



Caracterización de la estructura genética poblacional de muestras de dorado del Océano Pacífico Oriental.

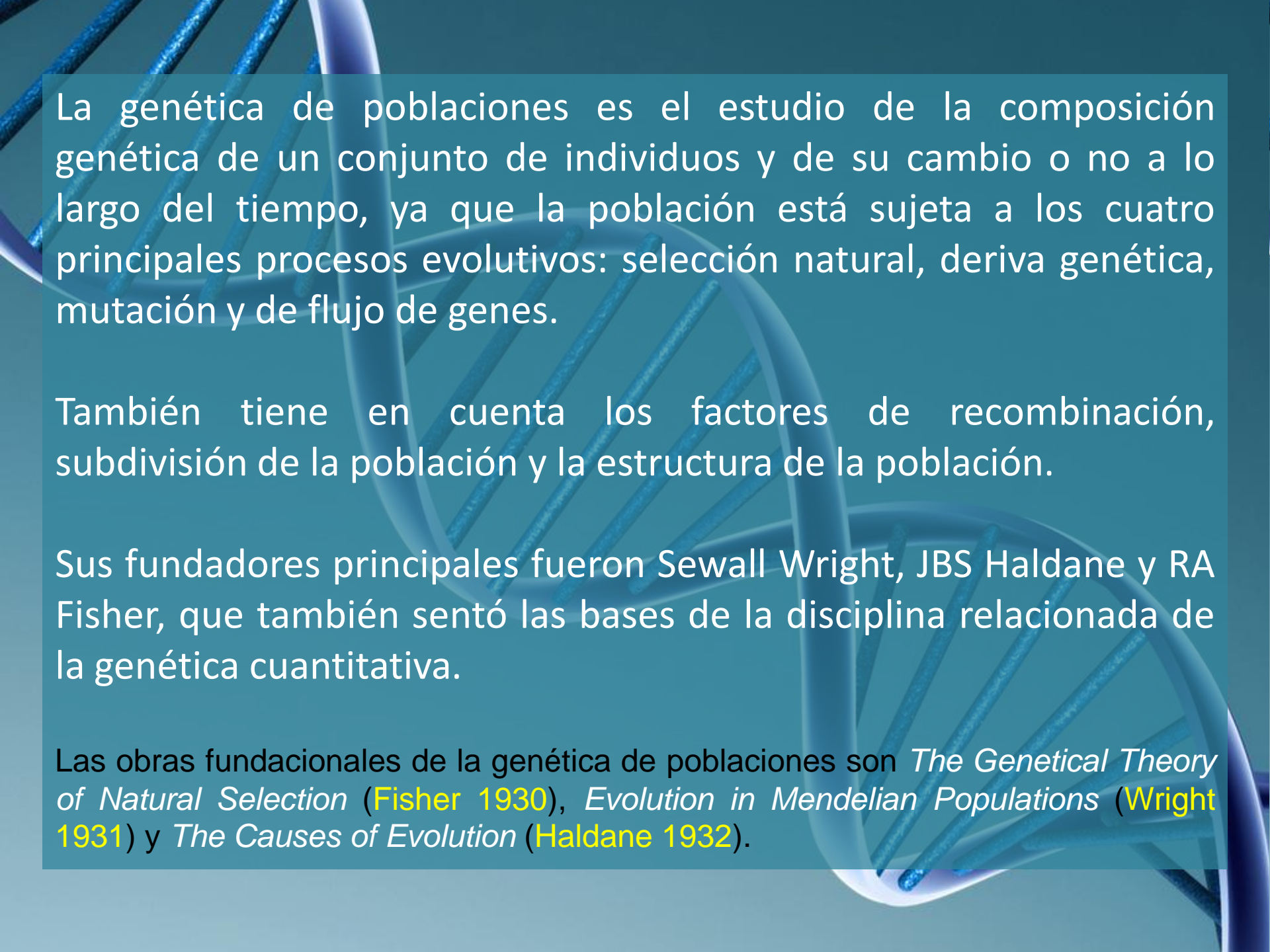
**Subsecretaría de Pesca, MAGAP, Ecuador
World Wild Fundation “WWF”
Marine Stewarship Council
Concepto Azul S.A., Ecuador**

CIAT

1era REUNIÓN TÉCNICA SOBRE DORADO

Revisión de los conocimientos actuales, e identificación de fuentes de datos disponibles para el dorado en el Océano Pacífico Oriental.

