ESTIMAS DE CENSO EFECTIVO HISTÓRICO EN POBLACIONES DE SALMÓN ATLÁNTICO

Saura[1], M., Caballero[2], A., Santiago[3], E, Chtioui[1], A, Morán[2], P y Villanueva[1], B.
[1] INIA, Crta. La Coruña Km 7,5, 28040, Madrid. [2] Universidad de Vigo, Campus As Lagoas-Marcosende 36380 Vigo. [2] Universidad de Oviedo, C/ Catedrático Valentín Andrés Álvarez s/n. 33006 Oviedo.
saura.maria@inia.es

INTRODUCCIÓN

El salmón Atlántico es objeto de una de las actividades más importantes de pesca recreativa en el mundo y constituye una de las bases principales de la industria de la acuicultura. A pesar de ello, las poblaciones naturales de esta especie sufrieron un declive generalizado a lo largo del siglo XX, como resultado de la construcción de presas, la polución y la sobrepesca. Por este motivo, se han promovido planes para conservar esta especie a nivel mundial y en particular en España, que representa el límite sur de distribución de la especie en Europa. A pesar de que en este país se han establecido diferentes programas de repoblación, su impacto sobre la variabilidad genética de las poblaciones actuales no se conoce.

El censo efectivo (N_e) constituye un parámetro fundamental para cuantificar la tasa de pérdida de la variabilidad genética de las poblaciones. Tradicionalmente, el N_e se ha estimado a partir de información genealógica, pero cuando esta información no está disponible, se puede estimar a partir de información genética (Wang et al., 2016). Dentro de los métodos genéticos, el que se basa en el desequilibrio de ligamiento (DL) tiene la ventaja principal de que permite estimar el N_e de cualquier serie temporal. Para ello, el DL se modela en función de la distancia genética entre los SNPs, de tal modo que el N_e un número determinado de generaciones en el pasado se estima a partir del DL entre SNPs separados a una distancia genética específica (Tenesa et al., 2007). Sin embargo, este método asume que la historia demográfica de la población es independiente en cada generación, lo que no es realista en poblaciones finitas. Recientemente, Santiago y Caballero (comunicación personal) han desarrollado un método que permite resolver este problema, ya que considera que los cambios demográficos dejan una huella característica en la curva que relaciona el DL entre los pares de SNPs con la distancia que los separa en el cromosoma.

En este estudio, hemos utilizado este nuevo método para estimar el N_e actual e histórico en poblaciones naturales de salmón atlántico, con el objetivo de determinar su estado genético e identificar cambios demográficos potenciales asociados a las causas anteriormente mencionadas responsables de la reducción del censo poblacional, y a la práctica de las repoblaciones. Estos resultados se han comparado con resultados simulados y empíricos obtenidos mediante el método de Tenesa.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos utilizados en este estudio procedían de 250 muestras de salmón atlántico de seis ríos españoles que cubren el rango de distribución de la especie en la Península Ibérica (Miño, Ulla, Eo, Sella, Urumea, Bidasoa). Estos ríos se han sometido a repoblaciones más o menos intensas, que en algunos casos, podrían ser responsables de altas tasas de mezcla poblacional.

Las estimas de N_e se obtuvieron a partir del análisis del espectro de DL entre pares de SNPs para un amplio rango de tasas de recombinación. De acuerdo con este método, se implementó un algoritmo basado en *simulated annealing* para inferir el N_e actual y el de series históricas conforme a Santiago y Caballero (Método 1). Alternativamente, se implementó el método de Tenesa et al. 2007 (Método 2), considerando que distancias específicas en el mapa genético reflejan estimas de N_e de generaciones concretas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Utilizando el Método 1, las estimas actuales de N_e variaron entre 116 (Ulla) y 614 (Urumea), valores que se encuentran por encima del valor crítico de 50 individuos recomendado para evitar depresión consanguínea y retener variabilidad genética a corto plazo. Estos resultados

reflejan un estado genético generalizado saludable (Tabla 1). Las estimas de N_e histórico con este método evidenciaron caídas que, en general, coinciden con el descenso experimentado por todas las poblaciones de salmón españolas en los años 1950, principalmente como consecuencia de la construcción de presas asociada al desarrollo hidroeléctrico (Figura 1). Caídas secundarias más recientes se observan en otros ríos como el Ulla, que se puede explicar por vertidos contaminantes de una mina de cobre durante los 1980s; o en el río Urumea. Este río, que se consideró extinto en salmón en 1940, se repobló en su práctica totalidad con salmón del río Bidasoa, lo que explicaría los patrones similares observados en ambos.

La mezcla de poblaciones como consecuencia de las repoblaciones con salmón de diferentes orígenes podría afectar a las estimas de N_e, inesperadamente más bajas en los ríos Miño, Ulla y Eo, de acuerdo a su longitud y capacidad de carga históricamente mayores que el Sella, Urumea y Bidasoa. De hecho, bajo un escenario de mezcla poblacional, donde se combina más de un pool genético, el N_e puede estar infraestimado debido a una mayor deriva en el DL causada por un número mayor de parentales responsables de las muestras locales (Waples y England, 2011). Dado que los ríos gallegos han sufrido un manejo caracterizado por la mezcla poblacional para incrementar el número de candidatos disponibles para la reproducción, esto podría traducirse en unos valores de N_e infraestimados.

