

FISHGENOME. Improving cost-efficiency of fisheries research surveys and fish stocks assessments using next-generation genetic sequencing methods (2019-2021)

Entidad financiadora: Unión Europea - EASME. Ref. EASME/EMFF/2018/015

Financiación total del proyecto: 17.000,00 €

Financiación obtenida por el IEO: 17.000,00 €

Coordinador: IIM-CSIC

Investigadora principal del IEO: [Beatriz Guijarro](#) (Centro Oceanográfico de Baleares - IEO)

Duración del proyecto: 01/02/2019 a 31/12/2021

{rokbox title=|Proyecto FISHGENOME :: Image: |
thumb=|images/stories/ieo/gruposinvestigacion/ecoredem/fishgenome/centro-oceanografico-baleares-ieo-fishgenome-1-thumb.jpg|}images/stories/ieo/gruposinvestigacion/ecoredem/fishgenome/centro-oceanografico-baleares-ieo-fishgenome-1.jpg{/rokbox}

Resumen: El estado de los stocks de peces se debe evaluar para asegurar que las prácticas pesqueras exploten los stocks a niveles sostenibles. Estas evaluaciones se basan en datos muy variados incluyendo datos de captura, el seguimiento de los desembarcos, observadores a bordo y campañas de evaluación de las que se obtiene información independiente de la pesquería. Estas campañas implican un elevado coste económico así como una logística compleja, lo que implica que los datos obtenidos sean puntuales en el espacio y el tiempo y se requiera mucho tiempo para tratar y analizar los datos recogidos. Además, los métodos tradicionales presentan algunas limitaciones, como los desajustes entre los límites de una

población biológica y las correspondientes unidades de gestión, la falta de precisión en estimar la abundancia de peces y otros parámetros clave para gestión de las poblaciones, debido a la escasez de datos. Por ejemplo, la estructura por sexos de los individuos más jóvenes no se puede obtener utilizando métodos tradicionales, la determinación de la edad también presenta problemas o incluso la falta de información sobre conectividad. La incertidumbre en estos parámetros afecta drásticamente a los resultados de los modelos de evaluación y el subsecuente asesoramiento científico sobre el estado de los stocks y ecosistemas explotados.

Las metodologías de nueva generación de secuenciado de DNA (HTS) proporcionan la posibilidad de resolver algunos de estos retos y complementar los métodos tradicionales de evaluación. Algunos métodos recientemente desarrollados pueden ofrecer información adecuada para mejorar el coste-eficiencia respecto a métodos tradicionales, así como aumentar la precisión de las evaluaciones de stocks. Así, el objetivo global de FishGenome es evaluar la conveniencia de utilizar varias técnicas genómicas HTS innovadoras: Close Kin Mark Recapture (CKMR), Epigenetic Age Determination by DNA methylation (DNAm), environmental DNA (eDNA), Restriction site Associated DNA Sequencing (RAD-Seq) and genotyping para estimar parámetros esenciales en la evaluación de stocks pesqueros, incluyendo abundancia absoluta, crecimiento y biomasa, entre otros parámetros importantes, límites de stocks y conectividad, estructura poblacional a pequeña escala, o sexado molecular, lo que podría mejorar drásticamente la evaluación de stocks y la gestión pesquera aunque actualmente no se considera debido a la complejidad de obtener información.

FishGenome planea utilizar tres especies comercialmente importantes, con un amplio rango de estrategias reproductivas, cubriendo diferentes stocks:

- Bacalao (*Gadus morhua*) del Mar del Norte
- Merluza (*Merluccius merluccius*) del Mar del Norte, stock norte
- Merluza (*M. merluccius*) del NO España, stock sur
- Merluza (*M. merluccius*) de las Islas Baleares (GFCM Subárea Geográfica 5)
- Maragota (*Labrus bergylta*) del NO España.

Las técnicas anteriormente citadas se usarán:

- Close-Kin Mark-Recapture (CKMR): en los stocks 1), 2) y 4)
- Epigenetic age determination by DNA methylation (DNAm): en los stocks 1), 4) y 5)
- Environmental DNA (eDNA): en muestras del Mar del Norte y del Mediterráneo
- Estructura del stock y conectividad: en el stock 3)
- Subestructura del stock: en los stocks 3) y 4)

- Determinación del sexo: en el stock 3)

FishGenome combinará una revisión extensa y sistemática de la literatura y conocimiento relevante con estudios pilotos que probarán las herramientas. Las conclusiones de estas actividades permitirán la evaluación de los costes y beneficios potenciales y el análisis integrado de todos los factores que podrían obstaculizar o permitir la implementación de técnicas DNA-HTS en la evaluación pesquera. Estos análisis permitirán idear y producir un plan de trabajo real con pautas para una introducción progresiva de las herramientas moleculares en las evaluaciones regulares, y planear el futuro de la evaluación de stocks y aprovechar las ventajas de la evolución de dichas técnicas.

