



**ANÁLISIS RECURSOS GENÉTICOS  
DE TRUCHA COMÚN EN GALICIA**

**DPTO. GENÉTICA. CAMPUS DE LUGO**

**CONSERVACIÓN Y GESTIÓN  
AUTOSOSTENIBLE  
DE TRUCHA COMÚN EN GALICIA.  
MEMORIA 2006-2007.**

**DEPARTAMENTO DE XENÉTICA  
UNIVERSIDADE DE SANTIAGO DE COMPOSTELA  
FACULTADE DE VETERINARIA, CAMPUS DE LUGO**

**Investigadora responsable:**

Carmen Bouza Fernández

**Investigadores colaboradores:**

Jaime Castro Alberto  
Román Vilas Peteiro  
Almudena López Martínez  
Paulino Martínez Portela

**Técnicos de laboratorio:**

Susana Sánchez Darriba  
María López Villar  
Sonia Gómez Fernández

**ÍNDICE:**

<b>I. RESUMEN DEL SEGUIMIENTO DE LA PROPUESTA DE ANÁLISIS GENÉTICO PRESENTADA EN 2006.....</b>	<b>pág 3</b>
<b>II. RESUMEN DIVULGATIVO: CONSERVACIÓN Y GESTIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS DE TRUCHA COMÚN EN GALICIA.....</b>	<b>pág. 4</b>
<b>III. DEFINICIÓN DE UNIDADES DE GESTIÓN.....</b>	<b>pág. 7</b>
<b>IV. RESULTADOS DEL PLAN PILOTO DE FUNDACIÓN DE LÍNEAS NATIVAS EN EL CENTRO ICTIOGÉNICO DE O VERAL (LUGO).....</b>	<b>pág. 14</b>
<b>V. PROTOCOLO PILOTO DE FUNDACIÓN DE STOCKS NATIVOS.....</b>	<b>pág. 24</b>
<b>VI. BIBLIOGRAFÍA .....</b>	<b>pág. 27</b>
<b>VII. PROPUESTA DE LISTADOS DE DATOS .....</b>	<b>pág. 28</b>

## I. SEGUIMIENTO DE EJECUCIÓN DE LA PROPUESTA DE ANÁLISIS GENÉTICO PRESENTADA EN 2006

**Resumen de actividades.** En primer lugar se ha elaborado un texto divulgativo que refleja el esfuerzo de investigación aplicado a la conservación y gestión de trucha común realizado en los últimos años bajo financiación de la Xunta de Galicia. El análisis genético ha abordado la mejora en la definición de las unidades de gestión de trucha común en Galicia. Así se han aplicado distintos marcadores genéticos sobre distintas muestras de poblaciones y reproductores autóctonos en los centros ictiogénicos de O Veral, Carballiño y Carballedo, como punto de partida técnico en la gestión y conservación de esta especie. Se han incluido tres elementos esenciales en el análisis genético: i) la evaluación de la incidencia de la repoblación de origen centroeuropeo, ii) caracterización de la diversidad genética de poblaciones trucheras autóctonas, y iii) apoyo en el desarrollo del proyecto piloto de fundación de stocks nativos para fines de suplementación de mitigación o remediación.

A continuación se presenta una tabla comparativa que refleja las tareas ejecutadas en relación a la propuesta presentada (2006-2007), con más de 460 individuos analizados en el contexto de los principales objetivos planteados. Por las dificultades que han retrasado algunos muestreos en el período previsto, quedaría pendiente el análisis de poblaciones naturales de interés para completar la definición de determinadas áreas de gestión (Tabla 1).

Tabla 1. Análisis genético de trucha común en Galicia. Resumen de actividades (2006-2007).

R: Reproductores, F: descendencias familiares; LU: Lugo, OU: Ourense, PO: Pontevedra

	<b>PREVISTO</b>	<b>EJECUTADO</b>
<b>PLAN PILOTO</b>		
<i>REPRODUCTORES</i>	34 RLU	80 RLU
	40 ROU	200 ROU (a*)
	40 RPO	93 RPO (b*)
<i>TOTAL</i>	140	363
<i>DESCENDIENTES</i>		
<i>FAMILIAS LUGO</i>	200 FLU	100 FLU
<b>POBL. NATURALES</b>		
<i>(4-6 EN AREAS INTERÉS)</i>	~150 (5 POBL.)	pendiente
<b>TOTAL 2006/2007</b>	<b>464 INDIV.</b>	<b>463 INDIV.</b>

(\*) Muestras recibidas >Octubre 2007 de reproductores de distintas poblaciones:

(a\*) Navea, Bibei, Mente y Mao; (b\*) Almofrei.

A la fecha de presentación de esta memoria (Diciembre 2007), el análisis de datos de algunas de las muestras recibidas más recientemente (>Octubre, 2007; Tabla 1) están todavía en curso, por lo que serán incorporados en un informe específico posteriormente. Los datos relevantes relativos al componente nativo y centroeuropeo en las muestras analizadas se han avanzado a los correspondientes responsables de los centros ictiogénicos de Ourense y Pontevedra para su consideración en el proceso fundacional de familias en cautividad.

## **II. CONSERVACIÓN Y GESTIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS DE TRUCHA COMÚN (*Salmo trutta*) EN GALICIA**

### ***II.1. Objetivos***

En los últimos años se han realizado importantes esfuerzos de investigación y desarrollo encaminados a la caracterización de los recursos genéticos trucheros existentes en los ríos gallegos, como punto de partida esencial para el diseño de un plan de conservación que garantice su supervivencia y la gestión pesquera sostenible. De forma global, se pretende evitar la pérdida irreversible de recursos genéticos singulares de la especie, lo que en ocasiones puede suponer el reforzamiento de las poblaciones amenazadas de la especie, mediante repoblación con líneas autóctonas. Asimismo, resulta esencial promover medidas paralelas de conservación del hábitat, reduciendo la contaminación de los ríos, favoreciendo la recuperación y accesibilidad de los frezaderos, conservación y regeneración de riberas, así como restauración de cauces y refugios.

La conservación de la diversidad de recursos trucheros se enmarca dentro de un contexto más amplio que abarca la preservación de los valiosos ecosistemas fluviales para las generaciones futuras. Es una de las principales y más apreciadas especies piscícolas para la pesca deportiva. Pero su presencia es también un referente de calidad de nuestros ríos, en los que ha habitado de forma continuada durante cientos de miles de años. La mejora de sus poblaciones favorece además la conservación de otras especies en peligro de extinción como el mejillón de río o náyade *Margaritifera margaritifera*, cuyas larvas viven en las branquias de salmónidos. La práctica totalidad de las poblaciones españolas de náyades se han perdido en los últimos años, pero siguen todavía presentes en distintos ríos gallegos. Éstas representan excelentes bioindicadores de calidad y estado de conservación fluvial, siendo agentes de filtración del agua y depuradores del río que requieren aguas frías y limpias, así como un buen mantenimiento de sustratos de fondo de río. En definitiva, la presencia de interacción ecológica náyade-salmónidos evidencia la conservación del ecosistema fluvial en su conjunto.

### ***II.2. Repoblación***

Las repoblaciones como medida de fomento y apoyo para nuestras poblaciones trucheras han sido hasta hace poco una medida ampliamente extendida en nuestras aguas. Hoy en día sabemos que el uso de truchas de origen centroeuropeo para estos fines, con caracteres de domesticidad muy apropiados para el cultivo pero poco aptos para su suelta en el medio natural, ha resultado ineficaz en la mayor parte de los casos, pero también ha dado lugar a una importante contaminación genética en los escasos lugares donde fueron exitosas, particularmente en aguas estancadas (embalses y lagunas). Afortunadamente, los efectos reales de las repoblaciones con estas truchas de origen centroeuropeo son fácilmente trazables a través de análisis genéticos que actualmente no requieren el sacrificio de los animales, a partir de ADN extraído de pequeñas muestra de aleta o escamas.

Recientemente, la Comunidad de Galicia ha iniciado el desarrollo del cultivo en condiciones controladas de líneas autóctonas de trucha común como alternativa a las

razas domesticadas de origen centroeuropeo. El inicio de este cultivo a partir de individuos de origen salvaje, de marcada rusticidad, ofrece notables dificultades, tanto por su comportamiento asustadizo y esquivo, como por su crecimiento ralentizado, escasa producción de huevos y elevada mortalidad en cautividad. Sin embargo, de modo general, ante la necesidad de repoblar en casos específicos siempre es preferible utilizar líneas de trucha común no domesticada y genéticamente representativa de las poblaciones indígenas, aún cuando presentan mayores dificultades para su cultivo.

