

MALFORMACIONES EN LA DORADA

La aparición de anomalías en peces de cultivo es frecuente; en el caso de la Dorada, no es extraña la aparición de malformaciones en la espina dorsal. Estudios previos indican que ante las mismas condiciones ambientales diferentes grupos presentaban respuestas distintas lo que sugería una base genética para la aparición de anomalías, aunque los datos sobre transmisiones hereditarias eran escasos.

Dada la elevada incidencia de anomalías en la dorada, un grupo de investigadores Españoles de la Universidad de Santiago de Compostela y el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), en colaboración con la empresa Insuñña, han estudiado el efecto de los factores genéticos en las malformaciones más comunes en

esta especie: la lordosis, anomalía que provoca la curvatura de la espina dorsal, y la ausencia de opérculo, una pieza ósea que cubre las branquias.

Con el objetivo de conocer la base genética de la aparición de malformaciones entre individuos emparentados, los investigadores llevaron a cabo un análisis de polimorfismos genéticos mediante microsatélites, los cuales permitían obtener una trazabilidad del parentesco entre individuos.

Para evaluar la aparición de lordosis se seleccionaron 994 peces de 157 familias y se consideraron 6.3 descendientes por familia. Los individuos fueron iluminados mediante una lámpara de 150W para visualizar la espina dorsal. Tras las observaciones, se detectaron 56 individuos de 37 familias distintas que presentaban deformaciones en la espina.

En el caso de la falta de opérculo fueron considerados alrededor de 808 individuos. La identificación de esta malformación se hizo de forma visual. Así, los científicos detectaron que 64 individuos presentaban anomalías. Estos correspondían a 34 familias de las 83 seleccionadas para la práctica.

Tras identificar la población que presentaba anomalías, se llevó a cabo la evaluación de las variaciones en el fenotipo de estos individuos con el objetivo de determinar el origen de las malformaciones. Los resultados obtenidos muestran una baja semejanza genética entre los individuos que presentaban falta de opérculo. En lo referente a la existencia de lordosis, no se encontraron asociaciones familiares.

Todo indica que, la aparición de malformaciones en la dorada se debe a factores ambientales, por lo que las futuras investigaciones sobre práctica acuícola de la dorada

deberían centrarse en aquellos parámetros que se puedan influir sobre la producción.

MECANISMOS DE DEFENSA DE LAS OSTRAS FRENTE A AGUAS RESIDUALES

La llegada al mar de aguas residuales con elevado contenido tanto en materia orgánica como inorgánica puede repercutir negativamente en la práctica acuícola. Las ostras, así como los bivalvos, resultan de alto interés para la acuicultura y para biomonitorización en programas medioambientales al tratarse de organismos filtradores.

Con el objetivo de conocer los efectos de la exposición a aguas residuales de las ostras, tres centros de investigación de Brasil han llevado a cabo un estudio conjunto en muestras de ostra del Pacífico (*Crassostrea gigas*). La investigación se ha centrado en el análisis de la expresión génica de individuos tras exponerlos a aguas residuales de forma controlada en laboratorio, para determinar posibles biomarcadores potenciales como medida de detección de la exposición a esta agua.

El experimento se llevó a cabo con ostras de 2 años de edad procedentes de un centro de cultivo. Tras un primer periodo de aclimatación de 10 días con agua marina filtrada y mantenida a temperatura constante, se tomó un grupo de ostras y se expuso a aguas residuales no tratadas durante 48 horas. Las ostras restantes se mantuvieron en agua marina limpia como grupo control. Tras las 48 horas se mataron las ostras, se identificó su sexo y se separaron las branquias para la posterior extracción y análisis del RNA.

El estudio concluyó que la exposición a aguas residuales provoca cambios en el metabolismo de la ostra, hecho que se manifiesta en la expresión diferencial de genes relacionados con proteínas de resistencia a sustancias tóxicas, entre otras. Además, se detectó el incremento de proteínas transportadoras y proteínas del núcleo así como la expresión de genes relacionados con el metabolismo aerobio. Entre los resultados obtenidos se destacó el aumento de la síntesis de proteínas FABP, proteínas de unión a ácidos grasos, las cuales han sido relacionadas en estudios previos, con la existencia de xenobióticos en el medio y con el incremento de procesos de oxidación de ácidos grasos, que a su vez, podrían aportar la energía necesaria para la síntesis proteica y los procesos de detoxificación.

Tal como muestran los estudios de expresión génica, los organismos tienen estrategias de defensa frente a condiciones adversas que les permiten adaptarse al medio en el que se encuentran.

PRIMEROS PASOS PARA LA MEJORA DE LA PRODUCCIÓN DE FLETÁN DEL ATLÁNTICO

Actualmente la elevada mortalidad de las larvas de Fletán así como la aparición de malformaciones en los primeros estadios de su producción, supone un cuello de botella para la producción de esta especie. Algunas de las malformaciones sufridas en el estado larvario y embrionario tienen base molecular. Especialistas de la Universidad de Bodo, Noruega, han dado el primer paso en la compleja identificación de la expresión génica del fletán (*Hippoglossus hippoglossus*).

En el caso del fletán, hasta el momento no han sido validados los genes de referencia para desarrollar análisis mediante PCR (una de las técnicas más exactas) sobre la expresión genética de esta especie. Los investigadores Noruegos seleccionaron 6 genes candidatos para el uso de PCR, Actb, Gapdh, 18SrRNA Eef2, Fau y Tubb2. La expresión de estos genes se evaluó en 6 estados embrionarios y 5 estados larvarios del fletán.

En las primeras fases del desarrollo se producen muchos y diversos cambios en la actividad transcripcional lo cual hace que, para la normalización de los resultados obtenidos mediante PCR, sean imprescindibles varios genes de referencia así como varios métodos de evaluación. Por este motivo, los expertos seleccionaron tres softwares capaces de medir la estabilidad de los genes candidatos, geNorm, NormFinder y BestKeeper.

Tras evaluar la estabilidad de los genes considerados, los resultados indicaban que todos los genes de referencia en estudio, a excepción del 18SrRNA, mostraban cambios en la expresión génica a lo largo del desarrollo embrionario. Dadas las respuestas de cada uno de los genes ante las variaciones en los primeros estadios de la producción, los genes Tubb2 y Actb resultaron los más adecuados para la técnica PCR en tiempo real. Además los expertos concluyeron la necesidad de emplear un factor de normalización calculado como la media geométrica de los valores obtenidos de dos genes de referencia (Tubb2/Actb o Tubb2/Fau) para la normalización del PCR en futuras investigaciones sobre el fletán.

Los investigadores indican que los resultados del estudio podrían ser aplicados a otras especies, en