

ACTAS DEL
XV

CONGRESO NACIONAL Y
I CONGRESO IBÉRICO DE
ACUICULTURA

CASA COLÓN 13/16 OCTUBRE
HUELVA 2015
ACUICULTURA, CULTIVANDO EL FUTURO



ORGANIZAN:



**Sociedad
Española de
Acuicultura**



Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera
CONSEJERÍA DE AGRICULTURA, PESCA Y DESARROLLO RURAL

ACTAS DEL
XV CONGRESO NACIONAL
Y
I CONGRESO IBÉRICO DE ACUICULTURA

"ACUICULTURA, CULTIVANDO EL FUTURO"

Huelva, 13-16 de octubre de 2015

Gastroenteritis por <i>Vibrio parahaemolyticus</i> : problema emergente de salud pública en Chile durante el periodo 2013-2014 <i>J. Quiroga</i>	326
Evaluación del estado zoonosario del berberecho común, <i>Cerastoderma edule</i> (L.) en cultivo suspendido en la Ría de Vigo <i>J.J. Rodríguez et al.</i>	328
Genética y genómica	
<i>Comunicaciones orales</i>	
Apolipoproteína D, múltiples genes con distintas funciones en lenguado (<i>Solea senegalensis</i>) <i>J. Román-Padilla et al.</i>	332
Evidencias de la existencia de un proto-cromosoma sexual en <i>Solea senegalensis</i> <i>Rebordinos, L. et al.</i>	334
Caracterización genética y primeras estimas de heredabilidad para crecimiento en lenguado senegalés <i>M. Manchado et al.</i>	336
Diferencias notables en la expresión génica y la morfología de la piel lesionada entre rodaballo (<i>Scophthalmus maximus</i>) y coruxo (<i>Scophthalmus rhombus</i>) <i>J. Estêvão et al.</i>	338
Evolución de indicadores genéticos y de crecimiento en <i>Sparus aurata</i> , bajo presión de selección en condiciones de cultivo intensivo (PROGENSA) <i>J. M. Afonso et al.</i>	340
Jugando con los genes: de la detección a la evaluación funcional de marcadores SNP en genes candidatos para crecimiento en dorada, <i>Sparus aurata</i> L. <i>C. García et al.</i>	342
Obtención de fitoplancton funcional mediante ingeniería genética <i>R. León et al.</i>	344
<i>Paneles</i>	
Potenciales nuevos marcadores sexuales en peces: clonaje, secuenciación y expresión de genes <i>Brd1</i> y <i>Tert</i> en la lubina, <i>Dicentrarchus labrax</i> <i>M. Ubeda-Manzanaro et al.</i>	346
Identificación de parentales en merluza europea (<i>Merluccius merluccius</i>) mediante análisis de microsatélites <i>J.M. Martínez et al.</i>	348
Uso del ensayo del cometa para evaluar el daño oxidativo inducido por ácido ocaidaico en hemocitos de mejillón <i>M. V. Prego-Faraldo et al.</i>	350
Estudio de variabilidad genética de tres stocks de reproductores de corvina utilizando marcadores microsatélites <i>M. Manchado et al.</i>	352
Genotipado de polimorfismos mediante High Resolution Melting (HRM) en poblaciones naturales de ostras con alto valor comercial, <i>C. angulata</i> y <i>C. gigas</i> , de la costa atlántica europea <i>I. Cross et al.</i>	354
Establecimiento de cultivos celulares en híbridos de esturión <i>Acipenser naccarii</i> x <i>Acipenser baerii</i> <i>F. Robles et al.</i>	356
Estudio de diversidad genética y diferenciación poblacional en la coquina <i>Donax trunculus</i> mediante el marcador mitocondrial 16S <i>J. Fernández-Pérez et al.</i>	358