### ***II.3. Diversidad de recursos genéticos de trucha común en Galicia***

Galicia es una región rica en recursos trucheros, apoyada en su extensa hidrografía y en unos ecosistemas fluviales relativamente bien conservados. La trucha común es la especie ictícola más importante de nuestros ríos desde el punto de vista ecológico, tanto en términos de extensión de su área de distribución como de densidad o de biomasa, cuando no la única especie presente en gran parte de este área. Aún cuando gran parte de las poblaciones trucheras de muchos de nuestros sistemas fluviales presentan caracteres comunes -probablemente como consecuencia de la conexión a través del reo por vía marina- también es cierto que la trucha es una especie que presenta una variabilidad genética enorme, desarrollando poblaciones singulares en muchas subcuencas y tramos aislados, que pueden representar adaptaciones biológicas de la especie a condiciones fluviales específicas. Los análisis genéticos llevados a cabo en los ríos gallegos hasta el momento han permitido identificar líneas genéticas diferenciadas en nuestros ríos, que representan recursos genéticos a conservar dentro de la especie. Globalmente, las subcuencas del Alto Miño y Miño Sil representan una región biótica independiente, donde ha persistido desde hace cientos de miles de años una línea evolutiva de trucha sustancialmente diferente de las restantes líneas presentes en las cuencas gallegas atlánticas y cantábricas.

En los últimos años se ha realizado un esfuerzo importante en el desarrollo de tecnología de cultivo de las principales líneas trucheras autóctonas presentes en la Comunidad de Galicia. El asesoramiento genético ha permitido la selección de reproductores salvajes con caracteres de marcada rusticidad, de orígenes adecuados para cada uno de los centros ictiogénicos implicados, así como el seguimiento temporal de las prácticas de repoblación. La gestión en cultivo de líneas de trucha autóctonas puede contribuir a su conservación en situaciones de necesidad de recuperación o mitigación, donde se haya perdido total o parcialmente la población truchera preexistente, por ejemplo, a causa de algún vertido.

### **III. MEJORA EN LA DEFINICIÓN DE LINAJES GENÉTICOS E INCIDENCIA DE LA REPOBLACIÓN.**

#### ***III.1. Antecedentes***

En el contexto macrogeográfico se reconocen 5 linajes ancestrales de trucha común altamente divergentes: Atlántico (AT), mediterráneo (ME), Danubiano (DA), Marmoratus (MA) y Adriático (AD) (Bernatchez 2001; Presa et al. 2002). Estudios recientes basados en ADN mitocondrial y microsatélites han revelado la existencia de un nuevo linaje atlántico de trucha común en la Península Ibérica, confinado esencialmente al curso alto de la cuenca del Duero, siendo una de las aportaciones más novedosas de los últimos años en filogeografía de esta especie (Machordom et al. 2000; Bouza et al. 2001; Suarez et al. 2001). Los datos en la cuenca del Duero sugieren que el linaje Duero (DU) hibrida con los linajes Atlánticos (AT) previamente descritos en dicha cuenca (Martínez et al. 2007). Sin embargo, los datos previos alozímicos y cromosómicos sugieren que también en la cuenca del Miño podría existir otra zona de hibridación entre ambos linajes divergentes AT y DU (Bouza et al. 2001; Castro et al. 2001). Por este motivo, y partiendo de las muestras disponibles de trucha común en la Comunidad de Galicia (Martínez et al. 2004; marcadores diagnóstico de repoblación y microsatélites), se planteó el interés de ampliar el estudio para mejorar la definición de linajes genéticos de esta especie en las cuencas gallegas, utilizando marcadores de ADN mitocondrial con potencial diagnóstico a nivel filogeográfico en la Península Ibérica (Machordom et al. 2000).

#### ***III.2. Mejora en la definición de linajes genéticos en la Comunidad de Galicia mediante RFLPs de ADN mitocondrial.***

La ampliación del estudio genético en poblaciones gallegas de trucha común mediante marcadores de ADN mitocondrial ha permitido obtener una imagen precisa de la distribución del linaje DU en el noroeste de la Península Ibérica, confirmando que no sólo está restringido a la cuenca del Duero sino también presente en otras cuencas gallegas (Bouza et al. 2007; Figura 1). Los resultados mostraron que el haplotipo DU (BBABB) está fijado en varias poblaciones del curso alto del Miño y del río Sil. El haplotipo DU en la cuenca del Miño coexiste con dos haplotipos atlánticos (AT: ABACA y AAAAA) evolutivamente relacionados, sugiriendo la presencia de una zona de contacto secundario entre ambos linajes divergentes AT y DU. En la cuenca del Miño se dibuja, por tanto, un escenario análogo al observado en la cuenca del Duero, con una distribución dicotómica de los linajes AT y DU, presente el AT en las regiones de curso bajo más accesibles a la migración de reos, y restringido el linaje DU a las zonas más internas de ambas cuencas (MiñoAlto y Sil en la cuenca del Miño; Duero Alto y Pisuerga en la cuenca del Duero) (Bouza et al, 2007). Es por tanto importante identificar poblaciones de linaje DU estables a largo plazo, así como otras poblaciones que muestren introgresión con linajes AT más ampliamente distribuidos. Estos resultados son imprescindibles para definir adecuadamente las unidades operativas de gestión truchera en Galicia, priorizando la conservación del linaje endémico DU.

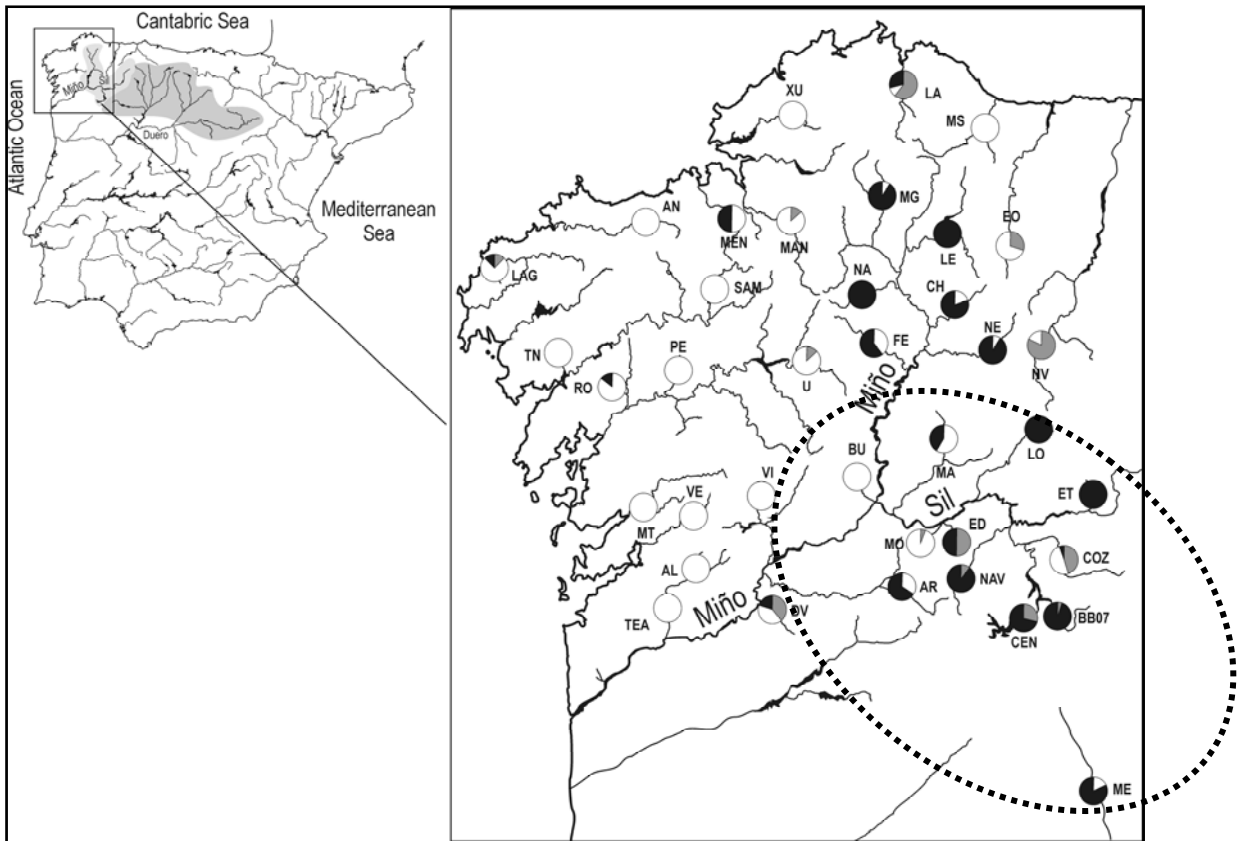


Figura 1. Distribución de linajes genéticos de trucha común en Galicia (modificado de Bouza et al. 2007). Se demuestra la presencia de linaje endémico DU en cuencas gallegas, respecto a su descripción inicial restringida a la cuenca del Duero (región sombreada en gris). Los diagramas circulares de frecuencias haplotípicas señalan: a) en negro el linaje DU (haplotipo BBABB); b) en blanco y gris los dos sublinajes AT (haplotipos ABACA y AAAAA, respectivamente). Mediante líneas punteadas se marca la ampliación muestral de la región Miño-Sil (período 2006-2007), que evidencia una importante heterogeneidad genética intra e interpoblacional (Apartado II.3). Códigos de la ampliación muestral : CEN-Cenza, COZ-Corzos, NAV-Navea, ED-Edo, MO-MaoLevoreiro, BB07-Bibei2007.

