

A los 11 meses se evaluó el ratio sexual.

Los investigadores concluyeron que la determinación sexual sigue el modelo ZZ/ZW.

Para evaluar el efecto de la temperatura, se consideraron 8 familias de las empleadas anteriormente (6 familias normales y 2 familias de machos con inversión sexual) y se cultivaron a 15°C y 24°C durante 65 días.

Tras las experiencias observaron que el efecto de la temperatura era bajo aunque cabía tener presente la interacción entre la temperatura y la familia.

Estos estudios suponen un avance en el conocimiento de la producción de poblaciones monosexuales femeninas en la producción de rodaballo lo que repercutiría en una optimización del cultivo de esta especie.

EXPRESIÓN DE DMRT1 EN LA DIFERENCIACIÓN GONADAL DE LA LUBINA

La diferenciación sexual resulta un factor importante en la práctica acuícola debido a la diferencia en los ratios de crecimiento entre machos y hembras.

Los miembros de la familia proteica DM tienen un rol importante en la diferenciación sexual. En particular, DMRT1 influye en la diferenciación sexual y en la formación de los testículos.

Un equipo de investigación formado por la universidad del Algarbe (Portugal) y el Instituto de Acuicultura de Iraklion (Grecia) llevaron a cabo un estudio en el que clonaron dos transcritores alternativos de DMRT1 en la lubina. Posteriormente los caracterizaron y determinaron su estructura genética

así como su expresión diferencial durante la diferenciación de las gónadas en los individuos.

La lubina debe ser clasificada sexualmente examinando las gónadas, carecen de un gen determinante del sexo. Así los científicos desarrollaron DMRT1a y DMRT1b, transcritores influyentes en el desarrollo de los testículos.

Tras varias experiencias los investigadores observaron que durante los primeros estadios, no se detecta ni DMRT1a ni DMRT1b, lo que sugiere que no intervienen en la formación de las gónadas (no diferenciadas). Su aparición coincide con el periodo en el que comienza la diferenciación de las gónadas, aumentando su presencia de forma similar tanto en machos como en hembras hasta los 200 días post-cosecha. A partir de ese momento, los transcritores disminuyen en los ovarios y se convierten en específicos de los testículos.

Los científicos señalan que, a diferencia de otras especies, en la lubina DMRT1 aparece tanto en la diferenciación de los ovarios como de los testículos aunque su función específica no se conoce por el momento y se requiere de más investigaciones para establecerla.

BIOINDICADORES DE LA SALUD DE LA LUBINA

Los aumentos de la presión de CO₂ en el medio repercuten negativamente sobre el organismo de los peces, afectando a varias funciones vitales. Esto se debe a la incorporación del CO₂ a la sangre, conocida como acidosis hipercápnica, a través de las branquias lo que produce una disminución del pH en el plasma provocando una disminución de la

afinidad de la hemoglobina por el oxígeno.

Con el propósito de conocer el impacto de la exposición de la lubina ante condiciones hipercápnicas agudas y crónicas, investigadores de la Universidad de Insubria (Italia) han llevado a cabo un estudio en el que han evaluado la clonación de los genes c-Fos y NHE-1 y su respuesta molecular ante las condiciones mencionadas.

Al aumentar la cantidad de CO₂ en sangre como consecuencia de la elevada presión del CO₂ en el medio, el pH del plasma disminuye. Los organismos tienden a recuperar el pH mediante el aumento de la concentración de bicarbonato y Na⁺ y la eliminación equimolar de cloro y H⁺ para mantener la electroneutralidad.

Las proteínas transmembranas encargadas del transporte iónico Na⁺/H⁺ a través del epitelio de las branquias y riñones pertenecen a la familia NHE. Estas proteínas son, además, sensibles al pH. Estudios previos muestran los cambios en la expresión de estas proteínas como respuesta ante los cambios en la acidez.

En otras especies se ha observado una rápida expresión del gen c-Fos en ciertas áreas del cerebro ante diversos estímulos entre los que se encuentra el aumento de CO₂/H⁺.

Hasta el momento, la secuencia de estos genes no se había estudiado en la lubina. Los investigadores identificaron la secuencia completa el c-Fos y parcialmente la secuencia de NHE-1 para la lubina.

Tras estudiar la secuencia de los dos genes, se evaluó su expresión ante condiciones hipercápnicas agudas y crónicas.

En el cerebro de la lubina se observó un rápido aumento de la expresión de este gen como respuesta a condiciones hipercápnicas agudas. Los resultados sugieren una actividad quimiorreceptora de un área específica del cerebro.

Por el contrario, observaron una disminución en la expresión del NHE-1, lo que se cree aumenta la eficiencia de las excreciones ácidas netas.

Los resultados obtenidos en este estudio demuestran que ambos genes pueden ser utilizados como biomarcadores y los cambios en su transcripción como indicadores de la respuesta ante el estrés hipercápnico.

El conocimiento de biomarcadores específicos de cada especie contribuye a la optimización de la práctica acuícola.

GENÉTICA Y BIENESTAR DE LOS BIVALVOS

Uno de los inconvenientes que presenta el cultivo de bivalvos es el desconocimiento de su bienestar; aparentemente pueden parecer sanos y morir en pocas semanas. La elevada mortalidad de los mariscos

en general supone para la cultura acuícola grandes pérdidas económicas.

Hasta el momento no se disponen de herramientas que permitan conocer el bienestar de los individuos ni el efecto sobre su salud de ciertos parámetros ambientales.

El organismo de investigación Genomics BC ha planteado un proyecto con el centro de investigación sobre marisco de la Universidad de Vancouver Island (CSR) y el departamento de pesca y océanos (DFO, en sus siglas en inglés) cuyo objetivo es desarrollar una herramienta que permita evaluar genéticamente la salud de los mejillones.

El proyecto se llevará a cabo en las instalaciones de la Universidad de Vancouver y en los laboratorios de Genome BC.

El equipo de investigadores tomará muestras de varias granjas de marisco de BC y llevarán a cabo experimentos en los laboratorios genómicos del CSR. Posteriormente, se transportarán muestras de tejido a los laboratorios especializados de Genome BC donde se procederá a la identificación de las secuencias genéticas.

Los investigadores señalan que los genes que se considerarán serán aquellos involucrados en las respuestas ante factores externos como la temperatura, salinidad o la manipulación de los individuos. Con esto se persigue conocer cómo afectan estos factores a las diversas especies de mariscos y, con el conocimiento generado, informar a los productores acuícolas acerca de los parámetros que deben controlar así como las medidas a tomar para evitar someter a los animales a situaciones de estrés.

Por otra parte, al tratarse de organismos sedentarios, resultan ser los bioindicadores más exactos ante influencias naturales o producidas por el ser humano. Así, la herramienta de evaluación basada en la genómica que desarrollen permitirá controlar los cambios en el ecosistema lo cual resultará beneficioso tanto desde el punto de vista económico como medioambiental.

El equipo de investigadores señala que los resultados, la información y el conocimiento generado tendrán aplicabilidad directa sobre la industria. Esto supondrá un gran avance en la práctica acuícola de bivalvos.