

Científicos del ICM-CSIC desarrollan el primer reloj epigenético en peces

Creado: 23 Enero 2020

[Imprimir](#)

Es un método que permite conocer la edad de los individuos con precisión mediante el análisis de una muestra de ADN. La edad es un parámetro demográfico esencial para comprender la dinámica de poblaciones, diseñar planes de gestión y predecir la adaptación de las especies al cambio climático.

Investigadores del Instituto de Ciencias del Mar (ICM) del CSIC, en Barcelona, han desarrollado un reloj epigenético en peces que permite averiguar, mediante el análisis de una muestra de ADN la edad de los individuos con mayor exactitud que los métodos empleados hasta ahora. El estudio ha sido liderado por **Dafni Anastasiadi** y **Francesc Piferrer**, y se publicó recientemente en la revista *Molecular Ecology Resources*. Durante más de un siglo, se ha estimado la edad de los peces mediante el análisis de patrones de crecimiento registrados en las estructuras duras de los peces, como las escamas o los otolitos (unas piezas del oído interno), de forma similar al análisis de los anillos de crecimiento en el tronco de un árbol. Estos métodos no sólo requieren tiempo y personal cualificado, sino que además son poco precisos para determinar la edad en algunas especies económicamente importantes como la merluza o el rape.



“El reloj epigenético es un método más preciso, que puede ser universal para todas las especies de peces y también puede tener aplicaciones para la gestión de poblaciones en pesquería y para la conservación de poblaciones amenazadas en el medio natural”, explica **Dafni Anastasiadi**, investigadora del ICM-CSIC.

LA EDAD ESCRITA EN LOS CAMBIOS QUÍMICOS DEL ADN

Los factores ambientales influyen en la forma en que se expresan los genes. La epigenética estudia cómo se integra la información genética y del ambiente para regular la expresión de los genes.

Una de las principales marcas de regulación epigenética es la **metilación del ADN**, un cambio químico singular que regula la expresión de los genes.

Se sabe que la metilación ocurre en zonas específicas de los genes (en concreto, en zonas de la secuencia de ADN donde una citosina, C, está seguida de una guanina, G: son los pares conocidos como dinucleótidos CpG). También se sabe que la metilación del ADN varía a lo largo de la vida de un individuo, lo que puede aportar información diversa. Conociendo dónde se encuentran estas secuencias CpG y cómo cambia su metilación a medida que pasa el tiempo, se pueden hallar los patrones de cambio relacionados con la edad.

En vertebrados y aves, se conocen estos patrones, lo que ha permitido diseñar relojes epigenéticos. Sin embargo, no existía nada similar hasta ahora para peces. Para conseguirlo, los investigadores del Instituto de Ciencias del Mar han tenido que superar varias incertidumbres: a diferencia de vertebrados y aves, los peces tienen una composición de dinucleótidos CpG un poco diferente, son poiquiloterms o “de sangre fría”, es decir, su temperatura interna depende del ambiente, y su crecimiento es indeterminado y depende de la temperatura ambiental. De hecho, temperaturas muy elevadas pueden acelerar su crecimiento.

Para encontrar un patrón estable en la metilación de ADN, los científicos analizaron 48 CpG pertenecientes a cuatro genes en muestras de tejido muscular de lubinas europeas (*Dicentrarchus labrax*) procedentes de una piscifactoría, donde se conoce la edad cronológica exacta de cada pez, lo que ha permitido establecer la correlación.

Aplicando procesos de aprendizaje automático, se ha conseguido desarrollar un reloj epigenético capaz de desvelar la edad de los individuos con exactitud, independientemente de los factores ambientales que pueden alterar el resultado (como es el caso de las elevadas temperaturas, que aceleran el crecimiento).

“El desarrollo del primer reloj epigenético en peces allana el camino para estudios similares en otras especies. Estos relojes pueden ser de gran utilidad para la gestión pesquera y los proyectos de conservación, donde la determinación de la edad es de crucial importancia, concluye **Francesc Piferrer**, investigador del ICM y coautor del estudio.

ADAPTACIÓN AL CAMBIO CLIMÁTICO

Es la primera vez que se pone a prueba este método en peces, que podría desarrollarse como un kit diagnóstico tipo PCR. Tras los resultados exitosos, el equipo científico lo está probando en otras especies comerciales como el bacalao.

Para controlar la sobrepesca y conservar las poblaciones en declive, es indispensable tener bien caracterizadas las poblaciones de peces en el océano. Esta caracterización se realiza recopilando una serie de parámetros demográficos, entre los cuales la edad es uno de los más relevantes porque se relaciona con el potencial de supervivencia y reproducción.

En este sentido, el desarrollo de un reloj epigenético en peces supone una herramienta esencial para los estudios de gestión pesquera y dinámica de poblaciones, ya que permiten obtener una representación precisa de la estructura de edad de la población. Además, recientes investigaciones indican que la proporción entre individuos jóvenes y adultos en una población podría ser de particular importancia para predecir la respuesta de estos grupos al cambio climático.

Artículo de referencia:

Anastasiadi, D., Piferrer, F. (2019). A clockwork fish: Age prediction using DNA methylation-based biomarkers in the European seabass. *Molecular Ecology Resources*. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13111>