Si bien se ha demostrado la presencia de linaje mitocondrial DU en la región Miño Alto y Sil, el análisis reciente integrado junto con los marcadores microsatélites evidencia diferencias importantes entre ambas regiones de la cuenca del Miño. Frente a la homogeneidad genética de las poblaciones de Miño Alto, se ha detectado una gran diferenciación intra e interpoblacional en la región Miño Sil, que sugiere una consideración específica de cara a la conservación y gestión de recursos trucheros en el área.

El mismo análisis integrado de distintos marcadores genéticos evidencia una importante homogeneidad genética de todo el área atlántica, concordante con la existencia de reo que determina la existencia de migración truchera entre cuencas. El flujo génico entre las poblaciones accesibles determina mayor diversidad genética y tamaño efectivo poblacional global de toda la costa atlántica del NO España, que podría considerarse una única gran unidad de gestión. Sin embargo, la congruencia entre los distintos marcadores genéticos utilizados sugiere la existencia de un cierto aislamiento genético entre áreas en función de la distancia geográfica, extrema entre Miño-Bajo y el área Cantábrica, de tal forma que de un modo conservativo sería aconsejable considerar más de una unidad de gestión de linaje AT. Esta subdivisión mejoraría el conocimiento



y consideración de poblaciones locales singulares y deterioradas en cada área, confluyendo en cierta medida con los límites de gestión provincial: Cantábrico-Lugo; Ártabro-Atlántico-A Coruña y MiñoBajo-Atlántico-Pontevedra.

### ***III.3. Evaluación general cualitativa de las poblaciones trucheras analizadas en Galicia: diversidad genética, linaje mitocondrial e implicaciones para la gestión.***

#### III.3.1. Variabilidad genética

Del análisis genético realizado en una amplia representación muestral en Galicia (Martínez et al. 2004), la población de Bubal (BU) reveló niveles de diversidad génica y riqueza alélica significativamente inferiores al resto. Otra población que mostró escasa variabilidad fue Viñao (VI), al igual que la población de Etoma (ET) que también parece haber sufrido una notable erosión en su variabilidad genética. Parece probable que la principal causa de este déficit de diversidad se encuentre en fuertes efectos de deriva genética. En un dendrograma basado en distancias genéticas y construido mediante un algoritmo que tenga en cuenta la variación en las tasas evolutivas entre poblaciones, las ramas de mayor longitud son precisamente las de BU, VI y ET, indicando una rápida tasa evolutiva causada por un bajo tamaño efectivo (Martínez et al. 2004).

En grado menor, otra población del Miño Bajo, Arnoia (AR) y una población cantábrica como es Landro (LA), también dan muestras de tener unos niveles de variabilidad genética inferiores a la media, así como otras señales de deriva genética. Aparentemente, el resto de poblaciones estudiadas se encuentran en un estado relativamente saludable.

\*Muy poca variabilidad genética o “*clase 1*” (Riqueza alélica  $< 4$ ; Heterocigosis esperada  $< 0.5$ ): BU, VI, ET

\*Poca variabilidad genética o “*clase 2*” (AR  $>4 < 5.25$  y/o He  $< 0.5$ ): Landro (LA), Arnoia (AR), Anllóns (AN)

\* Variabilidad genética moderada o “*clase alta*” (AR  $> 5.50$ ; He  $> 0.5$ ): Todas las demás.

#### III.3.2. Composición de linajes mitocondriales

De las poblaciones pertenecientes a las clases 1 y 2, BU y VI, ambas en el curso bajo del Miño, y Anllóns (AN), en la vertiente atlántica, están aparentemente fijadas para el linaje ABACA. Sólo ET está fijada para el linaje Duero. En cuanto a Landro (LA), se trata de una población peculiar, en las que están presentes en alta frecuencia los tres linajes, especialmente el linaje AAAA (Cantábrico). La frecuencia de este linaje cantábrico sólo es superior en Navia (NV).

Además de en LA y NV, el linaje cantábrico es representativo en Eo (EO) y, sorprendentemente en Deva (DV). Deva es junto con LA, las dos únicas poblaciones en las que los tres linajes están representados en altas frecuencias. El linaje cantábrico también está presente, aunque en baja frecuencia ( $<0.2$ ), en Mandeo (MAN), Lago

(LAG), Ulla (U) e, interesantemente, en Bibei (BB), una población en la que el linaje Duero alcanza >90%.

Por último, destacar el grupo de poblaciones en las que parece estar fijado el linaje DU: Lor (LO) y ET, en el Río Sil; Lea (LE) y Narla (NA) en el Miño Alto.

### III.3.3. Implicaciones para la conservación

Un criterio de concordancia entre marcadores genéticos revela que al menos pueden distinguirse dos unidades de conservación en Galicia: Cuencas atlánticas y cantábricas con predominancia de linajes trucheros AT *versus* cuencas de la región Miño Alto, Sil y Duero, en las que merece especial atención el linaje Duero (DU). Para favorecer la preservación de poblaciones locales genéticamente singulares o deterioradas sería, sin embargo, aconsejable considerar más de dos unidades prácticas de gestión. Esta subdivisión podría facilitar la gestión de características genéticas específicas en cada sub-área de gestión: Cantábrico (Lugo); Ártabro-Atlántico (A Coruña), MiñoBajo-Atlántico (Pontevedra).

Como una estrategia de mínimos, se sugiere estudiar la posibilidad de suplementación local en poblaciones de las clases 1 y 2, al mismo tiempo que se preserva la integridad evolutiva definida por el linaje mitocondrial, de manera muy especial cuando se trate del linaje DU. Esto implica una posibilidad de actuación en este sentido encaminada, por ejemplo, a la conservación de Etoma (ET). Aunque en Bibei (BB) está presente el haplotipo AAAAA (Cantábrico), el análisis con microsatélites parece apuntar no tanto a residuos de introgresión centroeuropea sino más bien a una distribución natural de este linaje fuera del área Cantábrica, como ya se ha descrito en la cuenca del Duero (Martínez et al. 2007). En cualquier caso, no cabe duda de que BB es una de las poblaciones analizadas genéticamente más próximas a ET. Por ello, tal vez pudiera utilizarse en el diseño de un programa de recuperación de la población de ET. Otra población de interés, que ha dado muestras de introgresión de origen centroeuropeo, es Magdalena (MG).

Finalmente, tres poblaciones genéticamente saludables y que merecen un cuidado especial (por ejemplo, a través de evitar cualquier otra actuación que no sea la de preservar el hábitat o aliviar la presión de pesca) son ME, BB, NA, LE y LO. Se trata de poblaciones fijadas para el linaje Duero con niveles relativamente elevados de variabilidad genética.

### **III.4. Ampliación del análisis genético en el área Miño-Sil (período 2006-2007).**

En la propuesta de gestión de recursos genéticos de trucha común en Galicia (Martínez et al. 2004), se puso de manifiesto la peculiaridad genética de la región Miño-Sil, con características próximas a poblaciones analizadas de la cuenca del Duero. El reducido número de muestras disponibles en este área de estudio limitaba la interpretación precisa de estos datos de cara a definir unidades de gestión. Por ello, se planteó el interés de realizar una ampliación del análisis genético en esta región, tanto en el número de muestras como en el de marcadores genéticos utilizados, integrando los datos obtenidos a partir de marcadores diagnóstico de repoblación, microsatélites y ADN mitocondrial. A continuación se presentan las principales conclusiones obtenidas.

#### III.4.1 Importante incidencia de la repoblación centroeuropea en Miño-Sil.

La primera fase de la ampliación se concretó en el muestreo de seis poblaciones adicionales en el año 2006: Mao-Levoreiro, Navea, Cenzos, Corzo, Edo y Bibeí. Los datos obtenidos evidenciaron una importante incidencia de repoblación de origen centroeuropeo en 4 de las 6 poblaciones analizadas (Navea, Cenza, Corzos y Edo: frecuencia del alelo LDHC\*90 entre 0,16 y 0,36; Tabla 2): La ausencia de desviaciones significativas de las condiciones de equilibrio Hardy-Weinberg sugiere además apareamiento aleatorio entre repobladores y poblaciones autóctonas. Estos resultados a escala microgeográfica en Miño-Sil contrastan con la baja incidencia promedio detectada en Galicia (Martínez et al. 1993; Arias et al. 1995; Martínez et al. 2004), muy posiblemente a causa del perfil físico de la zona, con un elevado número de embalses e inestabilidad hidrológica. Se alerta, por tanto, sobre los riesgos de introgresión por repoblación de origen centroeuropeo, incluso en poblaciones no repobladas directamente, pero de potencial acceso vía migración natural o suplementación incontrolada desde puntos sí repoblados. Esta introgresión parece suponer una amenaza especialmente grave para el linaje DU endémico de distribución restringida.