14-16 de octubre de 2014, Manta, Ecuador

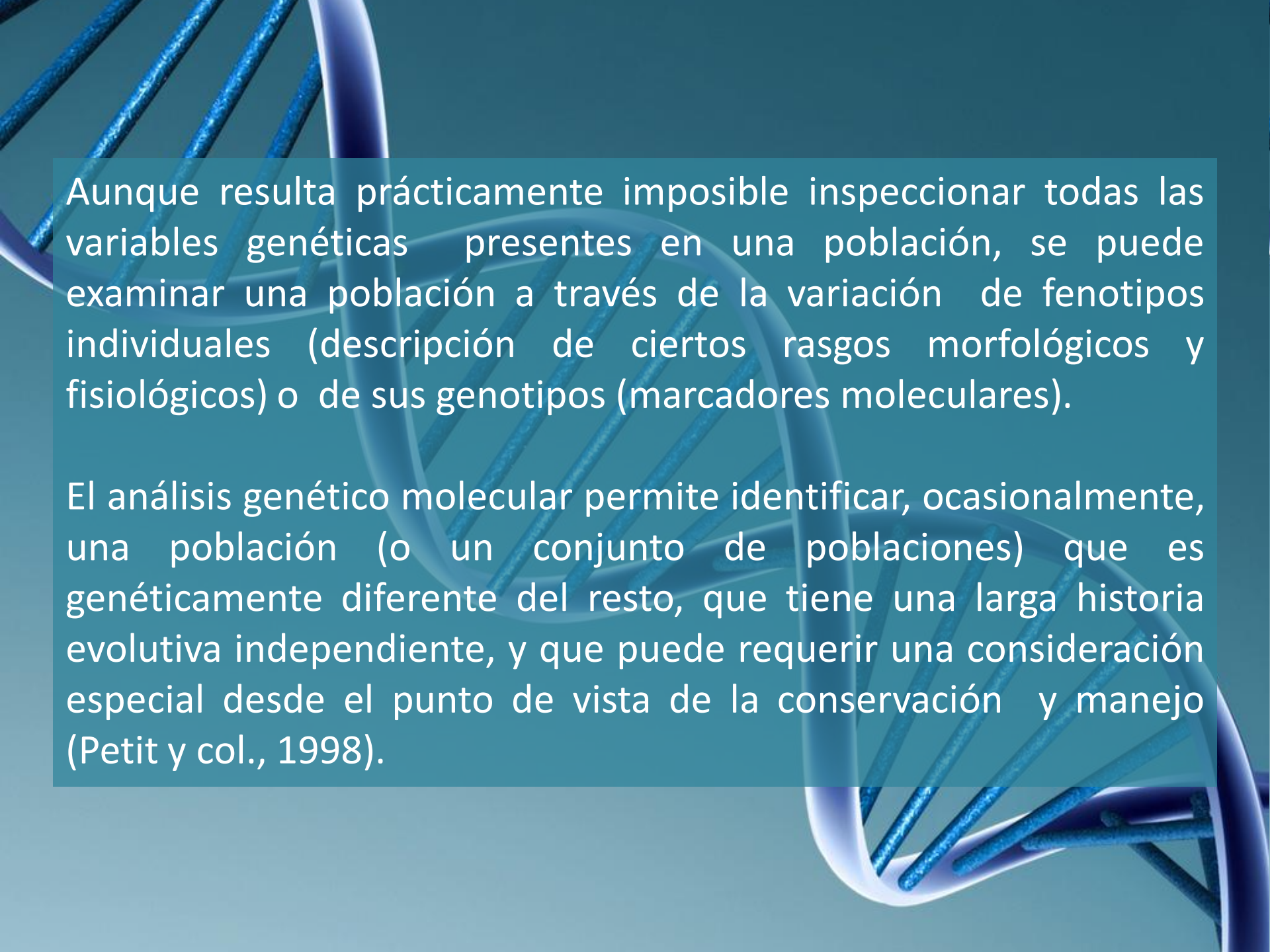


La genética de poblaciones es el estudio de la composición genética de un conjunto de individuos y de su cambio o no a lo largo del tiempo, ya que la población está sujeta a los cuatro principales procesos evolutivos: selección natural, deriva genética, mutación y de flujo de genes.

También tiene en cuenta los factores de recombinación, subdivisión de la población y la estructura de la población.

Sus fundadores principales fueron Sewall Wright, JBS Haldane y RA Fisher, que también sentó las bases de la disciplina relacionada de la genética cuantitativa.