Palabras clave: campañas de arrastre, datos en ADN, demersales, evaluación de stocks, evaluación pesquera, genética, *Merluccius merluccius*

{rokbox title=|FISHGENOME Project :: Image: |
thumb=|images/stories/ieo/gruposinvestigacion/ecoredem/fishgenome/centro-oceanografico-baleares-ieo-fishgenome-2-thumb.jpg|images/stories/ieo/gruposinvestigacion/ecoredem/fishgenome/centro-oceanografico-baleares-ieo-fishgenome-2.jpg{/rokbox}

Abstract: The status of marine fish stocks needs to be assessed to ensure fishing practices exploit the stocks at sustainable levels. This assessment is based on multiple data types that include catch data, monitoring of fishery landings, biological observers and research trawl surveys which provide critical fishery-independent information. These include a high economic cost coupled with complex logistics, very sparse data in space and time as a direct consequence and a long-time required for treating and analysing the collected data. Aside from this, traditional methods have some limitations, such as mismatches between the range of a biological population and corresponding management unit/s, lack of accuracy in estimating fish abundance and other key parameters for population management, due to the scarce data. For instance, the sex structure of the younger juveniles cannot be assigned using traditional methods, age determination also faces problems or even the lack of knowledge about connectivity. Uncertainty in these parameters affect drastically the stock assessment results and the subsequent scientific advice on the status of the harvested stocks and ecosystems.

Next-generation DNA high throughput sequencing (HTS) methodologies provide now the possibility to resolve some of these challenges and complement traditional methods to assist fisheries assessment. Some recently developed methods could offer useful inputs to improve cost-efficiency with respect to traditional methods as well as increase the promptness and accuracy of fish stocks' assessments. Thus, the overall purpose of FishGenome is to evaluate the suitability of several novel HTS genomic techniques: Close Kin Mark Recapture (CKMR), Epigenetic Age Determination by DNA methylation (DNAm), environmental DNA (eDNA),

Restriction site Associated DNA Sequencing (RAD-Seq) and genotyping to estimate essential parameters for fisheries stock assessments including absolute abundance, growth and biomass, among other important parameters - stock boundaries and connectivity, fine-scale population structure, or molecular sexing - which could drastically improve stock assessment and fisheries management but currently are not considered due to the complexity of obtaining data.

FishGenome plans to use three commercially important marine species, with a wide spectrum of reproductive strategies, covering different stocks:

- North Sea cod (*Gadus morhua*)
- North Sea hake (*Merluccius merluccius*, Northern stock)
- NW Spain hake (*M. merluccius*, Southern stock)
- Balearic Island hake (*M. merluccius*, GFCM Geographical Sub Area GSA-5)
- NW Spain Ballan wrasse (*Labrus bergylta*)

The techniques described above will be tested:

- Close-Kin Mark-Recapture (CKMR): on stocks 1) and 2) and 4)
- Epigenetic age determination by DNA methylation (DNAm): on stocks 1) and 4) and 5)
- Environmental DNA (eDNA): on samples from the North Sea and the Mediterranean
- Stock structure and connectivity: on stock 3)
- Stock sub-structure: on stocks 3) and 4)
- Determining the sex: on stock 3)

FishGenome will combine a comprehensive and systematic review of literature and relevant knowledge, with pilot studies that will test the tools in practice. The outcomes from these activities will enable the assessment of costs and potential benefits and the integrated analysis of all the factors hampering or enabling the implementation of DNA-HTS tools in fisheries assessments. Such analysis allows the partnership to devise and produce a realistic roadmap and guidelines for the progressive introduction of the molecular tools in regular assessments, and to plan the future of stock assessments accordingly and to harness the advantages from the expected evolution of such techniques.

Key words: trawling surveys, DNA data, demersal, stock assessment, fishery assessment, genetics, *Merluccius merluccius*

Instituciones participantes

- Instituto de Investigaciones Marinas - CSIC
- Instituto Español de Oceanografía - Centro Oceanográfico de Baleares
- *Universitat de les Illes Balears* (UIB)
- Centro Tecnológico del Mar (CETMAR)

Investigadores participantes del Instituto Español de Oceanografía:

- Beatriz Guijarro González (C.O. de Baleares-IEO)
- Enric Massutí Sureda (C.O. de Baleares-IEO)
- Sergio Ramírez Amaro (C.O. de Baleares-IEO)