El análisis genético de las muestras de Bibeí, Mente y Navea procedentes del muestreo en Octubre de 2007 confirmó los datos obtenidos previamente en las muestras tomadas en 2006 en el Sil (Navea2006, Bibeí2006) así como las analizadas en el Duero en la Memoria de 2004 (Martínez et al. 2004; Bibeí 2004; Mente2004). Así, se confirma una introgresión importante de origen centroeuropeo en la población Navea (frecuencia del alelo diagnóstico LDH-C\*90 >20%), mientras que no se ha detectado dicho alelo diagnóstico LDH-C\*90 ni en Bibeí ni en Mente. Estas dos últimas representarían por tanto reproductores de origen nativo. Complementariamente se ha realizado análisis estadísticos específicos para detección de hibridación en base a marcadores microsatélites (programa NEWHYBRIDS; análisis descrito en Martínez et al. 2007). Estos análisis han permitido completar la evaluación poblacional de introgresión centroeuropea, identificando los individuos híbridos de 2ª o posteriores generaciones. Los resultados obtenidos con los distintos marcadores son altamente congruentes. Así, en poblaciones con ausencia o muy baja frecuencia de alelo diagnóstico de origen centroeuropeo LDH-C\*90 la hibridación de 2ª generación es prácticamente inexistente. Por el contrario, ésta sí se ha detectado en poblaciones introgresadas como el Navea. En este caso, un 23% de los individuos LDH-C\*100100, evidencian para marcadores microsatélites un componente híbrido de origen centroeuropeo superior al 50%, desaconsejando su uso como reproductores autóctonos en la fundación de líneas nativas

Tabla 2. Ampliación del análisis genético en la región Miño-Sil, incluyendo los reproductores muestreados en 2006 (06) y 2007 (07) para la fundación de líneas nativas del área.

	Ampliación Miño-Sil								Duero
	Mao-Lev. 06 (07)	Navea 06	Bibei 06	Corzos 06	Edo 2006	Cenza 2006	Bibei 07	Navea 07	Mente 07
<b>N</b>	30 (30)	18	30	30	15	30	56	50	64
<b>LdhC*90</b>	0 (0)	0,36	0	0,23	0,2	0,16	0	0,24	0
<b>ADNmt<sup>a</sup></b>	10	6 <sup>a</sup>	10	10 <sup>a</sup>	10 <sup>a</sup>	10 <sup>a</sup>	56	46 (25 <sup>a</sup> )	57
<b>AAAAA</b>	0,10	-	0,20	0,40 <sup>a</sup>	0,50 <sup>a</sup>	0,30 <sup>a</sup>	0,07	0,30 (012 <sup>a</sup> )	-
<b>ABACA</b>	0,90	-	-	0,50 <sup>a</sup>	-	-	-	-	0,19
<b>BBABB</b>	-	1 <sup>a</sup>	0,80	0,10 <sup>a</sup>	0,50 <sup>a</sup>	0,70 <sup>a</sup>	0,93	0,70 (0,88 <sup>a</sup> )	0,81

<sup>a</sup>Análisis de mitocondrial en individuos LDHC\*100/100 en poblaciones introgradadas.

#### III.4.2. Heterogeneidad genética en Miño-Sil.

Las muestras tomadas en 2006-2007 en los ríos Mao-Levoreiro y Bibei representarían poblaciones autóctonas de la región Miño-Sil, pero con características genéticas divergentes AT y DU (casi fijadas para patrones haplotípicos ABACA y BBABB, respectivamente). Los análisis integrados de marcadores mitocondriales y microsatélites evidencian, de hecho, una importante heterogeneidad genética en la cuenca del Sil, muy superior a la inferida inicialmente en los análisis previos mediante microsatélites (Martínez et al. 2004). Así, en una escala geográfica pequeña coexisten un mosaico de poblaciones con características genéticas muy divergentes (Figura 1), algunas casi fijadas para el haplotipo DU en las subcuencas más profundas del Sil, otras genéticamente próximas a poblaciones de linaje AT de la región Miño-Bajo, pero también poblaciones donde existe hibridación entre distintos linajes (AT x DU).

Este último caso sería aplicable a la muestra del río Mente, que drena al curso bajo del Duero. Esta población mostró características genéticas híbridas de los dos linajes divergentes AT y DU (Martínez et al, 2007). El análisis genético del Mente respecto a poblaciones gallegas (Martínez et al. 2004) pero también respecto a un amplio número de poblaciones de la cuenca del Duero (Martínez et al. 2007) reveló una alta frecuencia del haplotipo mitocondrial característico del linaje DU (BBABB), pero mostrando mediante microsatélites características del linaje AT, predominante en la región de curso bajo de la cuenca del Duero (Martínez et al. 2007).

En definitiva, se remarca la necesidad de efectuar un seguimiento del estado genético de las poblaciones naturales, tanto en la evaluación de incidencia de repoblación como en la mejora de la definición de las unidades de conservación prioritarias en la Comunidad de Galicia, y por consiguiente con implicaciones en la fundación de stocks nativos.

#### II.4.3 Complejidad de definición de unidades de gestión en la región Miño-Sil.

La heterogeneidad genética subyacente en el área de estudio introduce una mayor complejidad a nivel operativo. Una aproximación conservativa desaconsejaría la gestión única del área y, por tanto, la creación de una única línea nativa de suplementación para toda la región, subdividida al menos en dos subcuencas diferentes (Miño-Sil y Duero). En la subcuenca Miño-Sil es necesario identificar poblaciones del linaje DU estables a largo plazo como objetivo prioritario de conservación, para restringir las amenazas de introgresión desde poblaciones con componente genético centroeuropeo, pero también por linajes nativos AT más ampliamente distribuidos en Galicia. Las peculiaridades genéticas de las subcuencas del Duero analizadas (población Mente: linajes AT x DU) han de ser tenidas en consideración a la hora de utilizar estos reproductores para fines de suplementación en poblaciones de linaje DU, desaconsejando su uso fuera del curso bajo de la cuenca del Duero.

El análisis de linajes mitocondriales y diversidad genética mediante microsatélites refleja también la representatividad genética de las poblaciones salvajes muestreadas, y aseguran su seguimiento posterior de las familias fundadas en cautividad.

#### IV. PLAN PILOTO CENTRO ICTIOGÉNICO O VERAL (LUGO)

##### IV. 1. Proyecto Piloto Veral-2006

En el año 2006 se ha iniciado un proyecto piloto de fundación de stocks nativos, centrado en las líneas genéticas Miño-Alto y Cantábrica en la piscifactoría de Veral (Lugo), con la colaboración directa del Personal Técnico responsable.

##### IV.1.1. Reproductores: Muestreo, análisis genético y desoves.

En época de freza entre finales de Diciembre de 2005 y Enero de 2006 se muestrearon mediante pesca eléctrica, un total de 67 y 84 reproductores para la fundación de las líneas Miño-Alto y Cantábrico respectivamente (Miño-Alto 67: Neira 15, Chamoso 37, Tordea 15; Cantábrico 84: Landro 7, Ouro 21, Eo 26, Masma 30), Dichos reproductores fueron trasladados a la planta de O Veral, donde se realizó la fecundación. Algunos fueron devueltos al río, aunque la mayoría se han mantenido estabulados en O Veral durante el período del proyecto (34 y 84 para las líneas Miño-Alto y Cantábrico, respectivamente; Tabla 2).

Tabla 3. Proyecto Piloto Veral 2006: Datos disponibles del muestreo de reproductores de las Líneas Miño Alto (M1) y Cantábrico (C1). -: Datos no disponibles

LÍNEA	DATOS MUESTREO		MUESTRA			Nº INDIV, VERAL	DESOVES		SUELTA AL RÍO Nº
	POBLACIÓN	FECHA	M	H	TOT		M	H	
<b>MIÑO ALTO (M1)</b>	LODOSO	12/2005 A 1/2006	13	24	37	34	7	9	-
	TORDEA		8	7	15	-	6	6	15
	NEIRA		1	14	15	-	-	-	15
	TOTAL M1-2006	2006	22	45	67	34			
<b>CANTÁBRICO (C1)</b>	LANDRO	2006	-	-	7	7	-	-	-
	OURO		-	-	21	21	-	-	-
	EO		-	-	26	26	-	-	-
	MASMA		-	-	30	30	-	-	-
	TOTAL C1-2006		-	-	84	84	7	8	-

A partir del muestreo de aleta dorsal de cada reproductor potencialmente implicado en los desoves se ha constituido un banco de ADN de reproductores (Dpto. Genética, Lugo, USC) para su futuro seguimiento y análisis genético. En primer lugar, ha permitido confirmar en todos los casos su componente nativo mediante el marcador diagnóstico *LDH-C\** (genotipo 100/100), y el marcador mitocondrial de linaje filogeográfico (Tabla 4). Posteriormente, el genotipado de 10 marcadores microsatélite ha permitido realizar un análisis de diversidad genética, confirmando su origen mediante asignación a poblaciones de referencia de las áreas muestreadas (Miño Alto y Cantábrico). Los resultados muestran niveles altos de variabilidad genética y el potencial de estos marcadores microsatélites para realizar la trazabilidad familiar y confirmar la contribución relativa de cada progenitor a las familias de alevines finalmente obtenidas (Tabla 5).

