comunicarlo de inmediato a la contraparte designada por el **PROVEEDOR**.

**DECIMA SEXTA: Verificación y control:** La oficina Técnica de CONAGEBIO de conformidad con los términos del permiso otorgado, realizará en cualquier momento las tareas de verificación y control, por lo que estos funcionarios podrán realizar labores de inspección al lugar o a las especies que fueron autorizados para el acceso de los recursos genéticos y bioquímicos.

**DECIMA SETIMA: Del Incumplimiento:** El Incumplimiento de los acuerdos y compromisos por parte del interesado dará origen a la cancelación del permiso (previo al debido proceso) según se estipula en el artículo 27 del DECRETO NÚMERO 31514- MINAE.

**DECIMA OCTAVA: Del enlace del proyecto con Incopesca:** Previo a la recolección de las muestras, el **INTERESADO** coordinará con el funcionario del INCOPELCA **M.Sc. Bernald Pacheco Chaves**, Biólogo del Departamento de Desarrollo e Investigación del INCOPELCA, localizable en Oficinas Centrales, quien se designa como enlace del proyecto.

**DECIMA NOVENA:** Se autoriza al señor Moisés Mug Villanueva, Presidente Ejecutivo de INCOPELCA a firmar el Consentimiento Previamente Informado **INCOPELCA-CPI-001-05-2018**.

2-Acuerdo Firme.

Cordialmente;

# AJDIP/278-2018

## Acuerdo de Junta Directiva INCOPECSA



**MBA. Mauricio Méndez Trejos**  
Secretario a.i. de Junta Directiva.  
INCOPECSA.