

IDENTIFICACIÓN DE ISLAS GENÓMICAS A PARTIR DE SECUENCIAS EN BACALAO

Rodríguez-Ramilo S. T.^{1,*}, Baranski M.², Moghadam H.², Grove H.³, Kirubakaran T. G.³,
Lien S.³, Meuwissen T. H. E.³, Sonesson A. K.²

¹ GenPhySE. Institut National de la Recherche Agronomique

² Nofima AS

³ Department of Animal and Aquacultural Sciences. Norwegian University of Life Sciences

*silvia.rodriguez-ramilo@toulouse.inra.fr

El bacalao (*G. morhua*) se caracteriza por tener una amplia distribución geográfica en la que se incluyen distintos rangos de salinidad y temperatura. Debido a su extensa distribución, se esperarían bajos niveles de parentesco y una débil diferenciación entre las distintas poblaciones. Sin embargo, en la literatura hay descritos dos ecotipos distintos en bacalao. Generalmente, el ecotipo migratorio (North East Arctic Cod, NEAC) se distribuye en hábitats de mayor profundidad y más alejados de la costa. Estos animales migran largas distancias desde las Islas Lofoten hasta áreas de alimentación en el mar de Barents. Por el contrario, en el ecotipo Coastal Cod (CC), los individuos se distribuyen mayoritariamente en hábitats cercanos a aguas costeras. Además de las diferencias en los hábitos de migración y alimentación entre ambos ecotipos, también existen diferencias en la tasa de crecimiento y la edad de maduración. Hoy en día la población NEAC es más abundante, y los individuos NEAC se pueden encontrar en áreas en las que también habitan los individuos CC. Por tanto, puede existir cruzamiento entre individuos NEAC y CC, pero todavía no se conoce en profundidad el grado de flujo génico y de cruzamiento que existe entre ambos ecotipos. El objetivo del presente estudio fue detectar regiones genómicas con un comportamiento diferencial entre las poblaciones NEAC y CC. Para ello se contaba con la información de 93 animales (9 individuos CC, 50 animales NEAC y 34 individuos CC × NEAC cruzados) y 3,123,434 SNPs autosómicos obtenidos a partir de secuencias. Los animales empleados pertenecían al programa de mejora de bacalao que Nofima tiene implementado en Tromsø. Se consideraron cuatro aproximaciones distintas. En primer lugar, se analizó la identidad en estado genómica. En este caso se consideraron por separado las tres poblaciones: los individuos pertenecientes a la población NEAC, los correspondientes a la población CC y los individuos CC × NEAC. Además también se calculó la identidad en estado genómica entre los individuos NEAC y los CC. En segundo lugar se calculó el coeficiente de diferenciación genética (F_{ST}). Para ello se emplearon los individuos pertenecientes a las poblaciones NEAC y CC únicamente. En el tercer análisis se evaluaron los alelos privados de cada una de las poblaciones puras. Y finalmente, se realizaron análisis de componentes principales implicando única y exclusivamente a los individuos pertenecientes a las poblaciones NEAC y CC. Las estimas genómicas de identidad en estado y los análisis de alelos privados se realizaron empleando ventanas deslizantes de 200 SNPs. Los análisis que involucraron directamente a las poblaciones NEAC y CC permitieron la detección de regiones genómicas divergentes entre ambos ecotipos en los cromosomas 1, 2, 7 y 12. Estas regiones se extendieron aproximadamente 18, 7, 11 y 13 Mb, respectivamente. Los resultados indican que ambos ecotipos divergen en 4 de los 23 cromosomas, lo que implica al 8% del genoma de bacalao evaluado, mientras que la mayoría del genoma permanece relativamente homogéneo.