Tabla 4. Proyecto Piloto Veral 2006. Características genéticas de los reproductores muestreados en las líneas nativas Miño Alto (M1) y Cantábrico (C1).

	Reproductores Veral
<b>N</b>	86
<b>LdhC*90</b>	0
<b>ADNmt</b>	
<b>AAAAA</b>	0,08
<b>ABACA</b>	0,28
<b>BBBBB</b>	0,64

Tabla 5. Proyecto Piloto Veral 2006: Líneas Miño Alto (M1) y Cantábrico (C1). Análisis genético de reproductores mediante microsatélites: Diversidad genética y potencial para análisis de parentesco (programa CERVUS; Marshall et al. 1998)

Número de loci:	10
Nº medio de alelos por locus:	12.10
Diversidad genética media:	0.772
Contenido de información polimórfica (PIC):	0.742
Prob. Exclusion paternidad 1º progenitor	>0.998
Prob. Exclusion paternidad 2º progenitor	>0.999
Prob. exclusión identidad	>0.999
Prob. no-exclusión familiar:	>0.999

En el año 2006 finalmente se obtuvieron 6 y 4 desoves independientes en las líneas Miño-Alto y Cantábrico, respectivamente, procedentes de un total de 34 reproductores maduros del medio natural. El resultado evidencia una baja producción de huevo fertilizado (570 y 780 huevos en el stock Miño-Alto y Cantábrico, respectivamente; Tabla 6). Los desoves independientes corresponden a fecundación con esperma de más de un macho en todos los casos, reflejando la dificultad en el diseño de cruzamientos por parejas, que sin embargo representa la situación idónea desde una perspectiva genética.

Tabla 6. Proyecto Piloto Veral 2006: Líneas Miño Alto (M1) y Cantábrico (C1). Datos de desoves por línea y origen muestral de reproductores, así como de viabilidad embrionaria hasta la reabsorción del saco vitelino. (-) Datos no disponibles.

LÍNEA	DATOS DESOVES			HUEVOS EMBRIÓN			ECLOSIÓN		REABSORCIÓN	
	POBLACIÓN	DESOLVE	FECHA	Nº	Nº	%MORT	Nº	%MORT	Nº	%MORT
<b>MIÑO ALTO</b>										
M1										
	LODOSO	LODOSO 1	23/01/2006	150	80	46,6	69	54	67	55,3
		LODOSO 2	-	95	60	36,8	51	46,3	24	74,7
		LODOSO 3	-	75	5	93,3	5	93,3	5	93,3
		LODOSO 4	-	102	26	74,5	13	87,3	13	87,3
		TOTAL			282	171		138		109
	TORDEA	TORDEA 1	02/01/2006	206	174	15,5	162	21,4	156	24,3
		TORDEA 2	09/01/2006	82	39	52,4	21	74	14	82,9
		TOTAL			288			183		170
	TOTAL MIÑO ALTO			570	213				256	
<b>CANTÁBRICO</b>										
C1										
	LANDRO	CA1	23/01/2006	443	303	31,6	270	39,5	266	40
		OURO	CA2	-	72	0	100	0	100	0
	MASMA	CA3	-	200	61	69,5	54	73	54	73
		CA4	-	65	45	30,8	40	38,5	40	38,5
	TOTAL			780	409		364		360	
TOTAL VERAL			2006	1490	793		685		639	

#### IV.1.2. Seguimiento de la viabilidad en progenies.

A lo largo del año 2006 se ha realizado un seguimiento del mantenimiento de bandejas familiares, revelando resultados de viabilidad reducida acorde a las expectativas para reproductores salvajes, desde la eclosión (reabsorción de saco vitelino, inicio de alimentación) hasta alevines (Figuras 4A y 4B). La evaluación de la progresión de dicho proyecto piloto sigue actualmente en curso, permitiendo establecer un protocolo base para su extensión a la fundación de otras líneas genéticas nativas. A fecha de Marzo de 2007 habían sobrevivido 613 alevines procedentes de los desoves del año 2006 (C1: Cantábrico-Landro: 358; M1: Miño Alto-Lodoso: 255). A partir de los datos disponibles se ha estimado la viabilidad del desarrollo embrionario en cautividad para cada línea (M1 y C1), teniendo en cuenta los distintos desoves dentro de cada línea.

Se han observado diferencias de viabilidad entre grupos familiares de ambas líneas pero con un valor promedio similar que ronda el 30% acumulado en la fase larvaria de reabsorción del saco vitelino (Figs.4A y B). Existe una fase crítica inicial (de huevo a embrión), con valores medios de mortalidad cercanos al 60%. A partir de entonces, los valores de supervivencia decaen de forma más gradual, con valores acumulados medios sobre ambas líneas del 37% a la eclosión, y del 34% a la reabsorción.

Para la línea M1 se analizaron 6 desoves totales (Tabla 4), 4 de reproductores del río Lodoso (M1.1-M1.4) y 3 de reproductores del río Tordea (M1.5-M1.6). Los valores máximos de viabilidad se observaron en el primer desove del Lodoso y el mínimo en el segundo desove del Tordea. Las puestas de reproductores del Lodoso



presentaron los mejores resultados en la fase de huevo a embrión, por encima de la media en todos los desoves; aunque a partir de esta fase hubo picos de mortalidad importantes en los desoves 2º y 4º de este origen (Fig. 4 A)

En la línea C1 se analizaron cuatro desoves de reproductores de varios ríos, entre ellos Landro y Masma (Tabla 4). Los peores resultados de viabilidad se encontraron en el 2º desove (mortalidad acumulada del 100%), y los mejores en las familias de los desoves 1º y 3º con valores muy superiores a la media (~60% viabilidad).

M1-2006	M1.1	M1.2	M1.3	M1.4	M1.5	M1.6	
EMBRION	84,5	47,6	53,4	63,2	6,7	25,5	46,8
ECLOSIÓN	78,6	25,6	46	53,7	6,7	12,7	37,2
REABSORCIÓN	75,7	17,7	44,7	25,3	6,7	12,7	30,5

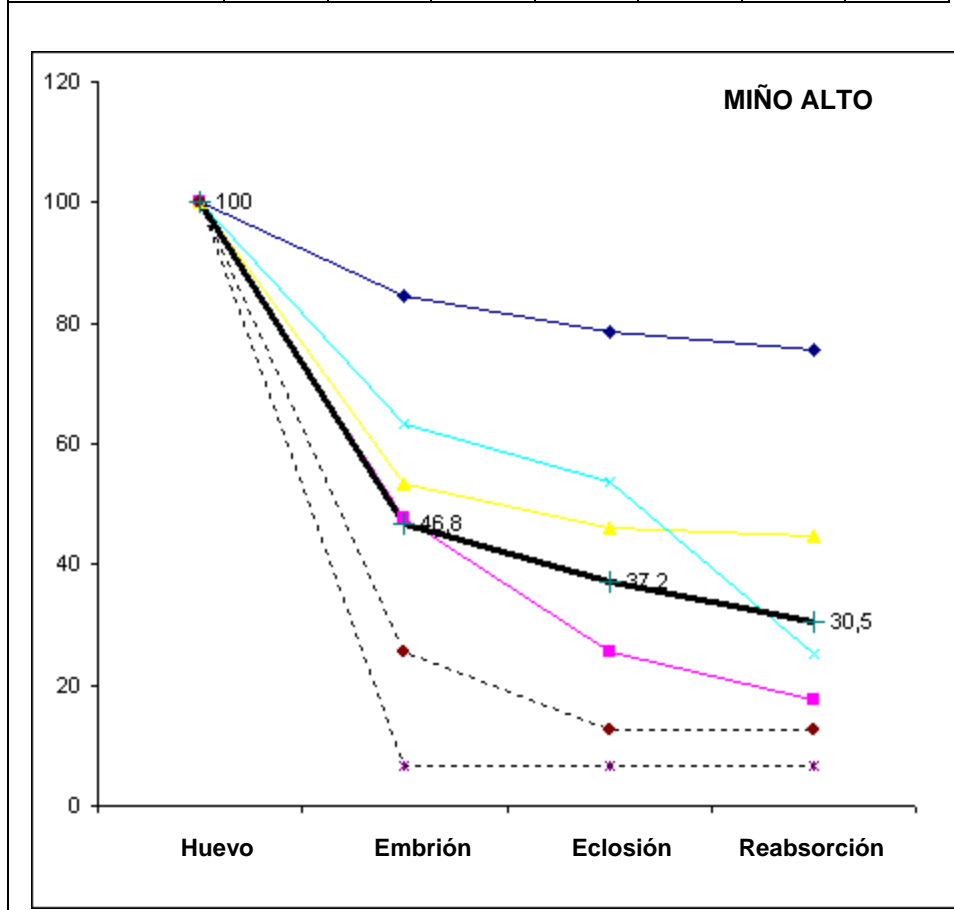


Figura 4A. Línea Miño Alto: Datos de viabilidad larvaria.

