

MAPAS GENÉTICOS DISEÑADOS PARA ACUICULTURA

La variación cuantitativa de las posiciones de los cromosomas de un individuo caracterizan la mayoría de rasgos de las especies que resultan de interés económico para la práctica acuícola como la resistencia a enfermedades, el crecimiento y la calidad de los individuos. Estas variaciones se han venido controlando mediante el número de loci (posiciones fijas adoptadas por los genes en el cromosoma) (QTL, en sus siglas en inglés)

Los caracteres cuantitativos caracterizan la mayoría de los rasgos de las especies más importantes, incluyendo factores condicionantes para la práctica acuícola.

Investigadores de la Universidad de Edimburgo en colaboración con la Universidad de Wageningen (Holanda) han llevado a cabo un proyecto cuyo principal objetivo era explorar diferentes diseños experimentales para la detección exitosa de QTL en especies acuícolas.

En la experiencia se utilizaron tres diseños experimentales correspondientes a tres niveles de control de la reproducción. Los investigadores tuvieron en cuenta la influencia de varios parámetros relativos al diseño de cada experiencia como son la estructura de la familia elegida, la heredabilidad de los rasgos y la segregación de los alelos QTL en la población paterna.

Las conclusiones alcanzadas indican que los experimentos llevados a cabo, con una potencia aproximada de detección de QTL del 80%, pueden llevarse a cabo para prácticamente cualquier especie acuícola donde la estructura del pedigrí pueda ser controlado o definida.

Los investigadores identificaron que uno de los factores clave a controlar

era la estructura familiar dada su influencia sobre la identificación. La selección del fenotipo está recomendada para especies con elevada fecundidad donde el control de la reproducción es posible, por ejemplo las ostras, para aumentar el poder de detección de los QTL y disminuir los costes de los experimentos en los que el interés se centra en la identificación de un único rasgo.

El diseño clásico de mapas QTL es muy limitado para las especies de desove masivo debido a la imposibilidad de controlar la reproducción y el poco conocimiento de la especie. Para estos casos los investigadores indican que podría ser empleadas simulaciones estocásticas utilizando contribuciones parentales realistas para planificar un estudio de detección de QTL en especies de desove masivo.

EXPRESIÓN GENÉTICA DEL LANGOSTINO JUMBO

La habilidad de los crustáceos eurihalinos para regular las concentraciones osmóticas e iónicas y así resistir a los cambios bruscos de la salinidad, es importante tanto en su ciclo de vida como en la viabilidad económica del cultivo de estas especies.

Hasta el momento los mecanismos de absorción de iones en cangrejo, langosta y cangrejo de río han sido ampliamente estudiados. Sin embargo, en el caso del langostino jumbo no han sido evaluadas las moléculas que intervienen en la absorción de iones.

El departamento de Bioquímica de la Universidad de Chulalongkorn, Bangkok, ha evaluado el mecanismo de osmoregulación del langostino jumbo.

Esta especie tiene la capacidad de hipo- e hiperregulación osmótica en agua salada cuando la concentración está por debajo o por encima de la

concentración iso-osmótica. En el mecanismo de osmoregulación de los crustáceos se ven involucradas las branquias y la glándula antenal. Los investigadores se plantearon el presente estudio sospechando que la anhidrasa carbónica (CA en sus siglas en inglés) era una de las principales enzimas que intervenían en este mecanismo.

Los expertos, mediante el empleo de DD-PCR, identificaron los genes de las branquias del langostino cuya expresión genética cambiaba como respuesta a la baja salinidad del medio.

Los langostinos empleados en la experiencia fueron sometidos a un descenso de la salinidad de 25 a 3 ppt durante dos semanas. Tras este periodo se emplearon técnicas de PCR en tiempo real (RT-PCR) y análisis de la actividad enzimática para detectar los cambios en la expresión genética de la CA y su actividad total respectivamente.

Comparando el comportamiento de los langostinos antes y después de verse sometidos a esta situación de estrés, se comprobó un aumento significativo de la actividad del CA en las branquias mientras que en los epipódidos y en la glándula antenal los niveles de expresión genética se mantuvieron estables.

Tras evaluar la respuesta de la CA ante los cambios de salinidad los investigadores han concluido que esta proteína participa en los procesos de regulación hipo-osmótica. No obstante cuando se trata de aclimatación a salinidades bajas, su actividad es menos importante pues su expresión es insignificante en comparación con la respuesta en otros crustáceos.

El conocimiento de los mecanismos de osmoregulación bajo condiciones de baja salinidad resulta de gran utilidad para el desarrollo y optimización del cultivo de langostino.