

Castellón/Madrid, viernes 20 de diciembre de 2019

Investigadores del CSIC logran secuenciar el genoma de la dorada

- Esta especie presenta abundantes duplicaciones génicas, lo que podría explicar su gran plasticidad y capacidad de adaptación a diferentes condiciones de cultivo
- Los resultados podrán aplicarse en la selección genética y la programación ambiental para mejorar la calidad de la especie



Ejemplar de dorada. / Foto: CSIC

Un equipo liderado por investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha logrado secuenciar el genoma de la dorada, una especie piscícola de gran importancia económica, cultivada en todo el Mediterráneo con una producción de más de 200.000 toneladas anuales. Este logro, publicado en la revista [*Frontiers in Marine Science*](#), puede servir para mejorar la calidad de la especie mediante la selección genética y lograr así una producción más sostenible.

Una de las claves del éxito del cultivo de la dorada radica en su naturaleza hermafrodita, con una reversión macho-hembra a partir del segundo año de vida, junto con su capacidad de adaptación a cambios de salinidad, temperatura, disponibilidad de oxígeno y composición del alimento.

Con el fin de conocer la base genética de esta gran plasticidad, investigadores de los Grupos de Nutrigenómica y de Patología de Peces del Instituto de Acuicultura Torre de la Sal del CSIC (IATS-CSIC) han liderado a lo largo de cuatro años un trabajo de secuenciación del genoma de esta especie, en colaboración con la empresa Biotechvana S. L. y el Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona.

La estrategia de secuenciación masiva y de ensamblaje ha permitido obtener la versión más completa hasta la fecha de la secuencia del genoma de esta especie. “Hemos secuenciado y ensamblado más de 1.250 millones de pares de bases, de un total estimado de 1.600 millones”, explica **Jaume Pérez-Sánchez**, profesor de investigación del CSIC y líder del proyecto.

Se trata de un tamaño considerablemente mayor de lo encontrado en otras especies de peces de interés en acuicultura, como la lubina y el rodaballo. Se han identificado más de 55.000 genes que se expresan de forma activa, aunque lo más destacable es que más de la mitad de ellos (el 55%) presentan múltiples copias, “muchas de ellas generadas por elementos genéticos móviles”, según explica **Carlos Llorens**, responsable de Biotechvana

“Gran parte de estas multiplicaciones no se corresponden con los sucesos evolutivos de duplicación ya conocidos en peces, sino que son propias de esta especie y por tanto recientes en términos evolutivos”, según comenta **Toni Gabaldón**, investigador del CRG. Además, se ha comprobado que muchos de los genes duplicados están implicados en la respuesta a cambios en el medio, como la respuesta inmunitaria o sensorial, así como en la transposición genómica.

Por tanto, es de esperar que esta multiplicación de la maquinaria molecular mejore la capacidad de domesticación y de adaptación de la especie en un contexto hostil o de cambio global, “que requiere respuestas rápidas y apropiadas en sistemas de cultivo intensivo con una alta carga de patógenos”, según comenta **Ariadna Sitjà-Bobadilla**, Investigadora del grupo de Patología del IATS.

Ejemplos de la gran plasticidad fenotípica de la dorada

La dorada es un modelo excelente para comprender los procesos que producen la expansión reciente del genoma en vertebrados superiores y las consecuencias que tiene sobre la plasticidad fenotípica de la especie. Como prueba de ello, engordes llevados a cabo en el IATS demuestran que el metabolismo de un carnívoro como el de la dorada es tan dúctil como para producir doradas de un 1 kg con tan sólo 1,2 Kg de pienso, usando dietas basadas en proteínas y aceites vegetales.

Los investigadores han puesto a disposición pública y de la comunidad científica un visualizador del nuevo genoma de la dorada [en su página web Nutrigroup IATS](#).

Jaume Pérez-Sánchez, Fernando Naya-Català, Beatriz Soriano, M. Carla Piazzon, Ahmed Hafez, Toni Gabaldón, Carlos Llorens, Ariadna Sitjà-Bobadilla y Josep A. Caldach-Giner. **Genome sequencing and transcriptome analysis reveal recent species-specific gene duplications in the plastic gilthead sea bream (*Sparus aurata*)**. *Frontiers in Marine Science*. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmars.2019.00760>