C1-2006	C1.1	C1.2	C1.3	C1.4	
EMBRION	68,4	0	30,5	69,2	42
ECLOSIÓN	60,5	0	27	61,5	37,3
REABSORCIÓN	60	0	27	61,5	37,1

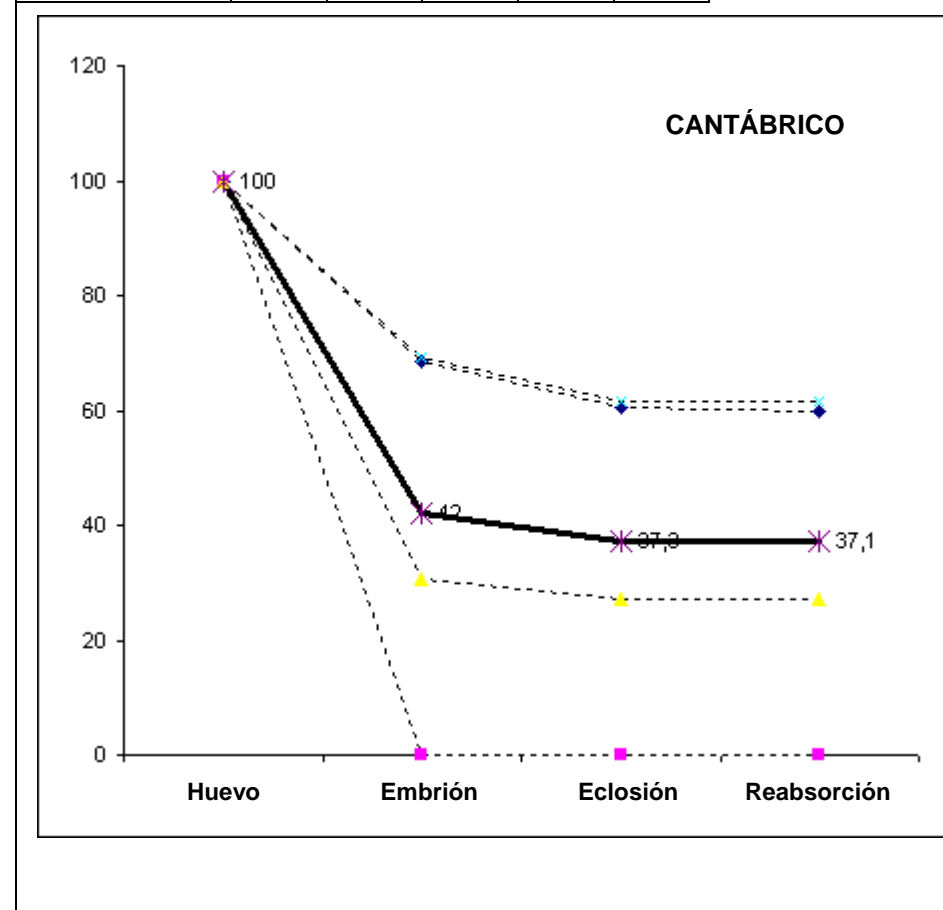


Figura 4B. Línea Cantábrico: Viabilidad larvaria.

#### IV.1.3 Análisis genético de las familias fundadas en cautividad.

El análisis genético de las muestras familiares analizadas de las líneas Miño Alto (M1) y Cantábrico (C1) utilizando marcadores diagnóstico de repoblación centroeuropeo (LDH-C\*), ADNmt y microsatélites mostró resultados congruentes con el origen de los reproductores utilizados en las respectivas líneas nativas. Es destacable la presencia del haplotipo DU en las familias C1 compatible con el uso preferente de reproductores del Landro, que presentaban dicho linaje coexistiendo con otros linajes Atlánticos (Bouza et al. 2007). La peculiaridad de la población del Landro en el contexto del área Cantábrica sugiere que las familias C1 sean liberadas al medio natural en esta misma cuenca.

Tabla 5. Proyecto Piloto Veral2006. Características genéticas básicas en las muestras familiares obtenidas de las líneas nativas Miño Alto (M1) y Cantábrico (C1).

	Familias M1	Familias C1
<b>N</b>	30	30
<b>LdhC*90</b>	0	0
<b>ADNmt</b>		
<b>AAAAA</b>	0,1	0,47
<b>ABACA</b>	0,1	0,33
<b>BBBBB</b>	0,8	0,17

El análisis de asignación de paternidad respecto a los reproductores empleados en la fundación de las familias se realizó mediante el análisis multilocus de marcadores microsatélites utilizando el programa Cervus 3.1 (Marshall et al. 1998). De forma complementaria se evaluó la estructura familiar en cada línea (Tabla 8), evaluando la existencia de grupos fraternales (hermanos completos, HC, y medios hermanos, MH) mediante el programa Kingroup (Konovalov et al. 2004). El análisis integrado de la información disponible permitió realizar una aproximación al número de reproductores y familias finalmente representados en el proceso fundacional de cada línea M1 y C1, así como de la varianza del tamaño de familia (dispersión de la proporción media de descendientes en cada familia). Todos ellos constituyen factores relevantes para evaluar la representatividad en diversidad genética de dichas familias respecto al stock de reproductores de partida, dependiente del tamaño efectivo poblacional (Hedrick 2000).

En el proyecto piloto Veral-2006, a pesar del reducido número de desoves obtenidos y del limitado tamaño muestral familiar analizado, se observó un número considerable de familias distintas tanto para el grupo Miño Alto (M1) como Cantábrico (C1). Es presumible que estos datos constituyan una infraestima de los valores reales, ya que al no disponer de muestras genéticas de todos los reproductores disponibles en el centro ictiogénico, sólo se realizó una asignación de paternidad parcial de las líneas estudiadas (50% y 30% de las progenies C1 y M1, respectivamente).

Aunque algunos reproductores intervinieron en familias únicas (RVE28, 66 y 71), en varios casos se encontraron reproductores que estaban implicados en varias familias, constituyendo un reflejo del sistema de cruzamiento múltiple utilizado

(RVE19, 23 y 60), que conlleva una disminución del tamaño efectivo. Esto queda patente en la detección de un número también importante de grupos de medios hermanos mediante el programa Kingroup (Tabla 6). En general se encontraron valores reducidos en la varianza en el tamaño de familia en ambas líneas M1 y C1, en parte explicables por diferencias de viabilidad entre desoves (Figuras 4 A y 4B). A partir de los datos disponibles en este proyecto piloto, dado el reducido número de reproductores y las proporciones desiguales entre sexos, se estima un reducido valor de  $N_e$  para las dos líneas iniciadas (M1 y C1), aunque la escasa variación en el tamaño de familia de las progenies obtenidas contribuye a no disminuir aún más el tamaño efectivo.

Es destacable la existencia de relaciones fraternales entre unos pocos individuos C1 y M1 que parecen compartir reproductores comunes en los análisis realizados individualmente para cada progenie (Tabla 6). Este hecho, alerta contra posibles anomalías en la ejecución de presente o futuros proyectos (identificación errónea de reproductores; saltos incontrolados de alevines entre los tanques familiares), que recomendarían la restricción de suelta de los ejemplares obtenidos para prevenir transferencias cruzadas entre linajes divergentes.

Tabla 8. Proyecto piloto Veral-2006: Análisis multilocus para marcadores microsatélites de estructura familiar en las progenies de las líneas Miño Alto (M1), Cantábrico (C1), así como global (M1+C1). Los análisis se ha llevado a cabo mediante el programa Partition-Kingroup (Konovalov et al. 2004), integrando la asignación de paternidad obtenida en el programa Cervus (Marshall et al. 1998).

	M1+C1	M1	C1
Nº familias HC	12	11	10
Nº familias MH	9	8	7
Nº reproductores	>9	>6	>6
Rango (ind/fam HC)	1-12	1-6	1-5
Media±SE (ind/fam HC)	5,1±1,1	2,8±0,1	3,0±0,8
Varianza tamaño fam HC	12,8	2,2	3,3
Fams mixtas M1 y C1	4 ¿?		