Las estimas de N_e reciente obtenidas con el Método 2 fueron de magnitud similar a las obtenidas con el Método 1 (Figura 1). Sin embargo, la generación más reciente para la cual se pudo estimar el N_e de manera precisa, fue la generación seis, ya que el número de comparaciones para las primeras cinco generaciones era muy bajo (nótese que el DL entre SNPs separados a cierta distancia *d* refleja el N_e hace 1/2*d* generaciones). En el caso del N_e histórico, a pesar de que mostró una caída generalizada a lo largo del tiempo en todos los ríos, esta fue en todos los casos lineal. La incapacidad para detectar cambios en el N_e con este método, se evidenció también en resultados de datos simulados bajo diferentes escenarios demográficos.

En resumen, nuestros resultados sugieren que la construcción de presas asociadas al desarrollo hidroeléctrico durante los años 1950s es la principal causa de las caídas en el N_e de los ríos españoles. Además, aunque las estimas actuales no son bajas, la caída más o menos continuada en el N_e refleja la necesidad de monitorizar estas poblaciones mediante estrategias que controlen el incremento de la consanguinidad, aumentando en lo posible el número de reproductores disponible y minimizando su parentesco. Nuestros resultados también destacan la capacidad del nuevo enfoque implementado en el Método 1 para detectar cambios demográficos ocurridos en el pasado, que representa una mejora prometedora en relación a los métodos previos para estimar el N_e a partir del DL.

***Tabla 1**. Estimas de N_e actual obtenidas con el Método 1 para cada río analizado y correspondientes intervalos de confianza al 95% (IC).*

	Media	IC 95%
Miño	288	195, 608
Ulla	116	103, 132
Eo	208	162, 482
Sella	286	244, 541
Urumea	614	428, 977
Bidasoa	361	264, 441

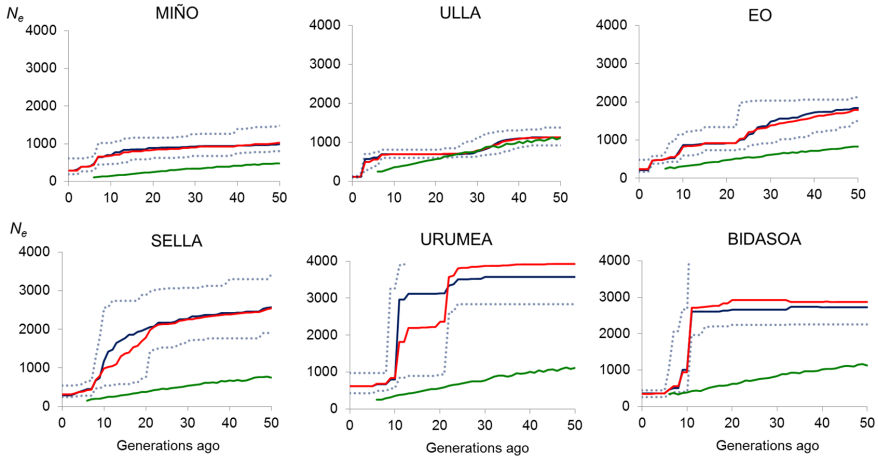


***Figura 1**. Estimas de N_e a lo largo de las generaciones en el pasado obtenidas con el Método 1 (línea azul: mediana; línea roja: media armónica, líneas azules de puntos: intervalos de confianza al 95%) y el Método 2 (línea verde).*

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Tenesa, A., Navarro, P., Hayes, B.J., Duffy, D.L., Clarke, G.M., Goddard, M.E. & Visscher, P.M. 2007. Genome Res. 17: 520–526. • Sved, J.A. 1971. Linkage disequilibrium and homozygosity of chromosome segments in finite populations. Theor. Popul. Biol. 2: 125–141. • Wang, J., Santiago, S. & Caballero, A. 2016. Heredity 117: 193–206. • Waples, R.S. & England, P.R. 2011. Estimating contemporary effective population size on the basis of linkage disequilibrium in the face of migration. Genetics 189: 633–644.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad y la AEI, España (proyectos RZ2A12-00011-CO2-01 y CGL2016-75904-C2), Xunta de Galicia (ED431C 2016-037), Programa Horizonte 2020 (H2020-EU.3.2.3, 727315) y Fondos Feder. Queremos dar las gracias a Pablo Caballero (Xunta de Galicia), Gerónimo de la Hoz (Principado de Asturias), Iñigo Mendiola (Diputación Foral de Gipuzkoa), Javier Álvarez and Pedro Luenda (GANASA) por proporcionar las muestras para el estudio.

HISTORICAL EFFECTIVE POPULATION SIZE IN ATLANTIC SALMON POPULATIONS

ABSTRACT: Wild populations of Atlantic salmon have been seriously depleted during the 20th century, as a result of dam construction, pollution and overfishing. Although supportive breeding programmes have been established in Spain, their impact on the genetic variability of populations is unknown. In order to determine the current genetic status of these populations and to identify potential changes in demography associated to the aforementioned causes and to supportive breeding, we estimated current and historical effective population size (N_e) using a new approach based on the linkage disequilibrium method. Unlike previous approaches that assume that specific genetic distances reflect N_e at particular generations in the past, the new approach considers all genetic distances between all SNP pairs to estimate N_e in each generation. Using this method combined with high-dense genotypic information, our results reflect a generalized relatively healthy genetic status of populations. Historical estimates of N_e evidenced drops in all Spanish rivers in agreement with the hydroelectric development occurred in 1950s. Compared to previous methods based on linkage disequilibrium, our results highlight the ability of the new approach implemented to detect changes in demography occurred in the past, representing a promising improvement of previous methods to estimate N_e from linkage disequilibrium measures.

Keywords*:* Atlantic salmon, effective population size, linkage disequilibrium, SNP chip.