

Asociación de marcadores SNPs a caracteres productivos en juveniles de *Crassostrea gigas* en un escenario de cambio climático

William Farías^{1,2,3}, Valentina Córdova-Alarcon^{1,2}, Katherine Jenó^{2,3}, German Lira², Katherina Brokordt^{2,3}, Claudia B. Carcamo^{1,2,3}.

¹Centro de Innovación Acuícola (AquaPacífico), Coquimbo 1780000, Chile. ²Laboratorio de Fisiología y Genética Marina (FIGEMA), Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Coquimbo 1780000, Chile. ³Centro de Estudios avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Coquimbo 1780000, Chile.

Resumen

Crassostrea gigas es un molusco bivalvo cultivado ampliamente alrededor del mundo, y por ende bajo distintas condiciones ambientales. Actualmente, todos los ambientes están siendo afectados por el cambio climático, generando esto desafíos importantes sobre todo en la productividad acuícola mundial. El aumento de CO₂ atmosférico a causando que los océanos se calienten y acidifiquen, reduciendo las tasas de crecimiento y calcificación de larvas y juveniles de bivalvos. La búsqueda de marcadores moleculares asociados a la mejora en crecimiento y estado fisiológico en escenario de cambio climático para juveniles de *C. gigas*, es una herramienta vital para mantención y crecimiento de la acuicultura en moluscos. En este sentido se formaron 18 familias de hermanos completos cuyos juveniles fueron mantenidos por 3 meses en cultivo en mar durante el período de intensificación de las condiciones adversas (aumento de la surgencia), para posteriormente medir la tasa metabólica en ambos extremos de la curva de distribución para el fenotipo de crecimiento (individuos de rápido y lento crecimiento) y obteniendo los genotipos de los mismos, finalmente se realizó un estudio de asociación para explicar cuanto de la variación genética observada es debida al fenotipo de crecimiento y tasa metabólica. Identificando los SNPs asociados a los caracteres productivos para la identificación de reproductores tolerantes en escenario de cambio climático.

Introducción

Crassostrea gigas es un molusco bivalvo, nativo del Pacífico oriental, cultivado a nivel mundial, y por lo mismo se ha visto afectado por los cambios ambientales que se generan en los distintas zonas donde se cultiva. En esta especie existen diversos estudios basados en marcadores moleculares tipo SNPs (polimorfismos de nucleótido único), en asociación con Zinc (Zn) y Cobre (Cu) siendo usados como bioindicadores y marcadores asociados a la temperatura ambiente (Meng et al., 2020; Juárez et al., 2021). El cambio climático genera nuevos desafíos para la productividad acuícola mundial, surgiendo la necesidad de identificar y seleccionar individuos con mayor potencial de adaptación a los factores ambientales a los que estarán expuestos. Los últimos años se ha descrito que el cambio climático, en la zona del Pacífico Sudoriental, estará asociado con una intensificación de los vientos que favorecerán los eventos de surgencia, tanto en intensidad como en duración, (Goubanova et al., 2011). Además, se ha descrito un aumento del CO₂ atmosférico que está causando que los océanos se calienten y acidifiquen, teniendo posibles impactos nocivos en la biota marina, particularmente en las primeras etapas de la historia de la vida (Aguirre et al., 2021). Todas las alteraciones, debidas al cambio climático, del estado fisiológico de los bivalvos y su susceptibilidad a los factores estresantes, abre ventanas de oportunidad para las algas que producen biotoxinas y se facilitan las infestaciones de patógenos (Harvell et al., 2009). Por otro lado, aunque el grado de acidificación de los océanos en la actualidad no provoca la mortalidad masiva en bivalvos, ha reducido las tasas de crecimiento y calcificación, provocando la disolución de la concha, especialmente en larvas y juveniles de bivalvos según Soon y Zheng (2019). Así, el objetivo del presente trabajo es identificar marcadores asociados a la mejora de crecimiento y estado fisiológico en escenario de cambio climático para juveniles de *Crassostrea gigas*.

Materiales y método

Se formaron 18 familias de hermanos completos, la descendencia fue mantenida en hatchery, para desarrollo y fijación larval, siendo llevadas posteriormente a líneas de cultivo para su crecimiento en mar por un periodo de 3 meses (Noviembre a Enero), donde se seleccionaron individuos para crecimiento de ambos extremos de la curva de distribución (rápido y lento crecimiento). En estos individuos fue medida su tasa metabólica a través de su consumo de oxígeno, utilizando un respirómetro Pyroscience D-52064. Los valores individuales tanto para crecimiento como tasa metabólica fueron integradas en un análisis de asociación con los marcadores tipo SNPs obtenidos para cada uno de los individuos mediante secuenciación de ADN genómico con el método RADseq (secuenciación de ADN asociada a sitios de restricción). La significancia estadística de las variables sobre la variación genética se evaluó mediante ANOVA con test de permutaciones. Los SNPs que contribuyeron de manera significativa a la variación genética se identificaron usando RDA (Análisis de redundancia).

Resultados y Discusión

Los SNPs que se asociaron a las variables fenotípicas de rápido y lento crecimiento como también a la tasa metabólica son potenciales marcadores para seleccionar reproductores con características fenotípicas deseadas. Siendo esta una herramienta de apoyo tanto para la acuicultura como el manejo de poblaciones frente al cambio climático, en la búsqueda de individuos con mayor crecimiento y mejor estado fisiológico frente al escenario del cambio climático.

Palabras Clave:

Crassostrea gigas, SNPs, Metabolismo, Crecimiento

Bibliografía

Aguirre, C., R. Garreaud, L. Belmar, L. Farías, L. Ramajo y F. Barrera. 2021. High-Frequency Variability of the Surface Ocean Properties Off Central Chile During the Upwelling Season. *Front. Mar. Sci.* <https://doi.org/10.3389/fmars.2021.702051>.

Goubanova, K., V. Echevin, B. Dewitte, F. Codron, K. Takahashi, P. Terray y M. Vrac. 2011. Statistical downscaling of sea-surface wind over the Peru–Chile upwelling region: diagnosing the impact of climate change from the IPSL-CM4 model. *Climate Dynamics* 36:1365–1378.

Harvell, D., S. Altizer, I. Cattadori, L. Harrington y E. Weil. 2009. Climate Change and Wildlife Diseases: When Does the Host Matter the Most? *Ecology*. 90 (4), 912-920.

Juárez, O., C. Escobedo-Fregoso, R. Arredondo-Espinoza y A.M. Ibarra. 2021. Development of SNP markers for identification of thermo-resistant families of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* based on RNA-seq. *Aquaculture*. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.736618>.

Meng, J., W. Wang, R. Shi, K. Song, L. Li, H. Que y G. Zhang. 2020. Identification of SNPs involved in Zn and Cu accumulation in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) by genome-wide association analysis, *Ecotoxicology and Environmental Safety*. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.110208>.

Soon, T. y H. Zheng. 2019. Climate Change and Bivalve Mass Mortality in Temperate Regions. *Reviews of Environmental Contamination and Toxicology*. 251, 109-129.

Agradecimientos

FONDEF Idea I+D ID22I10106 “ Marcadores moleculares para la mejora genética de semillas de moluscos bivalvos para las APE en escenario de cambio climático”. FOVI230160 “Establecimiento de una red de colaboración para potenciar el uso de nuevas tecnologías genómicas en programas de mejora genética de especies de interés para la diversificación acuícola, considerando el contexto de cambio climático”.

Correo del Autor

william.farias@ucn.cl