#### IV.1.4. Proyecto piloto de suelta de alevines C1 y M1 al medio natural

En el marco del proyecto piloto, y a partir de todos los datos genéticos obtenidos, se puede evaluar la suelta al medio natural de las familias obtenidas en cautividad para las líneas Miño Alto y Cantábrico (corte de aleta adiposa para el futuro seguimiento muestral). La peculiaridad genética de la población del Landro (presencia del linaje DU) en el contexto del área Cantábrica aconseja que las familias C1 sean liberadas al medio natural en esta misma cuenca. La misma filosofía de reproducción asistida a la cuenca de origen podría aplicarse a las familias M1 (ríos Tordea y Lodoso) aunque la homogeneidad genética de toda la región Miño-Alto abre la posibilidad para su introducción en puntos considerados en situación de amenaza dentro de la región.

Sería, sin embargo, deseable realizar un análisis genético adicional de las familias M1 y C1 para confirmar si existen familias anómalas mixtas M1 x C1 o se corresponden con errores muestrales puntuales, para evaluar el riesgo de transferencia cruzada entre linajes por la suelta de alevines.

IV.1.5. Continuidad del proyecto piloto en O Veral.

El proyecto piloto de fundación de líneas nativas de trucha común iniciado en el centro de O Veral ha tenido su continuidad en el año 2007. Así se ha realizado una ampliación de muestreo de reproductores en época de freza (Dic2006-Enero2007) para la línea Miño Alto, Se muestrearon un total de 28, 32 y 34 reproductores procedentes de las poblaciones Cabe, Lando y Narla, respectivamente, Un total de 82 reproductores fueron finalmente estabulados en el centro de O Veral. Partiendo de estos individuos maduros, a principios del año 2007 se obtuvieron 21 desoves independientes de los reproductores (6, 6 y 9 desoves de los reproductores de Cabe, Lando y Narla, respectivamente). Al igual que en el año 2006, los desoves independientes corresponden a fecundación con esperma de más de un macho en todos los casos, reflejando la dificultad práctica en el diseño de cruzamientos por parejas, Para la línea Miño Alto, la producción de huevo en 2007 (Cabe 1797, Lando 3339, Narla 960; Total 2007: 6096 huevos) fue superior a la obtenida a partir de los reproductores desovados en el año 2006 (Total 570; Lodoso 171, Tordea 288).

## **V. PROTOCOLO DE PUESTA A PUNTO DE FUNDACIÓN DE STOCKS NATIVOS**

Este protocolo puede aplicarse al desarrollo del primer proceso fundacional en los centros de O Carballiño (OU) y Carballedo (PO), como a la ampliación fundacional de reproductores en el centro de O Veral (LU).

### ***V.1. Criterios genéticos requeridos en el proceso fundacional:***

- i) Robustez genética / ausencia de síntomas de erosión genética
- ii) representatividad de las características genéticas generales y peculiares de cada OCU,
- iii) control del tamaño efectivo poblacional ( $N_e > 50$ , idealmente contribución igual de sexos)

### ***V.2. Obtención de reproductores del medio natural mediante pesca eléctrica,***

Maximizar puntos de muestreo seleccionados dada la baja expectativa de ejemplares maduros por punto de muestreo (1-2 hembras; 3-6 machos). Los datos relevantes de los muestreos realizados deben ser recogidos en listados específicos (Ver propuesta en el Apartado VII).

La selección de puntos de muestreo para cada unidad de gestión será realizada en función de los datos genéticos previos de la USC (Martínez et al. 2004), así como de las recomendaciones de la presente memoria (Apartados III.3 y III.4). A continuación se presenta un resumen general de los datos generales más relevantes a tener en cuenta (Apartado V.3).

### ***V.3. Criterios genéticos de selección de poblaciones de muestreo.***

Es importante resaltar una serie de pautas para la selección de poblaciones de muestreo, en función de sus características genéticas:

- **Introgresión de origen centroeuropeo:** Precaución y control genético individual en puntos de potencial riesgo de introgresión por repoblación con stocks centroeuropeos (Xallas XA, Eume EU, Magdalena MG, Goo CGO, Cenza CEN, Navea NAV, Corzos COZ, Edo ED). En caso necesario, de las muestras obtenidas se podrían seleccionar mediante análisis integrado de marcadores (LDH-C\* y microsatélites) los ejemplares autóctonos puros, descartando híbridos de 1ª, 2ª y posteriores generaciones de origen centroeuropeo.
- **Poblaciones singulares:** Para algunas poblaciones con características especiales se limitarán los muestreos únicamente para reproducción asistida de la propia población previa valoración de la necesidad de remediación o restauración.
  - a) *Poblaciones de clase I:* con síntomas de erosión genética (niveles extremadamente reducidos de diversidad genética; Viñao (VI), Bubal (BU), Etoma (ET),

b) poblaciones genéticamente peculiares o atípicas en el contexto de su unidad de gestión:

b.1) poblaciones con introgresión entre linajes AT y DU como Deva (DV) y Arnoia (AR) en el MiñoBajo pero también Landro (LA) dentro de la región Cantábrica;

b.2) poblaciones fijadas para linajes atlánticos en la región Miño Sil, como Mao-Levoreiro (MO)...

b.3) población del Eume (EU) en la región ártabra pero con características genéticas próximas a poblaciones del Miño Alto.

- **Áreas de linaje AT:** Idealmente desde un punto de vista genético, a partir de la propuesta de poblaciones a utilizar sería importante asegurar una contribución similar entre las poblaciones seleccionadas por línea. También idealmente se propone utilizar entre 40 y 50 reproductores por población, manteniendo igual proporción de sexos (20-25 H y 20-25 M por población). Entre las posibles propuestas,

CANTÁBRICO (LU)	Navia (NV), Eo (EO), Masma (MS),...
MIÑO BAJO (PO)	Tea (TEA), Almofrei, A Freixa (CFR), ...
ATLÁNTICA (PO)	Pereiro (PE), Ximonde (XI), Verdugo (VE), Monteporreiro (MT) ,...

- **Protección del linaje DU:** De forma general resulta un objetivo prioritario evitar la pérdida irreversible del linaje endémico DU, amenazado por introgresión de origen centroeuropeo y de linajes atlánticos más ampliamente distribuidos. La homogeneidad genética de la región Miño Alto facilita la selección de reproductores procedentes de diferentes poblaciones. Por el contrario, la heterogeneidad genética de la región Miño Sil sugiere en este sentido una consideración especial.

MIÑO ALTO (LU)	Chamoso (CH), Narla (NA), Neira (NE), ...
REGIÓN MIÑO-SIL (OU)	Ver punto siguiente

- **Heterogeneidad genética e hidrología inestable en la región Miño-Sil:** En las poblaciones trucheras de la región Miño-Sil se ha detectado una importante contaminación genética de origen centroeuropeo (~ 36% de las poblaciones analizadas), superior a la media detectada en Galicia. Por otro lado, el análisis genético de poblaciones autóctonas revela una zona de contacto entre linajes divergentes AT y DU y un mosaico de poblaciones heterogéneas (AT, DU o ATxDU). A esto se suman las características físicas de las subcuencas de esta región, con alta fragmentación del hábitat (embalses) y un régimen hídrico estacional altamente inestable (areas fluviales desecadas en estiaje) que probablemente determinan procesos de extinción y recolonización, pérdidas de diversidad genética y fijación de variantes genéticas por deriva genética → Alta diferenciación genética entre poblaciones geográficamente próximas → Complejidad de gestión: unidad operativa = población local → Dificultades

para la creación de un stock nativo común para la repoblación global de toda la región → De ser necesario repoblar: reproducción asistida por población o grupos de poblaciones afines.

- **Propuesta de gestión compleja en la región Miño-Sil:**

a) Evitar el trasvase entre cuencas y subcuencas de la región, priorizando la conservación de reservas de linaje DU, especialmente en aquellas poblaciones que no muestran síntomas de erosión genética en el Sil (Bibeí) y en el Duero (Mente),

b) Control de los puntos de introgresión por repoblación centroeuropea, evitando la migración/repoblación hacia puntos “limpios” con linaje DU. En casos de necesidad, valorar genéticamente la utilización reproductores autóctonos, descartando híbridos de 2ª o posteriores generaciones identificados mediante el análisis combinado de marcadores LDH-C\* y microsatélites.

c) Dificultades para la creación de un stock nativo de repoblación global. En caso de necesidad de suplementación valorar la reproducción asistida con reproductores de subcuencas genéticamente afines, evitando introducir linajes AT en poblaciones puras de linaje DU (por ejemplo, no se podría repoblar en Bibeí BB –linaje DU- con reproductores tomados desde Mao o Bubal –AT-).

d) Propuesta para reforzar poblaciones con síntomas de erosión genética pero de linaje DU, como ET, a partir por ejemplo de reproductores de Bibeí. Sería necesario realizar un seguimiento temporal de la eficiencia y repercusión de estas prácticas de repoblación sobre las poblaciones receptoras.

### ***V.3. Traslado y estabulación de reproductores maduros a la planta de cultivo***

En el caso de centros que manejen varias unidades de gestión, los ejemplares sólo podrían estabularse conjuntamente si están físicamente marcados de forma adecuada, para evitar errores en la fundación de familias. Los datos relevantes de esta fase del proceso han de ser resigtrados en listados (Ver propuesta en el Apartado VII).

