

Improvement of the competitiveness on the sea bass (*Argyrosomus regius*) sector through genetic selection

Mejora de la competitividad del sector de la corvina (*Argyrosomus regius*) a través de la selección genética

A. Vallecillos^{1*}, E. María Dolores¹, J. Villa², E. Armero¹

¹Área de producción animal. Departamento de Ingeniería Agronómica, Universidad Politécnica de Cartagena, Paseo Alfonso XIII 48, 30203 Cartagena. Spain

²Colaborador de la empresa Alevines del Sureste S.L., calle Cabo Cope s/n, 30880 Águilas, Murcia. Spain

*vallecillosquijada@gmail.com

Abstract

The sea bass (*Argyrosomus regius*) is a species with a wide geographic range of distribution in the nature of the Mediterranean Sea, and whose production is increasing. In order to know the main productive factor, it is interesting to know the genetic variation of the species, increasing our level of knowledge that is associated with the raising of sea bass in industrial conditions, from the technological and genetic point of view. The phases involved in the application of a breeding program, as the population variation, the determination of the numerator relationship matrix (NRC) and the definition of the characteristics and objectives of the selection. The characteristics that will be valued are, growth rate, and the overall quality of the fish and its flesh. Nowadays there is not any sea bass breeding program, which allows us to have a better phenotypic and genetic characterization, and an industrial benefit in terms of genetic transfer among the sector companies.

Keywords: growth; quality; heritability; microsatellite; multiplex.

Resumen.

La corvina (*Argyrosomus regius*) es una especie con un amplio abanico geográfico de distribución que abarca todo el Mar Mediterráneo, y cuya producción se encuentra en aumento. Para poder conocer los principales factores productivos es interesante conocerla variación genética de la especie, aumentando nuestro nivel de conocimiento que va asociado a la crianza de la corvina en condiciones industriales, desde el punto de vista tecnológico, y genético. Las fases que conlleva la aplicación de un programa de mejora genética son el estudio de la variación de la población base, la determinación de la matriz de parentesco y la definición de los caracteres y objetivos de selección. Los caracteres a valorar serán, de crecimiento, y de la calidad integra del pez y de la carne. Actualmente no hay ningún programa de mejora genética en corvina, que nos permita tener una mejor caracterización fenotípica y genética, y un beneficio industrial en cuanto a una transferencia genética entre las empresas del sector.

Palabras clave: crecimiento; calidad; parámetros genéticos; microsatélite; parentesco.

1. INTRODUCCIÓN

La corvina (*Argyrosomus regius*) es una especie con un amplio abanico geográfico de distribución en la naturaleza que abarca todo el Mar Mediterráneo. En España se empieza a trabajar con esta especie gracias al protocolo de crianza de Cárdenas [1]. La producción de corvina mediante acuicultura en España en 2016 ha sido de 1.798 toneladas, un 9,5 % más que en 2015. Para 2017 se estimó un crecimiento del 8 % hasta alcanzar las 1.950 toneladas. Dentro del territorio español (APROMAR 2014) la Comunidad Valenciana y Murcia son las de mayor producción.

La corvina es un pescado muy apreciado en aquellas regiones en las que se ha consumido tradicionalmente, sin embargo, dada su escasa pesca y el reciente inicio de su producción mediante acuicultura, es poco conocido en la mayor parte de los mercados.

Las empresas españolas ya llevan a cabo distintas actuaciones en el ámbito de la alimentación, del manejo de los lotes, de la prevención de enfermedades e incluso de la ubicación de sus instalaciones. Sin embargo, han sido muy escasas las estrategias dirigidas a la intervención genética de base zootécnica sobre los núcleos de reproductores y sus descendientes.

La aplicación de un programa de mejora genética implica el estudio de la variación genética de la población base, la determinación de la matriz parentesco y la definición de los caracteres objeto de la selección.

La variación genética de la población de partida es de gran importancia para el desarrollo de un programa de mejora genética. En corvina el único estudio que existe sobre caracterización genética de las poblaciones ha sido llevado a cabo sobre microsatélites, indicando que la variación genética de las poblaciones que poseen actualmente las empresas y los centros de investigación de corvina es muy alta [2].

El uso simultáneo de sistemas de marcaje físico y marcadores genéticos microsatélites, permite inferir y trazar la matriz de parentesco de los peces. En relación con los sistemas de marcaje físico, Astorga [3] pusieron a punto el sistema VIE para alevines de dorada. También en Dorada (*Sparus aurata*), Navarro [4] establecieron la metodología para marcar individualmente los peces con el sistema de marcaje PIT, a partir de 3 gramos de peso.

