

de los peces se llevaron a cabo con 120 individuos, número insignificante si se compara con la cantidad comercializada de este producto. De esta forma, la FDA no tiene información suficiente sobre los efectos secundarios ni posibles alergias derivadas del consumo de este producto.

Por otra parte, existe cierta preocupación por el posible escape de los individuos modificados genéticamente. Estudios previos demuestran que el escape de especies cultivadas puede llegar a causar la extinción de las especies salvajes. En este sentido, AguaBounty indica que, de ser aprobada la producción, tan solo criarían hembras estériles para evitar cualquier impacto sobre la especie salvaje en caso de producirse un escape. Adicionalmente, la empresa señala que la producción se llevaría a cabo en sistemas de recirculación instalados en tierra.

Otro aspecto a considerar antes de la aprobación por parte de la FDA es la información del consumidor; el tipo de etiquetado que debería acompañar a este tipo de producto tal que ofrezca información suficiente al consumidor sobre el tipo de producto que se dispone a comprar.

La FDA ha decidido posponer la aprobación de producción del salmón transgénico para consumo humano dada la escasez de datos relativos a la calidad y seguridad alimentaria de este producto. Ha resuelto solicitar estudios adicionales con el fin de aclarar algunos aspectos que no se han resuelto del todo. Por el momento, no se ha marcado una fecha para la resolución.

De ser aprobado, el "AquAdvantage salmon" sería el primer animal modificado genéticamente en llegar a la mesa de los consumidores, aunque tardaría tres años desde la aprobación.

PCR MULTIPLEX EN DIFERENCIACIÓN GENÉTICA Y ASIGNACIÓN DE PROGENITORES

La lubina es una de las especies acuícolas más importantes en Europa, sobre todo en los países Mediterráneos. Muchas herramientas genéticas desarrolladas hasta el momento han contribuido a evaluar la estructura de las poblaciones tanto salvajes como cultivadas y a valorar las interacciones genéticas entre ellos.

En la actualidad existe gran interés por estudios genéticos poblacionales que contribuyan a mejorar los programas de selección y reproducción lo que precisa de herramientas de etiquetado genético más robustas y económicas.

El departamento de genética de la Universidad de Málaga han desarrollado una técnica de PCR multiplex adaptada a los sistemas de detección automática de ADN, considerando los microsatélites actuales de la lubina.

Los investigadores consideraron inicialmente 12 loci en base a la función desempeñada en estudios previos sobre poblaciones, parentesco familiar y seguimiento del pedigrí.

Tras varias experiencias, consideraron un total de 10 loci de la lubina con elevada variabilidad alélica y elevado Índice de Contenido Polimórfico (PIC) para desarrollar la herramienta Dplex10.

Con el propósito de comprobar la viabilidad de la herramienta en la genética poblacional, consideraron 48 muestras de lubina adulta salvaje de la costa atlántica y otras 58 muestras de la costa mediterránea. Por otra parte, cruzaron 6 hembras y 30 machos en cautividad con el objeto de evaluar el seguimiento del pedigrí.

Las experiencias llevadas a cabo con la herramienta desarrollada, Dplex10, demuestran su capacidad para realizar diferenciaciones genéticas de lubina salvaje además de su efectividad en la asignación de progenitores en poblaciones criadas en cautividad.

Este desarrollo contribuirá al conocimiento de la lubina y con ello a la mejora de los procesos de cultivo. Además, la herramienta genética podría ser empleada para resolver problemas biológicos de esta especie tan importante comercialmente.

MÉTODO DE SIMULACIÓN DE LOCI GENÉTICO

Cada vez es más extensa la selección artificial en programas sistemáticos de cría. Estas técnicas permiten mejorar los rasgos o características más importantes, desde el punto de vista comercial, de cada una de las especies.

Sin embargo, poco se conoce sobre el impacto que esta selección tiene sobre la variación genética.

Investigadores de la empresa Nofima y Agua Gen han desarrollado una herramienta de simulación que permite evaluar la diferenciación genética en poblaciones cultivadas en granja y poblaciones salvajes.

En el estudio se plantearon dos modelos, uno para observar loci con alta tasa de diferenciación genética en poblaciones obtenidas por reproducción selectiva y en poblaciones salvajes; el segundo modelo se centró en analizar los loci con baja tasa de diferenciación genética en poblaciones derivadas de reproducción selectiva unidireccional.

Las experiencias se llevaron a cabo con 10 poblaciones cultivadas, todas



ellas sujetas al mismo programa de reproducción, y 10 poblaciones salvajes.

Entre los factores considerados para estudiar el poder de detección de loci atípicos, los que mayor influencia presentaron fueron el tamaño efectivo de la población, el número de generaciones desde el comienzo de la selección y el coeficiente de selección que actúa sobre el locus.

La herramienta podría ser aplicada a la mayoría de las especies domesticadas ya que se pueden conseguir con elevada precisión datos como el tamaño efectivo de la población, el número de generaciones desde que se inició la selección y la diferenciación inicial.

La identificación de los loci en reproducción artificial sería de gran valor; ya que estos loci podrían ser empleados para controlar el mantenimiento de variaciones genéticas en las poblaciones sometidas a reproducción y además, para monitorizar los posibles cambios genéticos en poblaciones salvajes en caso de producirse un escape y una interacción entre individuos salvajes y cultivados.

PRIMER MAPA DEL GENOMA DE LA OSTRAS

Desde el punto de vista económico, la industria de cría de ostras supone unos ingresos de 3,5 mil millones de dólares al año en Estados Unidos y, en China, la producción de ostras supone un cuarto de la acuicultura. Por otra parte, se sabe que existen más de 100 variedades de este molusco alrededor de los continentes, exceptuando las zonas polares.

Sin embargo, la industria acuícola se encuentra con un hándicap y es que aunque las tasas de fecundidad son elevadas, las crías son muy vulnerables y mueren poco tiempo después de su nacimiento.

Tras dos años de investigaciones, un grupo de científicos chinos ha establecido el primer mapa completo del genoma de las ostras. Las experiencias, enmarcadas dentro del proyecto "Oyster Genome Sequence Map", han dado como resultado el primer mapa para los mariscos y la vida marina.

El mapa manifiesta la gran diversidad genética de esta especie ya que se compone de 800 millones de

pares de bases de ADN, cerca de 20.000 genes.

Los investigadores indican que el conocimiento generado hará posible criar ostras con una velocidad de crecimiento mayor y con una tasa de supervivencia más elevada, lo que repercutirá en un beneficio económico directo.

Por otra parte, el mapa de secuenciación del genoma permitirá mejorar algunas características que dificultan la producción y transformación de las ostras. Entre ellas, los investigadores destacan la necesidad de buscar el gen responsable de la capacidad de adherirse a diversas superficies, como a los buques o tuberías, haciendo que puedan crecer de forma independiente; por otra parte, el gen responsable de la super-viscosidad la cual dificulta las aplicaciones industriales.

Los resultados alcanzados suponen un gran avance para el sector acuícola y abre nuevas posibilidades para la producción de esta especie tan preciada. Investigaciones futuras van a orientarse al estudio de genes individuales con el propósito de mejorar la producción de las ostras.