

ESTRUCTURA Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES SALVAJES Y CULTIVADAS DE LUBINA EN EL MEDITERRÁNEO

Fernández¹, J., Fernández¹, A., Saura¹, M., 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; jmj@inia.es

INTRODUCCIÓN

Al contrario de lo que ocurre en ganadería, las especies de acuicultura se encuentran en un estado incipiente de domesticación. Por ello la inclusión de animales de la naturaleza en poblaciones comerciales es una opción plausible. Además, los ejemplares comerciales pueden tener un mayor impacto en la naturaleza si hay algún escape desde las industrias. Por otra parte, siendo el origen reciente de muchas de las poblaciones comerciales las poblaciones salvajes, es importante saber cuál de estas últimas dio lugar a cada una de las cultivadas, o si se han generado a partir de otras comerciales ya establecidas. La lubina (*Dicentrarchus labrax*) es uno de los peces de acuicultura que tiene una mayor importancia comercial en Europa. El objetivo de este trabajo fue determinar la estructura genética entre y dentro de poblaciones salvajes y comerciales de lubina a lo largo de toda Europa con el objeto de poder optimizar la incorporación de individuos salvajes en las poblaciones comerciales, dirigir el posible intercambio entre empresas y poder evaluar el efecto de los escapes de la industria a la naturaleza.

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 muestras de un total de 538 lubinas provenientes de 10 poblaciones salvajes y 14 comerciales. La estructura poblacional se determinó a partir de análisis de componentes principales sobre el total de las poblaciones y por separado para las poblaciones salvajes y las cultivadas usando el software PLINK (Purcell *et al.*, 2007). También se realizó una división en clusters asumiendo que las poblaciones podrían ser mezcla de varias de ellas a través del software ADMIXTURE (Alexander y Lange, 2011).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis PCA no separa las poblaciones salvajes de las comerciales, presentándose ambos tipos extendidas a lo largo del primer componente principal. El PC2, que explica el 5% de la variación total, separa claramente una población originaria de Marruecos, otra proveniente de Chipre y agrupa todas las demás. Tampoco se observa una clina geográfica para las poblaciones comerciales. Estos resultados se vieron confirmados por la clasificación de "clusters". Respecto de las salvajes, la población de Marruecos formó un grupo muy homogéneo casi sin relación con las otras poblaciones salvajes; en menor medida lo mismo se observa para la población chipriota. De igual manera, las poblaciones cultivadas se agrupan en "clusters" no relacionados con su localización. Por ejemplo, hay poblaciones griegas que se parecen más a otras españolas que a algunas de su mismo país. Lo mismo ocurre con las poblaciones turcas que corresponden a dos tipos genéticos diferentes.

CONCLUSIÓN

La baja diferenciación entre poblaciones salvajes y comerciales hace difícil pensar en que se pueda desarrollar una herramienta que facilite la detección de introgresiones debidas a escapes de las industrias. No se ha observado una estructura clara entre las poblaciones salvajes de lubina en el Mediterráneo (a excepción de la población marroquí). Respecto a las poblaciones comerciales, parece que el origen de muchas de ellas no es directamente de poblaciones naturales sino que se han formado a partir de otras comerciales ya establecidas con las que comparten más información genética. Esta circunstancia debe ser tenida en cuenta en caso de que se quiera intercambiar peces entre ellas para tener una mayor base genética sobre la que implementar un programa de mejora.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Purcell, S. *et al.* 2007. Am. J. Hum. Genet. 81: 559.
- Alexander, D.H. & Lange, K. 2011. Bioinf. 12: 246.

Agradecimientos: Proyectos 727315 MedAID y 727610 PerformFISH (European Commission Horizon 2020), CGL2016-75904-C2-2-P (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, España).