



(<https://www.globalseafood.org>).



Health &
Welfare

Genomas de varias especies de peces importantes en la pesca y la acuacultura mundiales

23 August 2021

By Guoqing Lu, Ph.D. and Mingkun Luo, Ph.D.

Una revisión del estado de las aplicaciones genómicas y las perspectivas para la pesca y la acuacultura



El primer pez con todo su genoma secuenciado fue el pez globo japonés, tigre o torafugu [*Takifugu rubripes* (Fugu)], una especie valiosa tanto para la pesca como para la acuacultura. Tiene el genoma más corto conocido de todas las especies de vertebrados y se usa ampliamente como especie modelo y como referencia en genómica. Foto de Totti, vía Wikimedia Commons.

La pesca de captura y la acuacultura aportan más del 15 por ciento de las proteínas animales en el consumo humano y, por lo tanto, desempeñan un papel esencial en la erradicación de la pobreza y el logro del desarrollo sostenible en todo el mundo para 2030. La sostenibilidad a largo plazo de la pesca y la acuacultura, sin embargo, enfrenta muchos desafíos, incluida la sobre pesca, el cambio climático, la degradación del germoplasma y las enfermedades.

El desarrollo de tecnologías de secuenciación [el proceso de determinación de la secuencia de ácidos nucleicos (el orden de los nucleótidos, los componentes básicos, en el ADN de un organismo)] y los avances de la genómica [campo interdisciplinario de la biología centrado en la estructura, función, evolución, mapeo y edición de genomas; un genoma es el conjunto completo de ADN de un organismo, incluidos todos sus genes] es fundamental para abordar algunos de estos desafíos y puede beneficiar a la pesca y la acuicultura sostenibles.

Con el desarrollo y avance de la secuenciación paralela masiva [cualquiera de los muchos enfoques de alto rendimiento para la secuenciación del ADN; conocidas como tecnologías de secuenciación de próxima generación o de segunda generación] que se originaron alrededor de 2005, se han ya secuenciado más de 200 genomas de peces y se han puesto a disposición en repositorios públicos. Por ejemplo, a finales de 2019, unos 270 genomas de peces ensamblados **estaban disponibles** (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>) en el Centro Nacional de Información Biotecnológica de EE. UU. (NCBI).

Estos y varios otros recursos genómicos promueven no solo las ciencias básicas como la genómica comparada, la evolución y la sistemática, sino también las prácticas aplicadas en la acuacultura y la pesca, y todas las especies conocidas de peces (más de 34.000 especies registradas en **FishBase**

(<http://fishbase.org/>) pronto tendrán sus genomas secuenciados. Los desafíos posteriores son cómo hacer uso de estos datos genómicos y transformar el conocimiento genómico en prácticas de pesca y acuacultura, como la gestión de recursos genéticos y la cría selectiva.



En esta revisión, nos concentraremos en 14 especies de peces importantes, considerando su contribución a la producción pesquera y acuícola mundial. Estas especies pertenecen a diversos grupos, incluidos los Cipriniformes (carpa herbívora y carpa común), los Gadiformes (bacalao del Atlántico), los Perciformes (lubina europea, tilapia del Nilo, lubina asiática, atún rojo del Pacífico y cabeza de serpiente del norte), Pleuronectiformes (lenguado, rodaballo y platija japonesa) y Salmoniformes (trucha arco iris y salmón del Atlántico). La carpa herbívora, la carpa común y la tilapia del Nilo se encuentran entre las especies de peces más importantes de la acuacultura mundial. La lubina europea, la lubina asiática, la platija japonesa, la trucha arco iris y el salmón del Atlántico son especies vitales tanto en la acuacultura como en la pesca. El bacalao del Atlántico y el atún rojo del Pacífico son especies cruciales en las pesquerías marinas.

Este artículo – adaptado y resumido de la [publicación original](#)

(<https://doi.org/10.1016/j.aaf.2020.05.004>). (Lu, G. and M. Luo. 2020. Genomes of major fishes in world fisheries and aquaculture: Status, application and perspective. *Aquaculture and Fisheries*, Volume 5, Issue 4, July 2020, Pages 163-173.) – resume las posibles aplicaciones genómicas en la pesca y la acuacultura relacionadas con la evaluación y el uso de los recursos genéticos, la resistencia a las enfermedades, el crecimiento y el desarrollo, la determinación sexual y la ordenación pesquera. También analiza los desafíos y las perspectivas de la genómica en la acuacultura y la pesca traslacional, que incluyen el ensamblaje y la anotación del genoma, la selección y el mejoramiento genómico, la genómica en la ordenación pesquera y los sistemas integrados de inteligencia artificial.