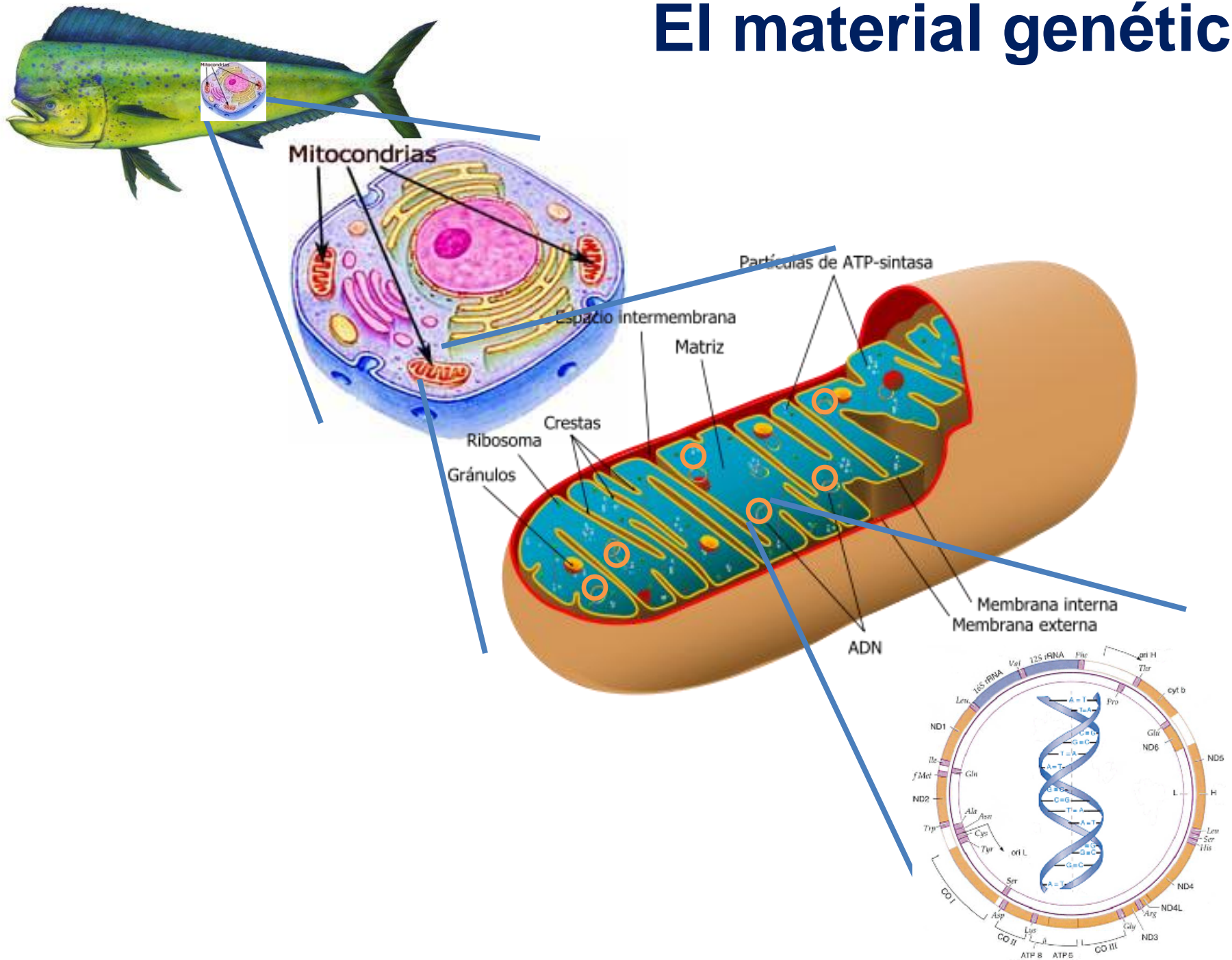
Las obras fundacionales de la genética de poblaciones son *The Genetical Theory of Natural Selection* (Fisher 1930), *Evolution in Mendelian Populations* (Wright 1931) y *The Causes of Evolution* (Haldane 1932).



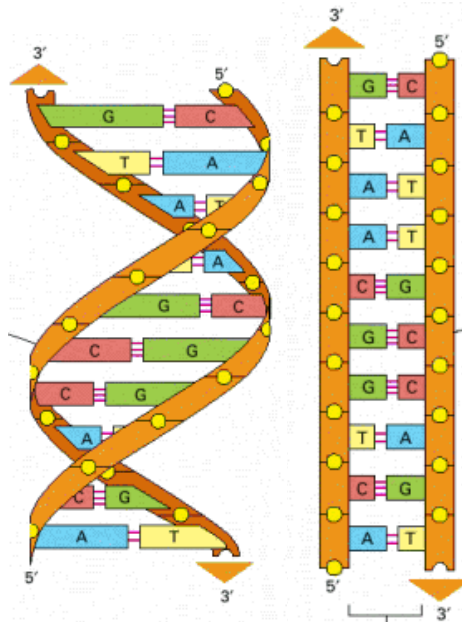
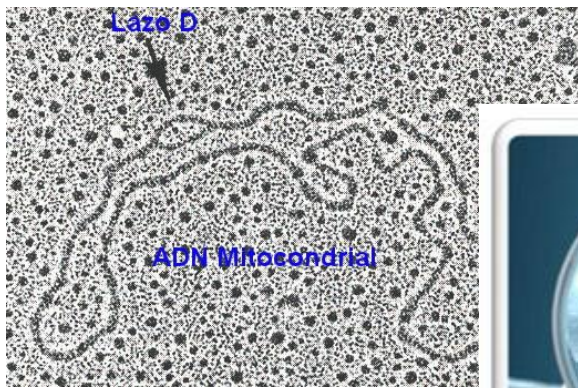
Aunque resulta prácticamente imposible inspeccionar todas las variables genéticas presentes en una población, se puede examinar una población a través de la variación de fenotipos individuales (descripción de ciertos rasgos morfológicos y fisiológicos) o de sus genotipos (marcadores moleculares).