Detección de QTL para deformidades esqueléticas en dorada (<i>Sparus aurata</i>) <i>R. Ginés et al.</i>	360
Análisis comparativo de la variabilidad genética de dos poblaciones de mejillón (<i>Mytilus galloprovincialis</i>) y su implicación en el cultivo <i>R. de la Herrán et al.</i>	362
Inmunología y proteómica	
<i>Comunicaciones orales</i>	
Efectos de la administración en dieta de la semilla de la alholva (<i>Trigonella foenum graecum</i>) sobre el crecimiento y el estado inmunológico de la dorada (<i>Sparus aurata</i> L.) <i>F.A. Guardiola et al.</i>	366
Alteraciones en las constantes inmunológicas del mucus como indicativas de estrés de cultivo en la trucha (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) <i>S. García-Mesa et al.</i>	368
Vacunas DNA frente a nodavirus. Administración oral y transferencia materna para proteger los estadios larvarios más vulnerables de lubina <i>Y. Valero et al.</i>	370
Estimulación de la respuesta citotóxica en cerebro y gónada de lubina tras una infección con nodavirus <i>Y. Valero et al.</i>	372
<i>Paneles</i>	
Diferencias sexuales en la respuesta inmune innata de la gónada en lubinas <i>E. Chaves-Pozo et al.</i>	374
Variaciones de la bioquímica sanguínea y estado oxidativo e inmunológico del plasma ante el cultivo de alta densidad en trucha y esturión <i>S. García-Mesa et al.</i>	376
Componentes inmunitarios humorales y caracterización físico-química del moco de la piel del lenguado senegalés (<i>Solea senegalensis</i> , Kaup) <i>F.A. Guardiola et al.</i>	378
Inducción de las proteínas Mx por interferón tipo I en células de dorada y de trucha <i>J. Béjar et al.</i>	380
Diversificación	
<i>Comunicaciones orales</i>	
Un meta-análisis sobre el crecimiento de las paralarvas de pulpo común (<i>Octopus vulgaris</i>) alimentadas con diferentes presas vivas <i>D. Garrido et al.</i>	384
Metabolismo lipídico en paralarvas de pulpo común (<i>Octopus vulgaris</i>). Implicaciones en la alimentación de las paralarvas <i>D.B. Reis et al.</i>	386
Predación en paralarvas de <i>Octopus vulgaris</i> : efecto del color del tanque, tipo de luz y tipo de presa <i>J. Estefanell et al.</i>	388
Efecto de la dieta sobre el proteoma de paralarvas de <i>Octopus vulgaris</i> <i>I. Varó et al.</i>	390
Estimación de la edad y determinación del perfil de ácidos grasos en paralarvas salvajes de pulpo común (<i>Octopus vulgaris</i>) <i>D. Garrido et al.</i>	392

Análisis comparativo de la variabilidad genética de dos poblaciones de mejillón (*Mytilus galloprovincialis*) y su implicación en el cultivo

R. de la Herrán¹, F. Robles¹, R. Navajas-Pérez¹, M.J. Molina-Luzón¹, M. López-Sanmartín²,
C. Ruiz-Rejón¹ y J.I. Navas²

¹Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Avda. Fuentenueva s/n, 18071, Granada, E-mail:rherran@ugr.es.

²IFAPA, Centro Agua del Pino, Crta. El Rompido-Punta Umbria, Km 3.8, 21459 Cartaya, Huelva.

Abstract

The main objective of this study was the analysis of the genetic diversity of a broodstock of the mussel *Mytilus galloprovincialis* as well as its progeny, induced by thermal shock in the IFAPA Agua del Pino. In addition, parameters variability detected in the natural seed of a population off the coast of Málaga and placed in facilities of La Atunara (Algeciras) for cultivation in long-line were compared. After a classical method of spawn in hatchery, despite having induced a significant number of individuals (100), only 16% responded to it. When the analyzed natural population and the group of parents, who responded to induction, are compared, a significant allele reduction can be observed (45.75%). By analyzing paternity, we found to several parentals, despite they were sexually mature, which did not contribute to the survivor progeny after the process of larval culture, fixation, and pre-fattening of the seeds in hatcheries. Thus, allelic reduction, between the parents and the progeny, was 6.3%.