Los caracteres a valorar serán caracteres de crecimiento (peso y talla), y de la calidad íntegra del pez y de la carne (valoración morfológica del pez, rendimiento canal y de filete, color de la piel, contenido en humedad, grasa, proteína, colágeno, perfil de ácidos grasos) [1,5,6]. Dentro de las principales características de la corvina destaca una tasa de crecimiento muy alta, pudiendo alcanzar los dos kilos en dos años. Además, tiene un alto porcentaje de rendimiento de la carne, bajo niveles de grasa muscular y un saludable contenido lipídico.

El objetivo del presente proyecto es establecer un programa de mejora genética en corvina, con la colaboración de la empresa Alevines del Sureste S.L. del Grupo Andromeda, quien en la actualidad lidera el mercado en cuanto a producción y comercialización de la corvina. Para ello se va a llevar a cabo un análisis de genealogías mediante una multiplex de marcadores microsatélites, y el control de producciones de los caracteres de interés industrial (crecimiento, calidad íntegra del pez y calidad de carne).

2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Puestas masales

Se establecerán puestas masales, a partir de un núcleo de reproductores. Se tomarán puestas centrales de dos días consecutivos para asegurar el mayor número de familias posibles en el desarrollo de los objetivos marcados. Las puestas se recogerán en el periodo intermedio de

la misma para maximizar la contribución familiar en cualquiera de los diseños de lotes. Si la puesta es viable en cantidad suficiente, se utilizará para su alevinaje y engorde. El cultivo larvario de las puestas seleccionadas se realizará con la metodología estándar [7,8]

2.2 Marcaje, alevinaje y engorde

Cuando se reciban los alevines, se aclimatarán, y se llevarán a un peso medio de 3 g momento en el cual se marcarán individualmente en cavidad abdominal mediante el sistema Passive Integrated Transponder (PIT), hasta 1200 alevines. A la vez se obtendrá un trozo de la aleta caudal de cada pez marcado el cual será conservado en alcohol para la caracterización genética mediante marcadores microsatélite. En este momento se valorarán los parámetros de interés (peso, longitud y anomalías morfológicas). Los peces marcados serán cuidados minuciosamente durante al menos 20 días con el fin de asegurar una cicatrización perfecta y minimizar la tasa de pérdidas del PIT. En ese momento, los peces serán transferidos a la jaula, donde se criarán hasta la talla de comercialización.

2.3 Calidad del pez y de la carne

La calidad de pez y de carne se medirá del siguiente modo:

Textura: se utilizará un texturómetro con un test de análisis de perfil.

Color de la piel: se medirá en el tercio anterior por encima de la línea lateral, mediante un colorímetro Minolta.

Colágeno total en músculo: mediante análisis NIR.

Composición química del músculo: determinación de los porcentajes de humedad, proteína, grasa y cenizas mediante análisis NIR.

Grasa visceral: mediante la separación de toda la grasa que se encuentre en cavidad peritoneal alrededor del digestivo.

Valoración morfológica: para ello se hará fotografías laterales u dorsales a cada pez sobre fondo rojo y con una regla blanca.

Rendimiento canal: se obtendrá mediante el pesado del pez entero una vez eviscerado y secado con una balanza de precisión

Rendimiento filete: Se obtendrán los filetes que se pesarán los filetes de ambos lados con una balanza de precisión

Calidad comercial del pez: medida mediante la valoración visual de los peces de cualquier deformidad esquelética que presenten, especialmente opérculo, lordosis, fusiones y cabeza.

2.4 Determinación de relaciones de parentesco mediante PCR multiplex

A partir de aleta caudal se procederá a la extracción del ADN mediante el kit DNAeasy (QIAGEN®). Una vez obtenido el ADN se realizarán PCR, inicialmente individuales, para cada uno de los marcadores microsatélites propuestos por Soula M. [2]. Y otros marcadores propuestos por diversos autores[5,9,10,11]. Los electroforegramas y genotipos serán analizados con GeneMapper software v.3.7 (Life Technologies®). También serán caracterizados los reproductores. La asignación de parentesco entre los reproductores y sus descendientes será realizada mediante Vitassing software v.8.2.1 [12]

3.5 Estimaciones de parámetros genéticos

Las estimaciones de parámetros genéticos serán realizadas mediante métodos de máxima verosimilitud, utilizando los programas desarrollados por MISZTAL[13].