El análisis genético molecular permite identificar, ocasionalmente, una población (o un conjunto de poblaciones) que es genéticamente diferente del resto, que tiene una larga historia evolutiva independiente, y que puede requerir una consideración especial desde el punto de vista de la conservación y manejo (Petit y col., 1998).

El material genético

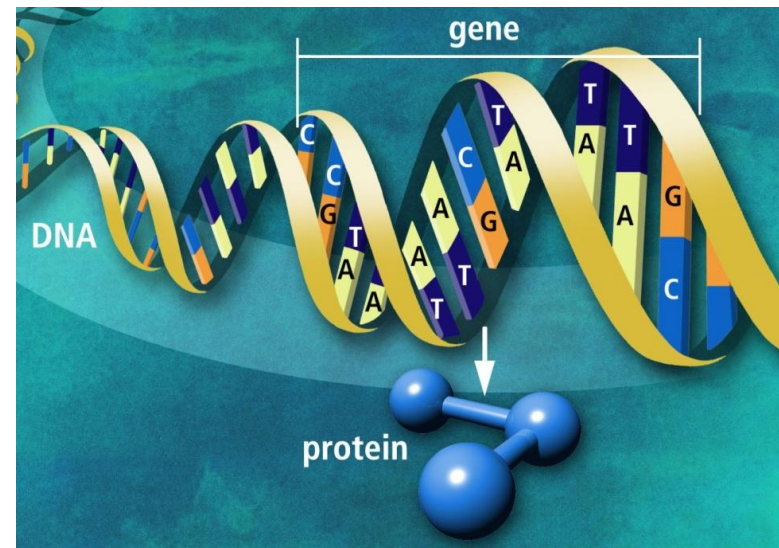


El material genético



- gen mitocondrial de la subunidad 1 de la Nicotinamida Deshidrogenasa (ND1)

Un alelo es cualquiera de las formas alternas de un gen que puede existir en un locus.
→ **Haplotipo**



-ACTGGCAATG-
-TGACCGTTAC-

M: México
A: 0-5 N
B: 0-5 S
C: 5-10 S
D: 10-15 S



© 2012 Europa Technologies
US Dept of State Geographer
© 2012 Google

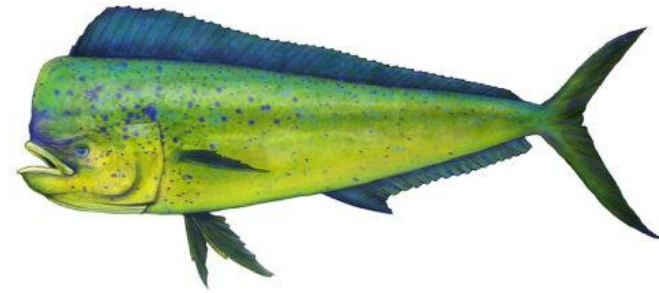
Data SIO, NOAA, U.S. Navy, NGA, GEBCO

6°22'42.10" S 87°09'52.25" O elev. -3945 m

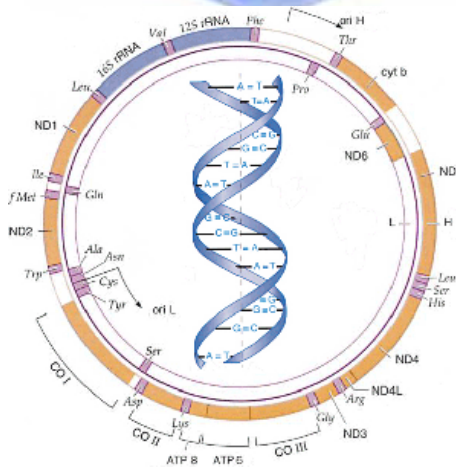
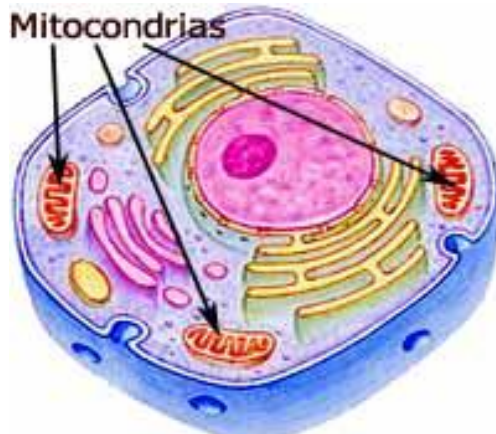
Google