1º) Fecundación para la obtención de bastidores familiares con huevo fertilizado (idealmente 1 macho y 1 hembra).

2º) La previsión de baja fecundidad (producción de huevo) puede plantear dificultades en el diseño de cruzamientos por parejas. Sin embargo, desde el punto de vista genético no es conveniente la fecundación con esperma de más de un macho.

- Nota para el diseño de cruzamientos por parejas: Se podrían subdividir fracciones aprox equivalentes de huevo de cada hembra en bandejas diferentes para fecundar con esperma de distintos machos. Es importante marcar correctamente las bandejas familiares.

### ***V.4. Muestreo de aleta dorsal de cada reproductor. Banco de ADN para análisis genético.***



1º) Tras el muestreo de reproductores, se realizará una confirmación inicial e inmediata del componente nativo de cada reproductore mediante el marcador diagnóstico *LDH-C\**.

2º) Posteriormente, se realizará en cuanto sea posible un análisis mediante marcadores microsatélites y de ADN mitocondrial para confirmar las características genéticas autóctonas y futura trazabilidad genealógica.

- Notas para el muestreo de reproductores: Identificar los reproductores con marcaje físico para su futura trazabilidad en cultivo.
- Igualmente esencial es la identificación correcta de las muestras de aleta adiposa para los futuros análisis genéticos. Para agilizar el proceso se podría tener preparados tubos ya etiquetados previo al muestreo, teniendo precaución de que la escritura sea indeleble. La utilización de un código de reproductores y listados de datos paralelos es muy importante, particularmente para evitar confusiones si existen más de una línea cultivada en un mismo centro ictiogénico. Sugerencia: incluir en los listados además del código de barra un código de genética que incluya simplemente un número correlativo de individuo por población muestreada.
- Si es posible, mantener familias separadamente hasta eclosión. A partir de aquí estabulación conjunta de alevines procedentes de distintas familias, en proporciones equivalentes.
- Alternativamente, si se incuban conjuntamente distintas familias desde estadio embrionario será necesario realizar un muestreo genético para estimar el número de reproductores realmente implicados así como los grupos de hermanos presentes. El objetivo es controlar la representatividad genética de los descendientes de la línea fundada y para minimizar la introducción de consanguinidad en las poblaciones receptoras.
- Los datos relevantes de todo este apartado deben ser recogidos en listados específicos (Ver propuesta en el Apartado VII).

#### ***V. 5. Seguimiento en el mantenimiento de bandejas familiares***

El seguimiento de mortalidad desde la etapa de huevo a la reabsorción del saco vitelino debe ser recogido en listados maestres para evaluar la eficacia del proceso fundacional global (previsión de eclosión a 300°C: aproximadamente en Abril; previsión reabsorción del saco vitelino e inicio de alimentación aprox. en Mayo). Los datos relevantes de todo este apartado deben ser recogidos en listados específicos (Ver propuesta en el Apartado VII).

#### ***V.6. Valoración de suelta de alevines al medio natural***

A partir de todos los datos genéticos obtenidos, es necesario evaluar la suelta al medio natural de las familias obtenidas en cautividad para cada línea. Para ello se realizará el corte de aleta adiposa en alevines para el futuro seguimiento muestral. La

existencia de peculiaridades genéticas de las poblaciones representadas en el contexto de cada línea permitirá realizar un informe específico en el que se plantee una propuesta de liberación al medio natural, atendiendo a los puntos considerados en situación de amenaza dentro de la región.

## VI. BIBLIOGRAFÍA

- Arias J, Sánchez L, Martínez P (1995) Low stocking incidence in brown trout populations from northwestern Spain monitored by *LDH-5\** diagnostic marker. *J Fish Biol* 47 (Suppl A): 170-176
- Bouza C, Arias J, Castro J, Sánchez L, Martínez P (1999) Genetic structure of brown trout, *Salmo trutta* L., at the southern limit of the distribution range of the anadromous form. *Mol Ecol* 8: 1991-2001
- Bouza C, Castro J, Sánchez L, Martínez P. (2001) Allozymic evidence of parapatric differentiation of brown trout (*Salmo trutta* L.) within an Atlantic river basin of the Iberian Peninsula. *Mol Ecol* 10: 1455-1469
- Castro J, Rodríguez S, Pardo BG, Sánchez L, Martínez P (2001) Population analysis of an unusual NOR-site polymorphism in brown trout (*Salmo trutta* L. ). *Heredity* 86: 291-302
- Hedrick PW (2005) Genetics of populations. 2<sup>nd</sup> Edition. Jones and Barlett Publishers, Sudbury, MA.
- Konovalov D. A., Manning C. y Hensahw M.T. 2004. Kingroup: a program for pedigree relationship reconstruction and kin group assignments using genetic markers. *Molecular Ecology Notes* 4, 779-782.
- Machordom A, Suárez J, Almodóvar A, Bautista JM (2000) Mitochondrial haplotype variation and phylogeography of Iberian brown trout populations. *Mol Ecol* 9: 1325-1338
- Marshall T. C., Slate J., Kruuk L.E.B. y Pemberton J.M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7, 639-655.
- Martínez P, Arias J, Castro J, Sánchez L (1993) Differential stocking incidente in brownt trout (*Salmo trutta*) populations from Northwestern Spain. *Aquaculture* 114: 203-216
- Martínez P, Bouza C, Castro J, et al, 2004, Memoria de Resultados: Análisis genético mediante marcadores moleculares de la estructura genética e impacto e la repoblación en poblaciones gallegas de trucha común, *Salmo trutta*., 46 pp, Convenio 2002-2004: USC-Consellería de Medio Ambiente, Xunta de Galicia,
- Martínez P, Bouza C, Castro J, Hermida M, Pardo BG, Sánchez L (2007) Analysis of a secondary contact between divergent Atlantic mtDNA lineages of brown trout *Salmo trutta* L. from Duero basin using microsatellites and mtDNA RFLPs. *J Fish Biol* (in press)
- Presa P, Pardo BG, Martínez P, Bernatchez L (2002) Phylogeographic congruence between mtDNA and rDNA ITS markers in brown trout. *Mol Biol Evol* 19: 2161-2175
- Suárez J, Bautista JM, Almodóvar A, Machordom A (2001) Evolution of the mitochondrial control region in Palaearctic brown trout (*Salmo trutta*) populations: the biogeographical role of the Iberian Peninsula. *Heredity* 87: 198-206

## VII. PROPUESTA DE LISTADOS DE CONTROL DE FUNDACIÓN DE LÍNEAS NATIVAS

### CONTROL DE MUESTREO DE REPRODUCTORES

CENTRO ICTIOGÉNICO	LÍNEA	DATOS MUESTREO		MUESTRA			Nº INDIV.	DESOVES		SUELTA AL RÍO	
		POBLACIÓN	FECHA	M	H	TOT	C.I. VERAL	M	H	Nº	FECHA
VERAL	MIÑO ALTO (MA)	LODOSO TORDEA NEIRA									
		TOTAL MA2006									
	CANTÁBRICO (CA)	LANDRO OURO EO MASMA									
		TOTAL CA2006									

M: MACHOS  
H: HEMBRAS

**CONTROL DE FUNDACIÓN LÍNEAS NATIVAS: EJEMPLO FICTICIO DE DESOVES Y REPRODUCTORES IMPLICADOS**  
**REPRODUCTORES**

LÍNEA	DATOS DESOVES			MACHOS	HEMBRAS	HUEVO	EMBRIÓN	ECLOSIÓN	REABSORCIÓN
	POBLACIÓN	DESOVE	FECHA Nº	CÓD. BARRAS (EJEMPLO)	Nº	CÓD. (EJEMPLO)	Nº	Nº	Nº
MIÑO ALTO	LODOSO	MALTO1	2	977200005444671	3	977200005444675			
				977200005454832		977200005454936			
				977200005464874					
		MALTO2							
		MALTO3							
	MALTO4								
	TOT								
	LODOSO								
	TORDEA	MALTO5							
		MALTO6							
TOT									
TORDEA									
TOTAL									
CANTÁBRICO	LANDRO	CA							
		CA2							
		CA3							
		CA4							
		TOTAL							
TOTAL VERAL									

CONTROL DE VIABILIDAD LARVARIA  
EJEMPLO CENTRO ICTIOGÉNICO: VERAL

MIÑO ALTO	DESOVES						
	MA1	MA2	MA3	MA4	MA5	MA6	MEDIA
HUEVO (1)	100	100	100	100	100	100	100
EMBRION (2)	84,5	47,6	53,4	63,2	6,7	25,5	46,8
ECLOSIÓN (3)	78,6	25,6	46	53,7	6,7	12,7	37,2
REABSORCIÓN (4)	75,7	17,7	44,7	25,3	6,7	12,7	30,5

