

# OBJETIVO 2.3

Estudiar la genética de peces y moluscos: identificar secuencias y SNPs asociadas a caracteres productivos, y preservar los recursos genéticos de líneas seleccionadas.

## Conexión con las líneas de actuación del plan nacional

**Líneas de actuación A2:** Acuicultura sostenible, inteligente y de precisión

**Actuación A2.14:** Estudios de genética de poblaciones de peces y moluscos, junto con el uso de técnicas de selección genética asistida, desarrollo de chips de SNPs multiespecie, genómica funcional, proteómica, y metagenómica para promover:

- I. La gestión sostenible de poblaciones naturales y en cultivo de peces, crustáceos y moluscos
- II. La selección de líneas o razas resistentes a factores de estrés ambiental y patógenos recurrentes y/o emergentes, o más eficaces en la eliminación de biotoxinas
- III. La trazabilidad a lo largo de toda la cadena de alimentaria
- IV. La conservación de la biodiversidad y variabilidad genética.

## Descripción de tareas

Tarea 2.3.1 (M1-M36). Identificación de SNPs asociados a caracteres productivos. Evaluación de la relación crecimiento-maduración en lubina. Análisis de asociación genética de SNPs a la maduración y crecimiento. Evaluación de panel SNP como método de diagnóstico molecular y su potencial aplicación multiespecie.

Participantes: CSIC2.

Tarea 2.3.2 (M1-M36). Identificación de ejemplares cuyo esperma demuestre una especial resiliencia a los cambios de temperatura y de pH, y criopreservación de sus recursos genéticos. Puesta a punto de protocolos de congelación de esperma para 5 especies de peces objeto de estudio (anguila europea, atún rojo, dorada, lubina y lenguado). Se congelarán muestras de esperma (creación de un criobanco) de aquellos ejemplares más resistentes a temperaturas altas y/o valores de pH bajos. Se realizarán experimentos específicos para el análisis periódico de la supervivencia espermática a largo plazo (meses, años) para garantizar la viabilidad de los recursos genéticos criopreservados.

Participantes: UPV4, CSIC2, ICRA-IEO (Murcia).

Tarea 2.3.3 (M1-M24) – Genómica de chirla y tellina – Obtención de secuencias del genoma de la chirla y la tellina mediante secuenciación masiva para obtener un genoma y un transcriptoma de referencia, y aplicación a un estudio de la expresión génica asociada a las diferencias de supervivencia y crecimiento en cautividad.

Participantes: UPV10.

Tarea 2.3.4. (M1-M36) – Polimorfismos de DNA y QTL de chirla y tellina – Detección de SNPs a partir de las secuencias de la tarea 2.12, elaboración de mapas de ligamiento y estudio de familias para detección de QTLs de crecimiento y supervivencia.

Participantes: UPV10.