Alt. ojo 23

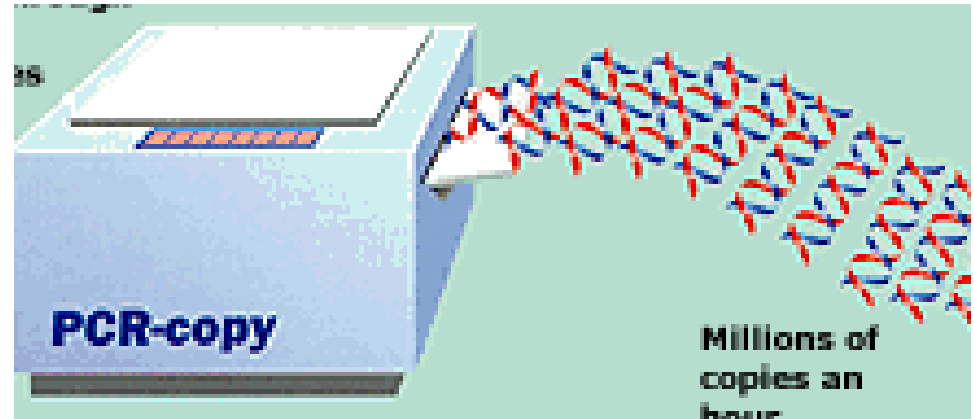
256 muestras de tejido de dorado conservadas en alcohol (Subsecretaria de Pesca, MAGAP)



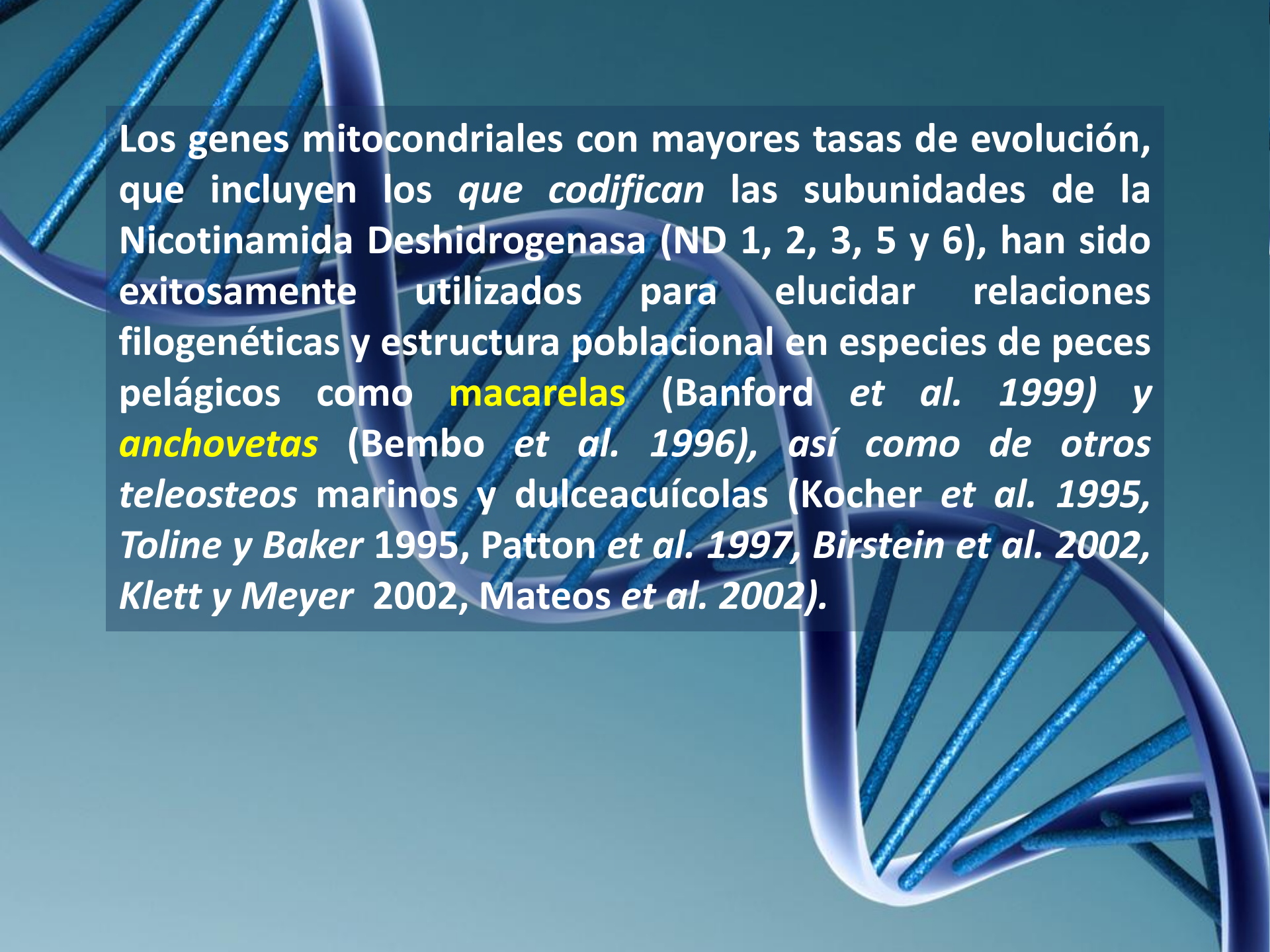
Extracción de ADN



Amplificación por PCR: **Fragmento de 753pb** del gen mitocondrial de la subunidad 1 de la Nicotinamida Deshidrogenasa (ND1)