3. RESULTADOS ESPERADOS

Durante el periodo desarrollado del proyecto, se ha comenzado con el control de las puestas por parte de los reproductores, actualmente se encuentran en la fase de alevinaje hasta su traslado a las jaulas en el mediterráneo para su engorde. Paralelamente se ha realizado una búsqueda bibliográfica para la puesta a punto del test de parentesco mediante marcadores microsatélites.

4. AGRADECIMIENTOS

A la fundación Seneca por su apoyo económico tanto con la beca de doctorado como por el proyecto (Mejora de la competitividad del sector de la corvina a través de la selección genética (GENECOR)) y a la empresa Alevines del Sureste s.l. del Grupo Andromeda.

5. REFERENCIAS

- [1] Cárdenas S. 2011. Cultivo de corvina ('*Argyrosomus regius*'). Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Fundación Observatorio Español de Acuicultura.
- [2] Soula M., Zamorano M. J., Navarro A., Sánchez J.J., Neil D., Alejandro G., Afonso J. M. 2011 Congreso nacional de acuicultura. Barcelona.
- [3] Astorga N, Afonso JM, Zamorano MJ, Montero D, Oliva V, Fernández H, and Izquierdo MS. 2005. Evaluation of visible implant elastomer tags for tagging juvenile gilthead seabream (*Sparus auratus* L.); effects on growth, mortality, handling time and tag loss. *Aquaculture Research* **36**:733–738.
- [4] Navarro A, Oliva V, Zamorano MJ, Ginés R, Izquierdo MS, Astorga N, and Afonso JM. 2006. Evaluation of PIT system as a method to tag fingerlings of gilthead seabream (*Sparus auratus* L.): effects on growth, mortality and tag loss. *Aquaculture* **257**:309–315.
- [5] García-Pacheco MM and Bruzón MA. 2009. Gametogenic cycle and first sexual maturity size of meagre, *Argyrosomus regius*. *4th Workshop on Gonadal Histology of Fishes. Centro IFAPA El Toruño, El Puerto de Santa María, Cádiz* p. 16–19.
- [6] Quero J-C and Vayne J-J. 1985. Le maigre, *Argyrosomus regius* (Asso, 1801) (Pisces, Perciformes, Sciaenidae) du Golfe de Gascogne et des eaux plus septentrionales. *Revue des Travaux de l'Institut des Pêches maritimes* **49**:35–66.
- [7] Duncan NJ, Mylonas CC, Sullon EM, Karamanlidis D, Nogueira MCF, Ibarra-Zatarain Z, Chiumento M, and Carrillo OA. 2018. Paired spawning with male rotation of meagre *Argyrosomus regius* using GnRH α injections, as a method for producing multiple families for breeding selection programs. *Aquaculture*.
- [8] Duncan N, Estévez A, Porta J, Carazo I, Norambuena F, Aguilera C, Gairin I, Bucci F, Valles R, and Mylonas CC. 2012. Reproductive development, GnRH α -induced spawning and egg quality of wild meagre (*Argyrosomus regius*) acclimatised to captivity. *Fish physiology and biochemistry* **38**:1273–1286.
- [9] Turner TF, Richardson LR, and Gold JR. 1998. Polymorphic microsatellite DNA markers in red drum (*Sciaenops ocellatus*). *Molecular Ecology* **7**:1771–1773.
- [10] Archangi B, Chand V, and Mather PB. 2009. Isolation and characterization of 15 polymorphic microsatellite DNA loci from *Argyrosomus japonicus* (mulloway), a new aquaculture species in Australia. *Molecular Ecology Resources* **9**:412–414.
- [11] Farias IP, Muniz LB, ASTOLFI-FILHO S, and Sampaio I. 2006. Isolation and characterization of DNA microsatellite primers for *Cynoscion acoupa*, the most exploited sciaenid fish along the coast of Brazil. *Molecular Ecology Notes* **6**:660–663.
- [12] Vandeputte M, Mauger S, and Dupont-Nivet M. 2006. An evaluation of allowing for mismatches as a way to manage genotyping errors in parentage assignment by exclusion. *Molecular Ecology Notes* **6**:265–267.
- [13] MISZTAL R, Tsuruta S, Lourenco D, Aguilar I, Legarra A, Vitezica Z, and ENSAT F. Manual. 1993.