Secuenciación y anotación del genoma

La genómica para la acuacultura y la pesca logró un progreso significativo durante la última década desde que se secuenció la primera especie pesquera clave, el bacalao del Atlántico, en 2011, y hay más genomas de especies de peces disponibles. Sin embargo, los datos genómicos en los repositorios públicos deben usarse con precaución porque la calidad de los genomas en borrador varía mucho en los diferentes proyectos de peces, lo que puede atribuirse a muchos factores, como las tecnologías de secuenciación y las herramientas de software utilizadas. La mayoría de los genomas publicados actualmente se secuenciaron utilizando tecnologías de secuenciación de segunda generación, que producen lecturas cortas que son un desafío en el ensamblaje. El uso de diferentes tecnologías de secuenciación puede llenar este vacío y producir genomas de alta calidad a nivel cromosómico.



El bacalao del Atlántico (*Gadus morhua*) es una de las especies de peces comerciales más importantes del norte de Europa y América del Norte. Ampliamente consumido por la gente durante miles de años, es una de las especies más pescadas y también se cultiva. Su genoma se secuenció en 2011 y se están realizando esfuerzos para aumentar la producción acuícola. Foto de bacalao en Mercamadrid, el principal mercado mayorista de productos frescos de España, por Darryl Jory.

La integridad de la secuenciación del genoma completo se refiere al porcentaje del genoma secuenciado. En nuestra revisión, notamos que existían múltiples ensamblajes enviados por diferentes grupos de investigación en varias especies de peces, por lo que es imperativo combinar lecturas de secuenciación y generar un genoma de referencia para cada especie para establecer un conjunto básico de genes universales de copia única en los peces, que se puede lograr utilizando varias herramientas bioinformáticas. El punto de referencia resultante de genes de copia única será fundamental para la evaluación de la integridad del ensamblaje del genoma y el estudio de la sistemática de los peces.

Proponemos establecer iniciativas de anotación funcional de genomas de peces con especial interés en especies acuícolas o pesqueras. Este enfoque basado en la comunidad ha sido demostrado con éxito por varias especies, incluidos el pez cebra y los salmonídos, y una iniciativa de investigación comprometida con la comunidad puede evitar esfuerzos duplicados en la anotación del genoma completo y la validación de genes funcionales.

Hay docenas de especies importantes de la pesca y la acuacultura con sus genomas preliminares secuenciados; sin embargo, los genomas de muchas otras especies no están disponibles o requieren mejoras. Estas especies incluyen la carpa plateada (*Hypophthalmichthys molitrix*), la carpa cabezona (*H. nobilis*), Catla (*Catla catla*) y Roholabeo (*Labeorohita*), que ocupan el segundo, quinto, séptimo y décimo lugar en la producción acuícola mundial, respectivamente. Se reportaron los genomas preliminares de la carpa plateada invasora y la carpa cabezona; sin embargo, se necesita la mejora de los ensamblajes del genoma y la secuenciación adicional de peces nativos. Los datos genómicos de las importantes carpas indias Catla y Roholabeo siguen siendo limitados en las bases de datos públicas.

Los genomas de muchas especies de peces de importancia comercial no están disponibles o requieren mejoras, incluida la carpa cabezona (*Hypophthalmichthys nobilis*). Foto de Judgefloro, dominio público, vía Wikimedia Commons.

Genómica y acuacultura

Los marcadores moleculares [moléculas dentro de una muestra tomadas de un organismo que pueden usarse para revelar ciertas características sobre la fuente respectiva] juegan un papel esencial en los programas de selección y mejoramiento en la acuacultura y se han utilizado ampliamente para construir los mapas de ligamiento [el ligamiento de genes en un cromosoma] de importantes rasgos fenotípicos económicos como el crecimiento, la determinación del sexo y la resistencia a patógenos. Se ha estimado que la ganancia genética [cantidad de aumento en el rendimiento logrado a través de programas de mejoramiento genético artificial] es superior al 12 por ciento por generación para la tasa de crecimiento y la resistencia a enfermedades a través de la cría selectiva en especies acuáticas.

