

SECUENCIAN EL TRANSCRIPTOMA DEL CORCÓN

Cada vez son más y diversos los productos químicos que terminan en el agua como residuos contaminando el medio en el que viven muchos y diversos organismos.

Este negativo aspecto influye de forma decisiva en la calidad y seguridad de las producciones acuícolas off-shore.

Investigadores de la Universidad del País Vasco han estudiado los genes de diversas especies con el fin de conocer el impacto de los contaminantes en el medio acuoso y poder, en última instancia, identificar los lugares contaminados.

Las investigaciones se centraron en especies capaces de vivir en medios contaminados para medir la respuesta ante estos estímulos externos. Comenzaron con la decodificación del transcriptoma del corcón y en estos momentos están trabajando con la anguila.

En el caso del corcón, en primer lugar procedieron con la recogida de ejemplares (machos, hembras, juveniles, etc.). Una vez pescados, los trasladaron al acuario para su aclimatación. Los mantuvieron alrededor de una semana sin comer y luego los alimentaron con pienso comercial hasta que dispusieron del número adecuado de individuos y establecieron las condiciones más adecuadas para llevar a cabo los estudios.

Con el propósito de conocer la respuesta genética de los individuos, los investigadores tomaron muestras de los órganos responsables de la detoxificación, en el caso del corcón del hígado además de muestras de las branquias, órganos reproductores y sangre. De estas muestras extrajeron el ARN y comprobaron que la mayoría de transcriptomas estaban presentes antes de continuar con las experiencias.

A continuación, transformaron el ARN en cADN el cual enviaron a secuenciar a la Universidad de Newcastle. El resultado que obtuvieron fue el transcriptoma del corcón, 126 millones de nucleótidos.

A partir del transcriptoma, los investigadores identificaron alrededor

de 18.000 genes y determinaron su función. Con este conocimiento, compararon muestras de peces que vivían en aguas limpias y peces de aguas contaminadas para estudiar la expresión de los genes identificados.

Esta información le ha servido al equipo de investigadores para desarrollar un microchip de ADN que permite evaluar la respuesta de los peces ante la contaminación del medio. La lectura del microchip muestra en rojo los genes sobre-expresados y en verde, aquellos que no se han expresado como respuesta al medio acuoso.

Según comentan los investigadores, en el caso de la anguila han contado con la colaboración del Institut de Reserca i Tecnologia Agroalimentaria de Barcelona, el cual lleva a cabo pirosecuenciaciones para la determinación de secuencias de ADN y aplicable a genomas completos. Estas investigaciones concluirán próximamente.

El uso de especies resistentes a la contaminación y el desarrollo de estos dispositivos podría contribuir a la mejora de los sistemas de cultivo y, en última instancia, a la calidad de los productos cultivados.

MARCADORES GENÉTICOS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE INDIVIDUOS DE OSTRA DEL ATLÁNTICO CON RASGOS SIMILARES

La ostra del Atlántico (*Crassostrea virginica*) es un bivalvo marino autóctono de la costa este de Norteamérica. Este bivalvo es clave en muchos ecosistemas estuarinos y suele emplearse en muchas ocasiones como especie modelo de estudios genéticos y medioambientales. Esta

especie de ostra, no obstante, se enfrenta a diferentes enfermedades que hacen disminuir su población, afectando directamente a industrias que comercializan con este bivalvo.

Estudios genéticos y genómicos están permitiendo seleccionar poblaciones con mayor resistencia a determinadas enfermedades. Entre las técnicas más utilizadas se encuentra el uso de marcadores SNPs o marcadores de polimorfismo de nucleótido simple. Los SNPs son variaciones en la cadena de ADN que afectan solamente a una base en una secuencia del genoma. Estos marcadores son muy útiles para el estudio de poblaciones ya que los SNPs se mantienen con un alto porcentaje a lo largo de diferentes generaciones. Esto permite realizar estudios comparativos entre individuos y establecer relaciones de parentesco.

En el caso de la ostra del Atlántico, en estudios llevados a cabo en 2006, se desarrollaron 32 marcadores SNPs empleando marcadores de secuencia expresada existentes en la base de datos EST. A partir de un nuevo estudio llevado a cabo en 2009 en Estados Unidos con poblaciones de diferentes zonas geográficas, se consiguieron 46 nuevos marcadores SNP a partir de la extracción de secuencias EST y por resecuenciación. Los resultados de la resecuenciación revelaron además que en la ostra del Atlántico existe un SNP por cada 20 pares de bases, lo que hace de este bivalvo, uno de los animales más polimórficos. Los resultados del estudio mostraron finalmente que 33 de 46 SNP analizados procedían de dos familias únicamente.

El conocimiento de este tipo de información genética puede ayudar

a identificar poblaciones de animales de interés comercial con mayor resistencia a enfermedades y por lo tanto, aportar una información de gran valor para la industria pesquera y acuícola.

MÉTODO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LARVAS DE CORVINA BASADO EN TÉCNICAS DE PCR-RFLP

La identificación de especies en larvas de peces es una tarea muy complicada, ya que debido su tamaño microscópico, se requiere de mucha destreza y paciencia en su observación. Además, este método, es solo válido para especies que pueden ser distinguidas morfológicamente. Con los avances en biotecnología, se han desarrollado técnicas basadas en marcadores moleculares que facilitan en gran medida la identificación larvaria.

Dentro de este ámbito, recientemente un grupo de investigadores del departamento de Ecología e Hidrología de la Universidad de Murcia conjuntamente con Smithsonian Tropical Research Institute de Panamá, y el departamento de Biología Marina y Limnología de la Universidad de Panamá, han desarrollado un nuevo método para la identificación de larvas de corvina en la Bahía de Panamá. El interés de desarrollar el método en este tipo de pescado viene dado por que las corvinas son un grupo de peces constituido por 24 especies diferentes de la familia de Sciaenidae muy apreciadas en Centroamérica.

El trabajo se basó en el análisis de un fragmento del citocromo b del ADN mitocondrial mediante técnicas de