El marcador elegido (secuencia de ADN mitocondrial) **permite inferir los niveles de flujo génico y de divergencia genética** entre individuos de las localidades muestreadas permitiendo **definir si se trata de una única población suficientemente extensa o de subpoblaciones diferenciadas localmente.**

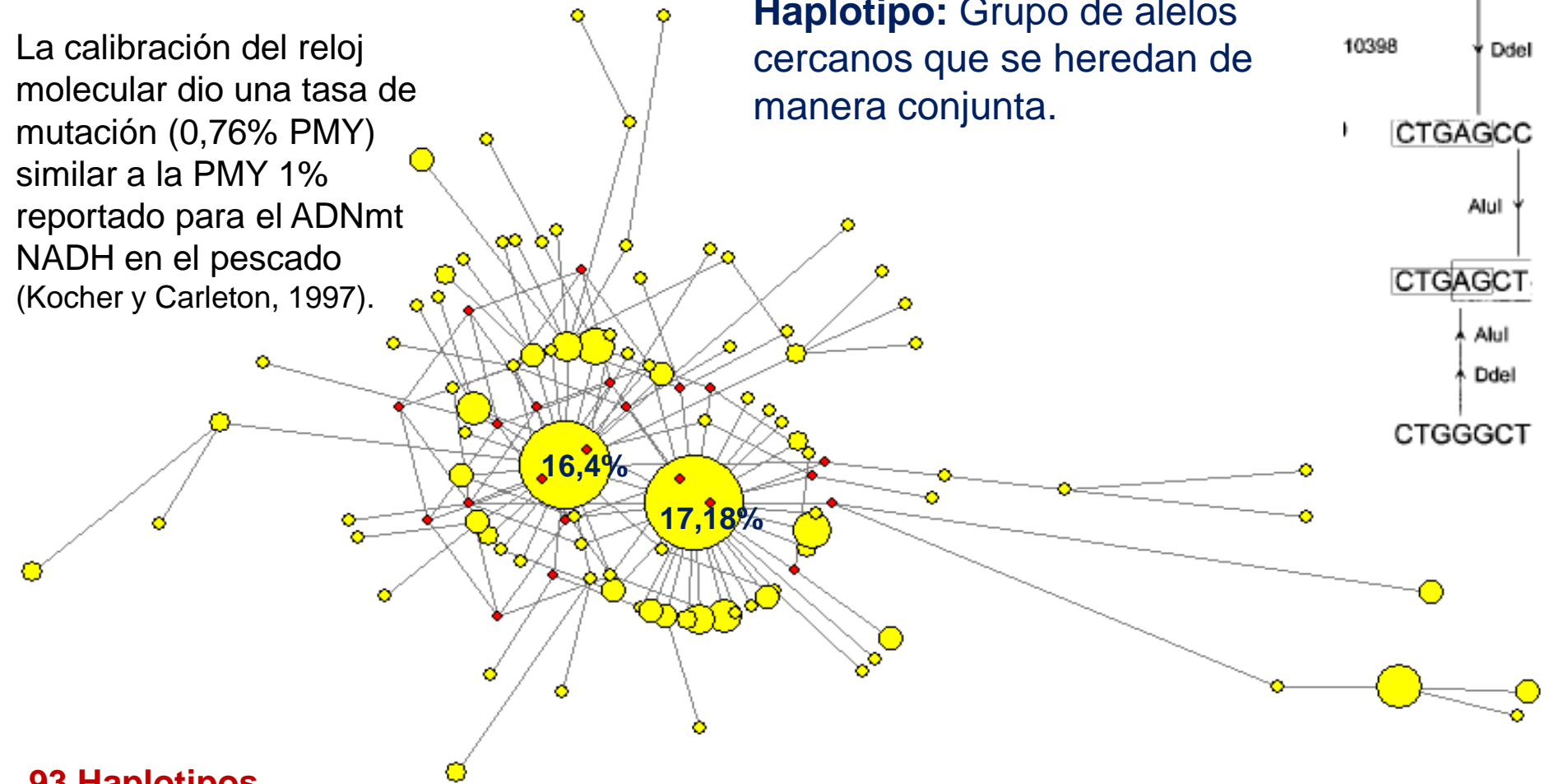
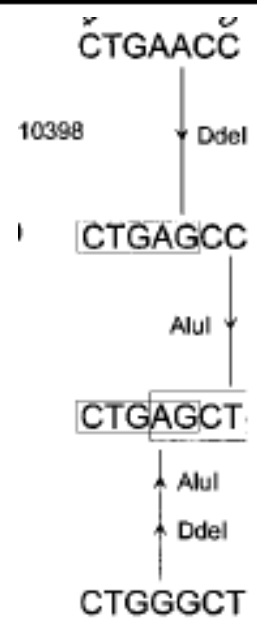


Los genes mitocondriales con mayores tasas de evolución, que incluyen los *que codifican* las subunidades de la Nicotinamida Deshidrogenasa (ND 1, 2, 3, 5 y 6), han sido exitosamente utilizados para elucidar relaciones filogenéticas y estructura poblacional en especies de peces pelágicos como **macarelas** (Banford *et al.* 1999) y **anchovetas** (Bembo *et al.* 1996), así como de otros teleosteos marinos y dulceacuícolas (Kocher *et al.* 1995, Toline y Baker 1995, Patton *et al.* 1997, Birstein *et al.* 2002, Klett y Meyer 2002, Mateos *et al.* 2002).