Varios investigadores revisaron recientemente la reproducción asistida por marcadores moleculares [utilizada para ayudar a identificar genes específicos] en especies acuáticas y propusieron un enfoque práctico en la reproducción selectiva. En un experimento de reproducción selectiva con carpa común, dos selecciones secuenciales en un grupo de más de 3 millones de carpas espejo individuales dieron como resultado 300 individuos fenotípicamente excelentes que eran principalmente de 15 familias. La nueva cepa creció más de un 30 por ciento más rápido y exhibió genotipos [el conjunto completo de material genético de un organismo] superiores enriquecidos en más del 140 por ciento en comparación con el grupo de control. Esta selección genética se realizó en base a solo 20 marcadores moleculares (MAS) es un enfoque poderoso en la reproducción selectiva.

La selección genómica estima los valores de reproducción individuales utilizando una gran cantidad de marcadores distribuidos por el genoma y tiene una alta precisión de selección que puede conducir a un aumento rápido de la ganancia genética. La selección genómica se produce a nivel de población y, por lo tanto, reduce los intervalos generacionales mediante la selección de la progenie en función de los genotipos. Es importante destacar que la selección del genoma puede predecir el potencial de reproducción de las poblaciones candidatas basándose en datos fenotípicos, lo que es particularmente adecuado para la selección de rasgos económicos que son difíciles de medir o contar. Al considerar el costo de la selección genómica en comparación con las pruebas de progenie tradicionales, los costos asociados podrían reducirse hasta en un 90 por ciento del costo original. Sin embargo, su uso en especies de acuacultura (corvina amarilla y platija japonesa) se ha quedado atrás en comparación con el ganado de carne y otras especies de ganado.

La selección del genoma emplea el modelo de predicción basado en datos genotípicos y fenotípicos de una población de entrenamiento para la estimación de valores genómicos estimados de reproducción, GEBV [la secuencia de ADN única de un animal para predecir su verdadero mérito genético con mayor precisión] para todos los individuos de la población reproductora de su perfil genómico. La Figura 1 muestra una tubería sugerida para la selección genómica y el mejoramiento en la acuacultura, donde se ejemplificaron los componentes relacionados con diferentes áreas de la ciencia y la tecnología.

Fig. 1: Una tubería propuesta para la cría selectiva de peces que involucra genómica, fenómica y otros dominios. Las flechas azules indican procesos de reproducción selectiva y las flechas naranjas indican retroalimentación para mejorar aún más la selección de reproductores o la evaluación del programa de reproducción. El trapezoide verde destaca los enfoques genómicos y las contribuciones para mejorar la reproducción selectiva. Los avances de los programas de selección y reproducción de la acuacultura se basan en muchas otras áreas, como los fenomas, las ciencias ambientales, la bioinformática, las estadísticas y las tecnologías. (Para la interpretación de las referencias al color en la leyenda de esta figura, se remite al lector a la versión original de este artículo).

Uno de los desafíos en la aplicación de la selección del genoma es la confiabilidad de los datos fenotípicos utilizados para entrenar modelos de predicción. Se han desarrollado varias técnicas de fenotipado en plantas utilizando imágenes no invasivas, espectroscopia, análisis de imágenes, robótica e instalaciones de alta computación. Estas técnicas de visión por computadora también se han utilizado en peces.

Se necesitan tecnologías emergentes para medir los atributos químicos (por ejemplo, grasa, proteína, humedad) y físicos (por ejemplo, frescura, textura, color) del pescado con alta precisión. Anticipamos que los futuros sistemas inteligentes de visión por computadora podrán extraer información cuantitativa de imágenes digitales con mayor precisión y, por lo tanto, pueden aumentar la precisión de los datos fenotípicos, mejorando la selección del genoma (Fig. 1).

El desarrollo de métodos novedosos para la estimación de valores genéticos genómicos (GEBV) ha sido bastante activo y desarrollado para predecir fenotipos a partir de genotipos. Por ejemplo, se ha realizado un análisis comparativo de diferentes algoritmos para predecir los valores genéticos en corvina amarilla grande. También se desarrollaron nuevas estrategias informáticas para la predicción de GEBV, y el programa informático resultante puede ser utilizado por programas de selección genómica. La inclusión de efectos genotípicos y ambientales en los modelos de selección del genoma debería resultar en una selección más precisa en la práctica de la acuacultura (Fig. 1).

