

ESTADO GENÉTICO DE LAS POBLACIONES DE DORADA EN EL MEDITERRÁNEO

Saura¹, M., Fernández¹, A., Fernández¹, J., Peiró-Pastor¹, R., Peñázola², C.,
Bargelloni³, L. y Villanueva¹, B.

¹INIA, 28040 Madrid, España. ²The Roslin Institute, University of Edinburgh, Midlothian EH25 9RG, UK.

³Università degli Studi di Padova, 35122 Padova, Italy; saura.maria@inia.es

INTRODUCCIÓN

La dorada (*Sparus aurata*) es una de las principales especies de acuicultura en Europa. Se cultiva prácticamente en su totalidad en el Mediterráneo, donde junto con la lubina, han llegado a ser los peces de cultivo marino más importantes (Žužul *et al.*, 2019). El conocimiento de la estructura y la diversidad genética dentro y entre las poblaciones salvajes y cultivadas es importante para desarrollar estrategias óptimas para la producción acuícola sostenible dado que (i) el éxito de cualquier programa de mejora depende de la forma en que se construya la población base que pueden ser creadas a partir de poblaciones salvajes o cultivadas, y (ii) una vez que los programas de mejora se están aplicando, el control de la pérdida de variabilidad genética es de suma importancia para asegurar su sostenibilidad. Sin embargo, el grado de estructura poblacional de la dorada aún no está claro. Los objetivos de este estudio fueron: (i) identificar el grado de estratificación en poblaciones salvajes y cultivadas de dorada del Mediterráneo, y (ii) determinar el estado genético de estas poblaciones, mediante la estima del censo efectivo poblacional (N_e) con la finalidad última de diseñar programas de mejora sostenibles y eficientes.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron datos genómicos procedentes del desarrollo de un chip de 60K SNPs combinado para dorada y lubina, resultado de la colaboración entre los proyectos europeos MedAID (<http://www.medaid-h2020.eu/>) y PerformFISH (<http://performfish.eu/>). Se recogieron un total de 462 muestras procedentes de 26 poblaciones (14 de origen salvaje y 12 cultivadas). Para el análisis de la estructura poblacional se utilizaron diferentes aproximaciones, incluyendo análisis de componentes principales y análisis para determinar la proporción y mezcla de 'clusters'. Para el análisis de la variabilidad genética, se estimaron el parentesco y la consanguinidad moleculares utilizando diferentes matrices de relaciones genómicas (Morales-González *et al.*, 2020), así como el censo efectivo reciente a partir del desequilibrio de ligamiento, siguiendo un método desarrollado recientemente (Santiago *et al.*, 2020).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del análisis de la estructura poblacional revelaron que existe cierto grado de estructuración genética global, agrupándose las poblaciones salvajes y las cultivadas por separado, incluso separándose las poblaciones Atlánticas de las Mediterráneas. Se observa también que las poblaciones cultivadas presentan una mayor diferenciación entre sí que las salvajes. Los resultados del análisis de 'clusters' parecen indicar que las poblaciones estudiadas se integran en siete 'clusters', agrupando las poblaciones salvajes en un 'cluster' único. Todas las medidas de consanguinidad genómica resultaron más elevadas en poblaciones cultivadas que en poblaciones salvajes, al igual que el parentesco genómico. En la misma línea, el N_e reciente para las poblaciones salvajes ($\sim 200 > N_e > 2000$) fue mayor que para las poblaciones cultivadas ($\sim 40 > N_e > 100$; salvo una excepción). De estas, cuatro poblaciones presentaron $N_e < 50$.

CONCLUSIÓN

Aunque el nivel de estructuración genética de estas poblaciones fue bajo, parece suficiente para discriminar entre poblaciones salvajes y cultivadas. La mayor diferenciación en poblaciones cultivadas parece resultar de una mayor deriva genética, en concordancia con los valores de N_e obtenidos en este grupo. Estos resultados ponen de manifiesto la necesidad de aplicar estrategias de selección y apareamiento que garanticen la sostenibilidad de los programas de mejora genética.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Žužul, I., *et al.*, 2019. Sci. Rep. 9(1): 14718
- Morales-González, E., *et al.*, 2020. Aquaculture 520: 734985
- Santiago, E., *et al.*, 2020. Mol. Biol. Evol. 37: 3642-3653.

Agradecimientos: Proyectos 727315 MedAID y 727610 PerformFISH (European Commission Horizon 2020), CGL2016-75904-C2-2-P (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Madrid). Al Centro de Supercomputación de Galicia (CESGA), a Armando Caballero y a Enrique Santiago.