Resumen

El objetivo principal del presente trabajo consistió en el análisis de la diversidad genética de un stock de reproductores de mejillón *Mytilus galloprovincialis* así como de su puesta inducida por choques térmicos en las instalaciones IFAPA Agua del Pino. Además, se compararon los parámetros con la variabilidad detectada en semilla natural de una población de la costa de Málaga y colocada en instalaciones de La Atunara (Algeciras) para su cultivo en long-line. Tras un procedimiento clásico de puesta larvaria en criadero, y a pesar de haber inducido un número significativo de reproductores (100), sólo el 16% respondieron a la inducción. Si se comparan la población natural analizada y el grupo de reproductores que respondió a la inducción a la puesta, se observa una significativa reducción alélica de hasta el 45,75%. Mediante el análisis de paternidad, se comprobó que hubo parentales que, a pesar de estar maduros sexualmente, no contribuyeron a la progenie superviviente tras el proceso de cultivo larvario, fijación, obtención y preengorde de semilla en criadero. De este modo, la reducción alélica entre parentales y progenie fue del 6,3%.

Justificación

En la puesta a punto del cultivo de mejillón en criadero, uno de los factores a tener en cuenta es el establecimiento de los stocks de reproductores. El análisis de la variabilidad genética de estos ejemplares, así como los estudios de paternidad, nos proporcionan una herramienta muy útil a la hora de seleccionar los reproductores y conocer el número de ellos que se han de utilizar para la obtención de las puestas y no sufrir procesos de endogamia que reduzcan significativamente la viabilidad de los cultivos.

Material y métodos

Las muestras de mejillón (*M. galloprovincialis*) analizadas fueron obtenidas de tres poblaciones: 1) 51 procedentes de semilla natural (referencia 1702) de la costa de Málaga recogida en verano de 2010 y colocada en instalaciones para su cultivo en long-line en La Atunara (Algeciras); 2) 32 ejemplares procedentes de semilla de criadero (referencia 1705) obtenida en las instalaciones de cultivo del Centro IFAPA Agua del Pino a partir de 3) 16 parentales (referencia 1693) (7 machos y 9 hembras que participaron en la puesta de un total de 100 ejemplares inducidos por choque térmico) procedentes de semilla gallega cultivados en batea en las instalaciones de La Atunara.

El ADN genómico fue extraído siguiendo el protocolo de fenol-cloroformo (Sambrock y Russell 1989). Se han analizado 6 marcadores de microsatélites descritos por Pardo *et al.*, en 2010 y diseñados para el mejillón mediterráneo *M. galloprovincialis*. Los fragmentos amplificados fueron detectados en un secuenciador ABI 3100 Avant (Applied Biosystems) y el tamaño de los alelos fue estimado usando el programa GenMapper (Applied Biosystems). El análisis de la variabilidad genética de estas poblaciones así como el análisis de asignación de paternidad se realizó mediante el software CERVUS 3.0 (Kalinowski *et al.*, 2006).

Resultados y discusión

Frecuencia y distribución alélica: Tras el genotipado de las muestras, se calcularon varios parámetros para las diferentes poblaciones como: el número de alelos, la heterocigosis observada, la heterocigosis esperada, el grado de polimorfismo, la significación del test de ajuste al equilibrio Hardy-Weinberg y la frecuencia de alelos nulos. Tras el análisis de los marcadores, sólo el microsatélite Mg-USC9 mostraba desequilibrio de ligamiento H-W en la población natural. Esta población de Málaga presentó un número medio de alelos de 9,83, una heterocigosis media observada de 0,500 y esperada de 0,682. El grado de polimorfismo fue de 0,644. Con respecto a los parentales gallegos, el número medio de alelos fue significativamente menor, 5,33. Tienen una heterocigosis media observada de 0,597 y esperada de 0,672. El grado de polimorfismo es de 0,607. Por último, la progenie obtenida de los 16 parentales tiene un número medio de alelos por microsatélite de 5. Una heterocigosis media observada del 0,562 y esperada de 0,617. El grado de polimorfismo que presentó fue de 0,559. Por norma general, para casi todos los microsatélites los alelos compartidos entre las dos poblaciones (de Málaga y de Galicia) son los

que se encuentran en una proporción mayor, siendo sus frecuencias similares en ambas poblaciones. Adicionalmente, existen alelos con frecuencia menores (<10%) exclusivos para cada población.