La corvina amarilla es una especie muy importante en el Mar de China Oriental y el Mar Amarillo. Foto de corvinas amarillas en un mercado de mariscos en Busan, Corea por Darryl Jory.

Las secuencias del genoma completo ofrecen un recurso valioso para la reproducción molecular a través de tecnologías de edición del genoma. Las tecnologías de edición del genoma permiten el interrogatorio de la variación genética existente y nueva y, por lo tanto, facilitan la identificación de la variación genética causal. Por ejemplo, la edición del genoma se ha utilizado para identificar un gen determinante del sexo masculino esencial en el pez plano lengua china (*Cynoglossus semilaevis*). La edición del genoma y la tecnología transgénica son esencialmente diferentes. A diferencia de la introducción de genes extraños en organismos transgénicos, la edición del genoma puede mutar posiciones particulares de un gen objetivo y, por lo tanto, los consumidores deberían aceptarla más

fácilmente. La aplicación de la edición del genoma en la acuacultura, aunque en su infancia, sin duda se convertirá en un medio esencial para el continuo crecimiento exitoso y la estabilidad de la producción acuícola.

Genómica y pesquerías

La genómica ha aportado nuevas herramientas que pueden ayudar a abordar cuestiones fundamentales en la ordenación pesquera, como la identificación de poblaciones, la estructura de la población y la respuesta adaptativa al cambio ambiental. La identificación de polimorfismos de un solo nucleótido [SNP, pronunciado "snips", es el tipo más común de variación genética; cada SNP representa una diferencia en un solo bloque de construcción de ADN, llamado nucleótido] ha mejorado la capacidad de rastrear los productos pesqueros hasta su ubicación original, lo que permite la aplicación de la normativa en algunas especies de peces de importancia comercial.

CRISPR-Cas9 (repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas) es una tecnología de edición de genes eficiente, versátil y específica que se puede usar para modificar, eliminar o corregir regiones precisas de nuestro ADN, una tecnología que se puede usar para editar genes y con la potencial informado para cambiar el mundo. Foto de Elena I Leonova, vía Wikimedia Commons.

El análisis genómico de poblaciones mediante diversas técnicas moleculares avanzadas se ha aplicado en varias especies pesqueras importantes, incluida la lubina asiática y el bacalao del Atlántico, que reveló la base genética de la evolución inducida por la pesca y los efectos potenciales del cambio ambiental. Sin embargo, este esfuerzo debe ampliarse a más especies que son importantes en las pesquerías mundiales. La investigación genómica pesquera debe enfocarse en identificar SNPs informativos que definan unidades de manejo y desarrollar marcadores de diagnóstico para el monitoreo de patógenos o especies invasoras.

Además de la identificación de especies y el origen de las poblaciones, la abundancia de peces y la biomasa de las poblaciones reproductoras son factores importantes en la ordenación pesquera. El uso de marcadores genéticos para identificar las relaciones de parientes cercanos proporciona estimaciones de la biomasa de la población reproductora independientes de la pesquería. Se ha aplicado el enfoque de parientes cercanos para estimar la biomasa de la población reproductora del atún rojo del sur. El método de parentesco cercano estima la abundancia de la población basándose en los datos genotípicos de los individuos muestreados, donde el genotipo de un individuo puede considerarse una captura de los genotipos de cada uno de sus padres. Sin embargo, este método requiere una gran cantidad de muestras para encontrar un número suficiente de parejas de padres e hijos. En el futuro se necesita una mayor evaluación del método de los parientes cercanos, incluido su uso en la estimación de la abundancia de peces.

El enfoque de parientes cercanos se ha aplicado para estimar la biomasa de la población reproductora de atún rojo del sur (*Thunnus maccoyii*). Aquí un pescador captura un atún rojo del sur para marcarlo y liberarlo. Los científicos etiquetan a los peces para aprender más sobre sus áreas de distribución y comportamiento.

Foto de CSIRO, vía Wikimedia Commons.

La aplicación de enfoques genómicos a la ordenación pesquera es factible y rentable en la mayoría de los casos; sin embargo, la transformación de los hallazgos genómicos en prácticas de manejo se ha estancado. Las herramientas genómicas y su poder en la identificación de especies, la determinación de las unidades de manejo y la evaluación de los recursos naturales deberán tomarse plenamente en consideración cuando se elaboren las políticas y directrices de ordenación pesquera. Las partes interesadas, incluidos los administradores y los genetistas pesqueros, deben trabajar en colaboración y asegurarse de que las herramientas genómicas se conviertan en un componente integral de la ordenación pesquera en el futuro.

