

Cambios genómicos adaptativos, resiliencia epigenética y nuevas herramientas moleculares para la conservación y recuperación de los endemismos ibéricos de la trucha común

Área: Ciencias y tecnologías medioambientales
Subárea: Biodiversidad

Referencia: PID2022–141549OB–I00

Investigador(es) principal(es): José Luís García Marín (joseluis.garcia@udg.edu), Manuel Vera Rodríguez (manuel.vera@usc.es)

Entidad: Universidad de Girona

Resumen

La trucha común (*Salmo trutta*) es un pez salmónido de agua fría nativo del Paleártico. En España es muy apreciado por los pescadores deportivos y contribuye al turismo en zonas rurales de montaña. Tanto pescadores como administración son cada vez más conscientes de que la supervivencia a largo plazo de las poblaciones de trucha requiere proteger y preservar sus acervos genéticos, y asegurar así los ingresos de sus pesquerías. Las penínsulas del sur de Europa mantienen una gran parte de la diversidad genética de la trucha común, debido a su persistencia durante los cambios climáticos del pleistoceno. Así, en la Península Ibérica la trucha tiene una rica historia evolutiva, con contactos secundarios entre linajes y, quizás, adaptaciones locales tal y como sugiere el elevado número de endemismos. Cuatro linajes nativos de *S. trutta* habitan los ríos españoles: Adriático (AD), Atlántico (AT), Mediterráneo (ME) y Duero (DU), siendo este último endémico de la Península Ibérica. En los ríos mediterráneos se ve un patrón en mosaico resultado de la hibridación de los linajes AD y ME, sin embargo, los linajes AT y DU tienen distribución parapátrica en los ríos Duero y Miño. Tenemos también evidencias del daño genómico producido por las repoblaciones con stocks no nativos sobre estas poblaciones que, además, deben afrontar el cambio climático actual. El objetivo específico de este proyecto de investigación de tres años es determinar el valor adaptativo histórico de la divergencia genómica entre los linajes ibéricos de la trucha y el papel de la expresión génica y los patrones epigenéticos en la resiliencia de sus poblaciones a los cambios ambientales en curso. Los enfoques genómicos y de expresión génica se aplican cada vez más para abordar cuestiones ecológicas y evolutivas en organismos no modelo, y en

particular para identificar la variación relevante para la adaptación y la diversificación. En este proyecto, utilizaremos resecuenciación de genomas y análisis pool-seq para comprender la distribución de la variación adaptativa con respecto a parámetros ambientales y biológicos, y análisis de expresión génica (RNAseq y metiloma) para comprender las bases funcionales de la adaptación de los linajes autóctonos de trucha.

Este objetivo se pretende cumplir:

I. Evaluando a nivel genómico los factores evolutivos subyacentes a la distribución histórica de los linajes nativos dentro y entre cuencas fluviales ibéricas,

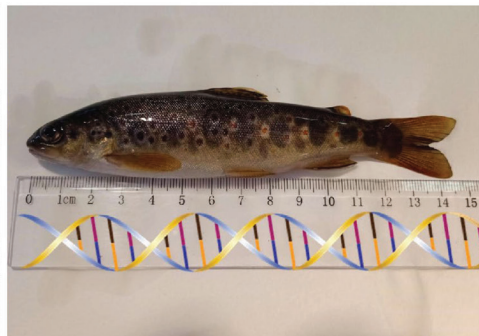
II. Identificando los factores locales, regionales y climáticos principales que conforman el genoma de esos linajes dentro y entre ríos,

III. Determinando paralelismos entre la variación adaptativa en respuesta a la hibridación pasada y actual a partir de contactos secundarios entre linajes, y

IV. Evaluando diferencias en expresión génica y metilomas entre los linajes ibéricos y los stocks no-nativos criados en condiciones silvestres y en centros piscícolas.

Los resultados de este proyecto proporcionarían información sobre el valor adaptativo de las divergencias genómicas entre los endemismos ibéricos de trucha común y su potencial evolutivo y de resiliencia para responder a las dos principales amenazas (hibridación con stocks no-nativos y cambio climático). Esta información se utilizará para desarrollar una herramienta molecular económica útil para monitorizar los ejemplares silvestres, mejorando las actividades de gestión dedicadas a preservar y recuperar la biodiversidad nativa y mantener la pesca recreativa de la trucha en España.

Palabras clave: Adaptación local \ Impacto de las repoblaciones \ Gestión pesquera \ Genómica poblacional. Variación epigenética \ Hibridación natural \ *Salmo trutta* \ Trucha común \ Conservación de la biodiversidad



Se muestra el manejo de un ejemplar de trucha común en la naturaleza para la obtención de muestra biológica no invasiva (i.e., biopsia de aleta adiposa), y otro ejemplar capturado en el medio natural para analizar su biometría y evaluación de su perfil genómico.