Análisis comparativo: Los datos anteriores nos permitieron realizar un análisis comparativo de la variabilidad entre la población procedente de semilla natural y los parentales gallegos. Como ya se ha mencionado anteriormente, la heterocigosidad media observada en la población natural es de 0,500 muy similar al 0,597 obtenido en los parentales gallegos que intervinieron en la puesta. Igual ocurre en la heterocigosidad media esperada de la población natural con 0,682 y los parentales gallegos con un 0,607, no existiendo diferencias significativas entre ellas. Sin embargo, en el análisis del número de alelos, hemos observado diferencias entre muestras, presentando la población natural un total de 59 alelos mientras que los parentales gallegos 32. Así, la población natural, para todos los microsatélites, presenta un número de alelos mayor con respecto a los parentales gallegos que intervinieron en la puesta. Cabe destacar al microsatélite MgUSC-20 con una reducción de 6 alelos y Mg-USC2 y MT-203 con una reducción de 5 alelos. En total hay una reducción alélica de hasta el 45,75 % desde la población natural a la población que intervino como reproductora tras la inducción a la puesta. Esta reducción puede ser, en parte, debida al bajo número de ejemplares que respondieron a la inducción (un total de 16 de 100 estimulados). Sin embargo, también puede ser debida en parte a diferencias en la composición genética entre poblaciones y a procesos de reducción de variabilidad en las poblaciones cultivadas.

Asignación de paternidad: Se ha asignado la paternidad en la progenie de 32 ejemplares procedentes de semilla de criadero obtenida en las instalaciones de cultivo del Centro IFAPA Agua del Pino a partir de los parentales gallegos cultivados en La Atunara (7 machos y 9 hembras que participaron en la puesta de un total de 100 ejemplares inducidos por choque térmico). Tras el análisis merece destacar que de los 7 machos mantenidos como reproductores, dos de ellos no intervinieron en la generación de la progenie analizada, aportando solo dos machos casi el 60% de los gametos para la siguiente generación. De las 9 hembras usadas como reproductoras, tres de ellas no intervienen en la progenie analizada, aportando las hembras 42 y 48 casi el 44%, que, junto a otras dos hembras, intervienen en un 81% en la siguiente generación. A pesar de ello y, aunque como se ha comentado con anterioridad, de 16 progenitores solo 8 son los que intervienen con una frecuencia alta en la siguiente progenie, la reducción en el número de alelos de los progenitores a las descendientes, es de solo el 6,3% en el caso de la progenie analizada. Estos primeros resultados aconsejan que, para la producción de semilla en criadero, es necesario disponer de reproductores procedentes de bancos naturales y aumentar significativamente el número de reproductores inducidos para asegurar una mayor participación de éstos en la progenie cultivada.

Bibliografía

- Kalinowski, S.T., M.L. Taper y T.C. Marshall. 2006. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 6: 974-979.
- Pardo, B.G., M.Vera, A. Pino-Querido, J.A. Alvarez-Dios y P. Martínez. 2011. Development of microsatellite loci in the Mediterranean mussel, *Mytilus galloprovincialis*. *Molecular Ecology Resources* (doi: 10.1111/j.1755-0998.2011.03004.x).
- Sambrook, J. y D.W. Russel. 1989. *Molecular cloning. A laboratory manual*. 1th Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York

Agradecimientos

Este trabajo se ha realizado con fondos procedentes del proyecto "Viabilidad del cultivo de mejillón (*Mytilus galloprovincialis*) a partir de semilla producida en criadero", de la Consejería de Economía, Innovación, Ciencia y empleo de la Junta de Andalucía, cofinanciado con FEDER. Montserrat López Sanmartín es beneficiaria de una beca del Programa de Formación del Personal Técnico e Investigador del IFAPA, cofinanciado con el Programa Operativo del Fondo Social Europeo 2007-2013 de Andalucía.



ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE DOS POBLACIONES DE MEJILLÓN (*Mytilus galloprovincialis*) Y SU IMPLICACIÓN EN EL CULTIVO



De la Herrán R⁽¹⁾; Robles F⁽¹⁾; Navajas-Pérez R⁽¹⁾; Molina-Luzón MJ⁽¹⁾; Ruiz-Rejón C⁽¹⁾; López-Sanmartín M⁽²⁾; Navas JI⁽²⁾

⁽¹⁾Departamento de Genética. Facultad de Ciencias. Universidad de Granada. Avda. Fuentenueva s/n, 18071, Granada.

⁽²⁾IFAPA Centro Agua del Pino, Crta. El Rompido-Punta Umbría km 3.4 21459, Cartaya, Huelva.

Justificación

En la puesta a punto del cultivo de mejillón en criadero, uno de los factores a tener en cuenta es el establecimiento de los stocks de reproductores. El análisis de la variabilidad genética de estos ejemplares, así como los estudios de paternidad, nos proporcionan una herramienta muy útil a la hora de seleccionar los reproductores y conocer el número de ellos que se han de utilizar para la obtención de las puestas y no sufrir procesos de endogamia que reduzcan significativamente la viabilidad de los cultivos.



Material y métodos

Las muestras de mejillón (*M. galloprovincialis*) analizadas fueron obtenidas de tres poblaciones: 1) 51 procedentes de semilla natural de la costa de Málaga recogida en verano de 2010 y colocada en instalaciones para su cultivo en long-line en La Atunara (Algeciras); 2) 32 ejemplares de semilla de 108 días obtenida en las instalaciones de cultivo del Centro IFAPA Agua del Pino (Figura 1) a partir de 3) 16 parentales (7 machos y 9 hembras) que participaron en la puesta de un total de 100 ejemplares inducidos por choque térmico (Figura 2) procedentes de semilla gallega cultivadas en batea en las instalaciones de La Atunara.

El ADN genómico fue extraído siguiendo el protocolo de fenol-cloroformo (Sambrook y Russell 1989). Se han analizado 6 marcadores de microsatélites descritos por Pardo et al., en 2010 y diseñados para el mejillón mediterráneo *M. galloprovincialis*. Los fragmentos amplificados fueron detectados en un secuenciador ABI 3100 Avant (Applied Biosystems) y el tamaño de los alelos fue estimado usando el programa GenMapper (Applied Biosystems). El análisis de la variabilidad genética de estas poblaciones así como el análisis de asignación de paternidad se realizó mediante el software CERVUS 3.0 (Kalinowski et al., 2006).

Figura 1. Instalaciones de cultivo del Centro IFAPA Agua del Pino, donde se ha llevado a cabo este análisis

Resultados y Discusión

Frecuencia y distribución alélica: Tras el genotipado de las muestras, se calcularon para las diferentes poblaciones: el número de alelos, la heterocigosis observada, la heterocigosis esperada, el grado de polimorfismo, la significación del test de ajuste al equilibrio Hardy-Weinberg y la frecuencia de alelos nulos. Tras el análisis de los marcadores, sólo el microsatélite Mg-USC9 mostraba desequilibrio de ligamiento H-W en la población natural. Esto puede ser debido, fundamentalmente, a la presencia de alelos nulos, cuya probabilidad para este microsatélite fue de 0,456. Esta población natural de Málaga presentó un número medio de alelos por locus de 9,83, una heterocigosis media observada de 0,500 y esperada de 0,682. El grado de polimorfismo fue de 0,644. Con respecto a los parentales gallegos, el número medio de alelos fue significativamente menor, 5,33. Tienen una heterocigosis media observada de 0,597 y esperada de 0,672. El grado de polimorfismo es de 0,607. Por último, la progenie obtenida de los 16 parentales tiene un número medio de alelos por microsatélite de 5. Una heterocigosis media observada del 0,562 y esperada de 0,617. El grado de polimorfismo que presento fue de 0,559. Por norma general, para casi todos los microsatélites, los alelos compartidos entre las dos poblaciones (de Málaga y de Galicia) son los que se encuentran en una proporción mayor, siendo sus frecuencias similares en ambas poblaciones (Figura 3). Adicionalmente, existen alelos con frecuencia menores (<10%) exclusivos para cada población. Cabe destacar el microsatélite Mg-USC22 ya que el alelo más frecuente (382) es compartido en ambas poblaciones, pero existen alelos exclusivos en cada una de ellas (378 para la población de Málaga y 380 para la gallega), y ambos con un porcentaje muy alto (40%).