Sistema integrado e inteligente para acuicultura y pesca

Los rápidos avances de las tecnologías de secuenciación de próxima generación y los amplios intereses en la secuenciación de genomas de especies de importancia económica, ecológica o evolutiva han puesto a disposición cientos de genomas de peces en repositorios públicos. La mayoría de los genomas de peces se pueden encontrar en la base de datos de genomas del Centro Nacional de Información Biotecnológica de EE. UU. (NCBI), que ha publicado los datos genómicos de 265 especies de peces, incluidas 64 secuencias de genomas a nivel de cromosomas (a finales de 2019). Otro depósito de genomas importante es [Ensembl](https://uswest.ensembl.org/index.html) (<https://uswest.ensembl.org/index.html>), que ha puesto a disposición del público aproximadamente 60 genomas de peces.

Sin embargo, las bases de datos del genoma en NCBI y Ensembl están desarrolladas para servir a diversas comunidades de investigación y es posible que no satisfagan las necesidades de la comunidad acuícola y pesquera. En este sentido, se han desarrollado algunos recursos genómicos específicos de especies, como la base de datos del genoma de la carpa herbívora ([GCGD](http://bioinfo.ihb.ac.cn/gcgd/php/index.php) (<http://bioinfo.ihb.ac.cn/gcgd/php/index.php>)) y el recurso de datos moleculares para las especies de salmónidos [SalmoBase](https://salmobase.org/) (<https://salmobase.org/>), que permite acceder a datos genómicos, mapeo de enlaces y datos de expresión génica. Actualmente se carece de un sistema de base de datos dedicado a los peces que integre datos genéticos, fenotípicos y ambientales.

Por tanto, es importante desarrollar una plataforma integrada de macrodatos para las principales especies de la acuacultura y la pesca. [AgBioData](https://www.agbiodata.org/) (<https://www.agbiodata.org/>) es un sistema de base de datos de este tipo en la agricultura, que podría adoptarse en la acuacultura y la pesca para mejorar los resultados de la investigación en genómica, genética y mejoramiento mediante la estandarización de protocolos y prácticas. Y avanzando con las tecnologías emergentes de ciencia de datos e inteligencia artificial (IA), las comunidades de pesca y acuacultura deben fortalecer las colaboraciones y desarrollar proyectos de abastecimiento en la nube para abordar problemas desafiantes como el intercambio de datos, la integración y el uso en la pesca y la acuicultura y promover innovaciones tecnológicas como como Internet de las Cosas, IoT, para la Acuacultura 4.0.

Conclusiones

Los avances de las tecnologías de secuenciación de próxima generación y la genómica han revolucionado las ciencias y prácticas de la pesca y la acuacultura. Ahora tenemos varias docenas de importantes especies acuícolas y pesqueras con sus genomas completos secuenciados y disponibles para análisis, comparación y descubrimiento de conocimientos.

Hemos adquirido mucho conocimiento sobre los mecanismos genómicos involucrados en la utilización de recursos de germoplasma, resistencia a enfermedades, crecimiento y desarrollo, determinación sexual y manejo de pesquerías. Sin embargo, no se ha logrado todo el potencial de las aplicaciones genómicas en la selección genómica y la ordenación pesquera.

En las próximas décadas, se espera que la aplicación de técnicas genómicas como la edición y selección genómica, junto con el uso de macrodatos emergentes y sistemas de inteligencia artificial, apalanquen programas de reproducción considerablemente sostenibles y logren el objetivo de erradicar la pobreza global para 2030.

Authors

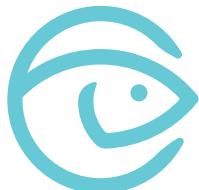


GUOQING LU, PH.D.

Corresponding author

Department of Biology, University of Nebraska at Omaha
Omaha, NE 68182 USA

glu3@unomaha.edu (<mailto:glu3@unomaha.edu>)



MINGKUN LUO, PH.D.

Department of Biology, University of Nebraska at Omaha, Omaha, NE 68182 USA; and
Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Jiangsu, Wuxi, 214081, China

Copyright © 2025 Global Seafood Alliance

All rights reserved.