COMPARACIÓN DE LA CONSANGUINIDAD GENÓMICA EN POBLACIONES CULTIVADAS Y SALVAJES DE DORADA Y LUBINA

López de la Torre[1], R., Fernández[1], A., Saura[2], M., Mir-Arribas[1], G., Villanueva[1], B., Fernández[1], J. y García-Ballesteros[1*], S.

[1]INIA-CSIC, Crta. de la Coruña km 7,5, 28040 Madrid;
[2]IIM-CSIC, Rúa de Eduardo Cabello 6, 36208 Vigo
*silvia.garciab@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

Las principales especies de peces marinos cultivadas en el Mediterráneo son la dorada y la lubina, para las que se han iniciado programas de mejora genética en los últimos años. En acuicultura, conocer el grado de consanguinidad de las poblaciones salvajes y de cultivo es clave para lograr una producción sostenible. El éxito de cualquier programa de mejora depende críticamente de la forma en que se construye la población base, que puede crearse a partir de poblaciones salvajes o de cultivo. La variabilidad genética disponible en los fundadores determinará el progreso genético subsecuente. Además, una vez que los programas de mejora están en marcha, es crucial controlar la consanguinidad para evitar sus consecuencias negativas. El objetivo de este estudio fue comparar los patrones de consanguinidad a lo largo del genoma de poblaciones salvajes y cultivadas de dorada y lubina.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron muestras provenientes de 11 poblaciones salvajes y 13 poblaciones de cultivo de dorada, y de 9 poblaciones salvajes y 16 poblaciones de cultivo de lubina, distribuidas a lo largo del Mediterráneo. Utilizando el MedFish SNP array, que contiene ~30K SNPs para cada especie (Peñaloza *et al*., 2021), se obtuvieron genotipos para un total de 462 individuos de dorada y 516 individuos de lubina. El coeficiente de consanguinidad genómico calculado fue el basado en las desviaciones de las proporciones de Hardy-Weinberg (Li y Horvitz, 1953). Los patrones de homocigosis y de consanguinidad a lo largo del genoma se determinaron utilizando el software PLINK (Purcell *et al*., 2007) y ventanas deslizantes de longitud ~1 Mb que se desplazaron un SNP cada vez. Ambos parámetros se estimaron promediando los valores de todos los SNPs incluidos en cada ventana.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En general, las diferencias en términos de homocigosis y consanguinidad entre las poblaciones salvajes y de cultivo fueron pequeñas en ambas especies. Los valores de homocigosis variaron entre 0,49 y 0,73 en dorada y entre 0,42 y 0,88 en lubina, mientras que los de consanguinidad variaron entre –0,39 y 0,19 en dorada y entre –0,46 y 0,37 en lubina. En general, las poblaciones de lubina mostraron mayor variación a lo largo del genoma que las poblaciones de dorada. Por ejemplo, la población salvaje de Marruecos mostró altos picos de consanguinidad en algunas regiones. Los resultados coinciden con estudios previos sobre la estructura poblacional, en los que las poblaciones salvajes de dorada mostraron menores niveles de diferenciación que las de lubina, y donde la población de lubina de Marruecos presentó una mayor diferenciación genética en comparación con otras poblaciones (Villanueva *et al*., 2022).

CONCLUSIÓN

Los resultados no han mostrado una diferenciación clara entre poblaciones salvajes y cultivadas en términos de niveles y patrones de consanguinidad, lo que puede indicar que no se ha perdido mucha variabilidad genética en el proceso de fundación de las poblaciones y que los programas de mejora son recientes. Por lo tanto, las poblaciones cultivadas todavía están cercanas a las salvajes.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Li, C.C. y Horvitz, D.G. 1953. Am J Hum Genet 5: 107-117. • Peñaloza, C. *et al*., 2021. Genomics 113: 2096-2107. • Purcell, S. *et al*. 2007. Am J Hum Genet 81: 559-575. • Villanueva, B. *et al*. 2021. Genet Sel Evol 1: 53-42.

Agradecimientos: Este trabajo estuvo financiado por MCIN/AEI /10.13039/501100011033 (Proyecto PID 2020-114426GB-C22).