RESULTADOS

La calibración del reloj molecular dio una tasa de mutación (0,76% PMY) similar a la PMY 1% reportado para el ADNmt NADH en el pescado (Kocher y Carleton, 1997).

Haplotipo: Grupo de alelos cercanos que se heredan de manera conjunta.



93 Haplotipos

Diversidad de haplotipos promedio $h = 0,931$ (alta)

Diversidad de nucleotidos promedio $\pi = 0,0047$ (baja)

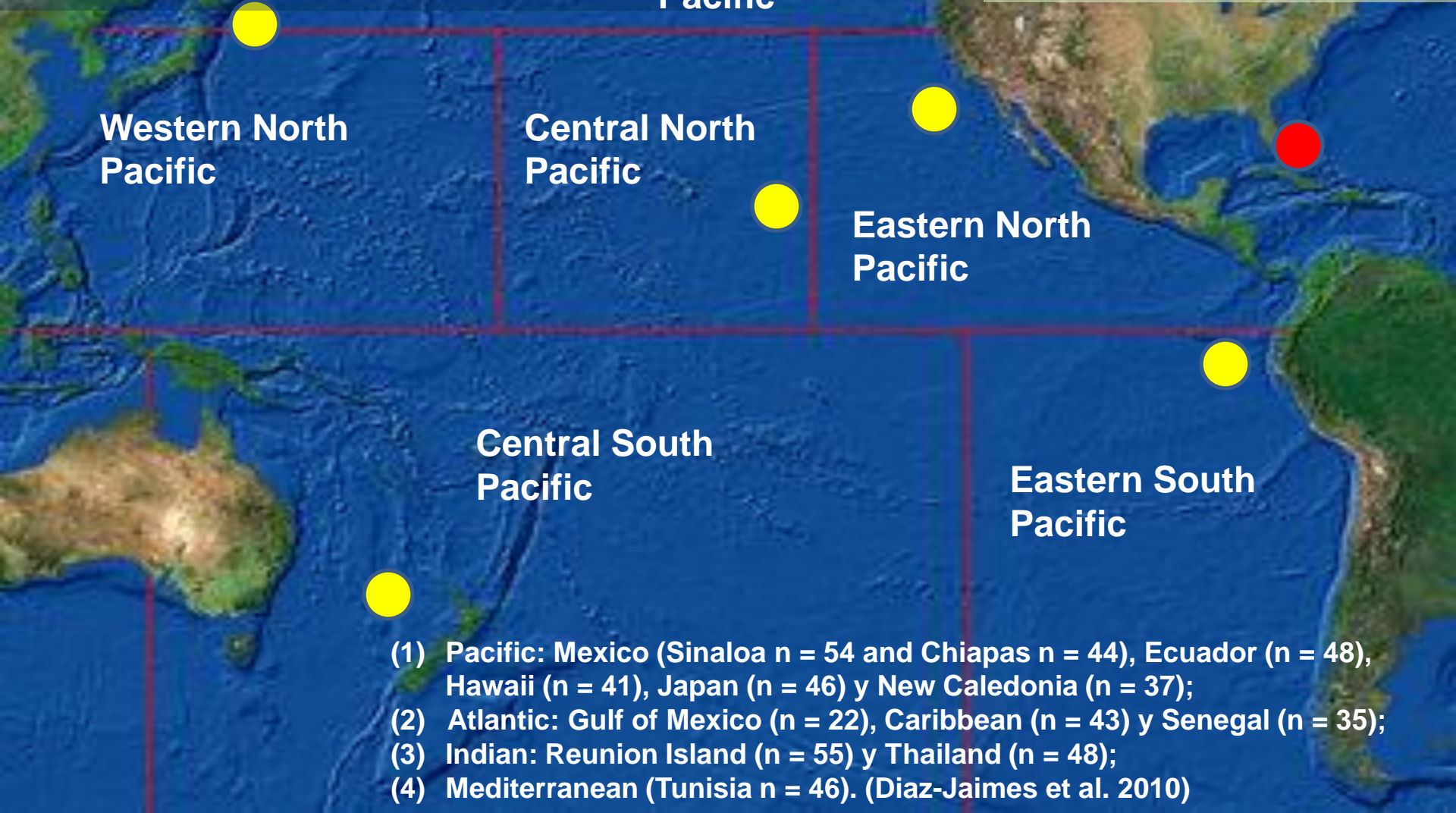
Test de neutralidad Tajima's $D = -2,29520 \rightarrow$ Expansión demográfica / \exists tipo de selección.