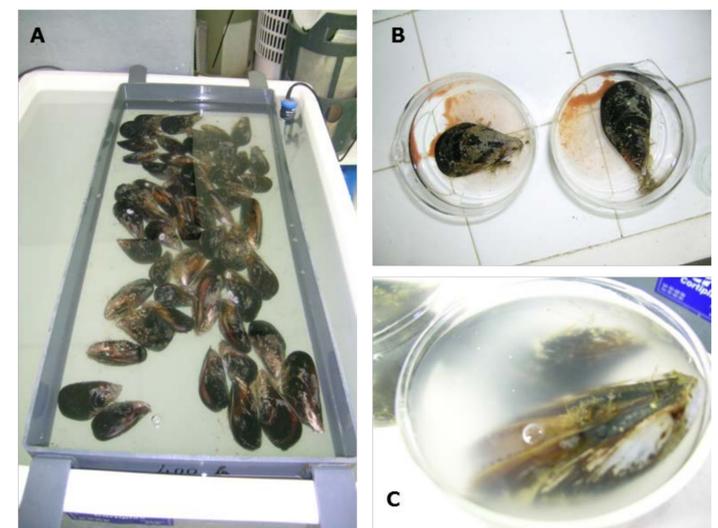


Figura 2: Inducción a la puesta: A) Reproductores en el tanque de puesta. B) Hembras en puesta. C) Machos en puesta

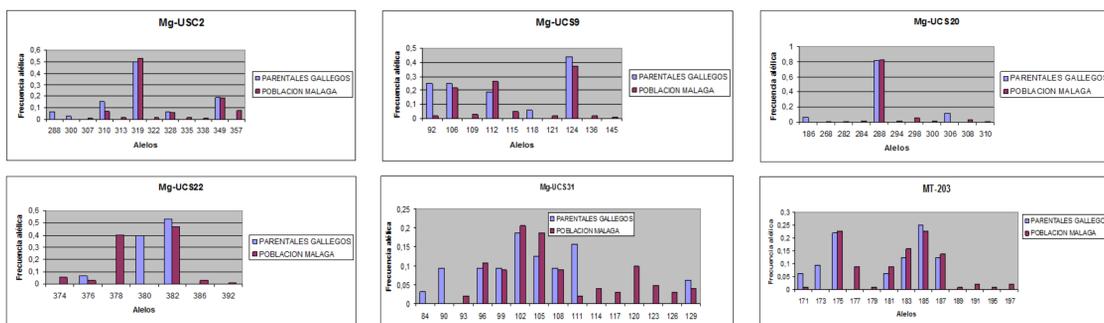


Figura 3: Gráficas correspondientes a la distribución de los alelos en las poblaciones analizadas de los microsatélites utilizados en este estudio (Pardo et al., 2011).

Locus	Nº alelos		Rango alélico		Ho		HExp		PIC		F(Null)	
	Natural	Gallega	Natural	Gallega	Natural	Gallega	Natural	Gallega	Natural	Gallega	Natural	Gallega
Mg-USC2	10	5	307-357	288-349	0.451	0.733	0.676	0.664	0.640	0.598	+0.1837	-0.0909
Mg-USC9	9	5	92-145	92-124	0.275	0.467	0.747	0.720	0.699	0.645	+0.4564	+0.1863
Mg-USC20	9	3	268-310	186-306	0.333	0.250	0.319	0.331	0.308	0.294	-0.0350	+0.1068
Mg-USC22	6	3	374-392	376-382	0.608	0.533	0.618	0.570	0.536	0.456	+0.0062	+0.0256
Mg-USC31	13	9	93-129	84-129	0.647	0.867	0.887	0.899	0.867	0.855	+0.1521	-0.0047
MT-203	12	7	171-197	171-187	0.686	0.733	0.846	0.848	0.818	0.796	+0.1000	+0.0530