Median-Joining network de los haplotipos de ADN mitocondrial en dorado.

Los haplotipos son representados con círculos mostrando su frecuencia (tamaño proporcional a la frecuencia del haplotipo en la población).

Anteriores estudios de análisis AMOVA han puesto de manifiesto la divergencia interoceánica significativa con tres filogrupos ubicados en el Indo-Pacífico, el Atlántico oriental y el Mediterráneo, siendo la última la más divergente. Sin embargo, en concordancia con el presente estudio, se ha mostrado una sola población en Pacífico Oriental (Diaz et al., 2010).

Sin embargo, no fue posible observar claramente una diferenciación genética entre las poblaciones indo-Pacífico y las del Atlántico (Diaz et al., 2010).



Conclusiones:

El estudio reporta la diversidad y estructura genética del Dorado en el Pacífico Oriental de Norte a Sur, en toda su área de distribución, basándose en el ADNmt.

- Los resultados confirman **la alta variación genética**, consistente con previos estudios (Díaz et al., 2010).
- Comparado con otros estudios, la ampliación del tamaño de la muestra fue crucial ya que permitió **descubrir un mayor número de haplotipos del NADH1 para Ecuador**.
- **Algunos de estos haplotipos aparecen en baja frecuencia**, sugiriendo que un esfuerzo de muestreo similar debería ser aplicado en otras áreas del Océano Pacífico **para investigar la posibilidad de que la población del Pacífico podría estar localmente estructurada** como lo sugieren estudios previos (Rocha-Olivares et al. 2006) .
- Estos esfuerzos de muestreos serían necesarios para investigar dinámicas demográficas más recientes.

Los **valores negativos y significativos del test de Neutralidad de Tajima (1989)** indicarían la **existencia de algún tipo de selección.**

La **diversidad haplotípica relativamente alta** y valores de **diversidad nucleotídica moderados a bajos** y los **valores negativos de los test de neutralidad** de Fu, Li y (1996, 1997) Tajima (1989) podrían estar **indicando la existencia de expansión demográfica.**

Las estimaciones de tiempo desde la expansión de la mayor parte de las muestras variaron de 60000 a 283000 años, y sugiere que las fluctuaciones se produjeron en concierto con los eventos glaciales del Pleistoceno tardío (Díaz-Jaimes, 2010).

El conocimiento más profundo de la estructura genética poblacional deberá contribuir a un manejo racional del recurso en concordancia con el conocimiento de su historia demográfica y de la diversidad genética.

Perspectivas:

- **Estudio de otras secuencias génicas** como el gen mitocondrial citocromo b, que revelo en un estudio de Herzig 1990, diferencias genéticas entre poblaciones de Hawai y Taiwan...
- Incorporar **estudios microsatelitales**...
- **Aplicar tecnologías “ómicas” como la Proteómica y Metagenómica** para la identificación de nuevos marcadores, identificación de especie en subproductos de la pesca, estudios de patología y toxicología ...

PERSPECTIVE

Ecological proteomics: Finding molecular markers that matter

ANNE C. DALZIEL and PATRICIA M. SCHULTE

Department of Zoology, University of British Columbia,

Proteomics meets blue biotechnology: A wealth of novelties and opportunities

Erica M. Hartmann^a, Emie Durighello^a, Olivier Pible^a, Balbina Nogales^b, Fabrizio Beltrametti^c, Rafael Bosch^b, Joseph A. Christie-Oleza^d, Jean Armengaud^{a,*}

The role of proteomics in the study of the influence of climate change on seafood products

C. Piñeiro^{a,*}, B. Cañas^b, M. Carrera^a

^a*Instituto de Investigaciones Marinas (CSIC), Eduardo Cabello 6, 36208 Vigo, Spain*

^b*Dpto. Química Analítica, Facultad de Química, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid, Spain*

Fish Authentication by MALDI-TOF Mass Spectrometry

MARIA FIORELLA MAZZEO,[†] BEATRICE DE GIULIO,[†] GIULIA GUERRIERO,[§]
GAETANO CIARCIA,[§] ANTONIO MALORNI,[†] GIAN LUIGI RUSSO,[‡] AND
ROSA ANNA SICILIANO^{*,†}

***De Novo* Mass Spectrometry Sequencing and Characterization of Species-Specific Peptides from Nucleoside Diphosphate Kinase B for the Classification of Commercial Fish Species Belonging to the Family Merlucciidae**

Mónica Carrera,^{*,†} Benito Cañas,[‡] Carmen Piñeiro,[†] Jesús Vázquez,[§] and José Manuel Gallardo[†]



VICEMINISTERIO DE ACUACULTURA Y PESCA



- **Jimmy Martínez, MAGAP**
- **Brad Ack, Marine Stewardship Council**
- **Pablo Guerrero, WWF**
- **Virna Cedeño Escobar, Concepto Azul**
- **Gabriele Gentile, L'Università di Roma Tor Vergata, Italia**
- **Ricardo Avellán, Concepto Azul**