Tabla 1: Datos comparativos de parámetros de variabilidad entre población natural y gallega

Asignación de paternidad: Mediante el programa Cervus, se ha asignado la paternidad de la progenie de 32 ejemplares procedentes de semilla de criadero obtenida a partir de los parentales gallegos (7 machos y 9 hembras que participaron en la puesta de un total de 100 ejemplares inducidos por choque térmico). Tras el análisis, merece destacar que de los 7 machos que expulsaron espermatozoides, dos de ellos no están presentes en la progenie analizada, aportando sólo dos machos (37 y 38) casi el 60% de los gametos para la siguiente generación. De las 9 hembras que expulsaron ovocitos, tres de ellas no intervienen en la progenie analizada, aportando 2 de las seis restantes casi el 44%, que junto a otras dos hembras alcanzan al 81% de la siguiente generación. A pesar de que, de 16 progenitores, sólo 8 son los que intervienen con una frecuencia alta en la siguiente progenie, la reducción en el número de alelos desde los progenitores a los descendientes resultó sólo el 6,3%, en el caso analizado.

Estos primeros resultados indican que no todos los individuos expulsan gametos que producen progenies viables a largo plazo y aconsejan, para la producción de semilla en criadero, disponer de un número significativo de reproductores procedentes de bancos naturales que asegure una mayor participación de ejemplares en la descendencia.

Análisis comparativo: Los datos anteriores permitieron realizar un análisis comparativo de la variabilidad entre la población procedente de semilla natural y los parentales gallegos (Tabla 1). Como ya se ha mencionado anteriormente, la heterocigosis media observada en la población natural es de 0,500 muy similar al 0,597 obtenido en los parentales gallegos que intervinieron en la puesta. Igual ocurre en la heterocigosis media esperada de la población natural con 0,682 y los parentales gallegos con un 0,607, no existiendo diferencias significativas entre ellas. Sin embargo, en el análisis del número de alelos, hemos observado diferencias entre muestras, presentando la población natural un total de 59 alelos mientras que los parentales gallegos 32 (Tabla 2). Así, la población natural de Málaga, para todos los microsatélites, presenta un número de alelos mayor con respecto a los ejemplares gallegos que intervinieron en la puesta. Cabe destacar el microsatélite MgUSC-20 con una reducción de 6 alelos y los microsatélites Mg-USC2 y MT-203 ambos con una reducción de 5 alelos en los parentales gallegos. Los reproductores que respondieron a la inducción a la puesta muestran ya una reducción alélica del 45,75 % si se comparan con la población natural presente en la zona. Esta reducción puede ser, en parte, debida al bajo número de ejemplares que respondieron a la inducción (un total de 16 de 100 estimulados). Sin embargo, también podría deberse a diferencias en la composición genética entre poblaciones y a procesos de reducción de variabilidad en las poblaciones cultivadas.

Referencia	Mg-USC2	Mg-USC9	Mg-USC20	Mg-USC22	Mg-USC31	MT-203	Totales
Semilla Natural	10	9	9	6	13	12	59
Parentales gallegos	5	5	3	3	9	7	32
Dif. nº alelos	-5	-4	-6	-3	-4	-5	-27

Tabla 2: Datos de aportación y reducción alélica

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado gracias al proyecto "Viabilidad del cultivo de mejillón (*Mytilus galloprovincialis*) a partir de semilla producida en criadero", de la Consejería de Economía, Innovación, Ciencia y Empleo de la Junta de Andalucía. Monserrat López Sanmartín es beneficiaria del Programa de Formación del Personal Técnico e Investigador del IFAPA financiado con fondos FEDER de la UE.