
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

Resultado: Partiendo de un análisis transcriptómico, se buscaron polimorfismos asociados a la maduración gonadal de machos de lubina de 1 año, comparando testículos inmaduros y precoces, y se identificaron 1603 SNPs potenciales asociados con el carácter. Se han seleccionado un total de 42 SNPs en base a su nivel de significación y los análisis de asociación se están llevando a cabo mediante el genotipado de SNPs usando la plataforma MassArray (Sequenom). 380 individuos (285 inmaduros, 95 precoces) procedentes de 5 cohortes se han analizado para este panel de 42 SNPs. Se han genotipado y analizado mediante el programa Genepop. De momento se han observado 10 posibles SNPs candidatos que muestran una asociación potencial al carácter de la maduración. Su validez está siendo analizada en las cohortes de referencia establecidas, pero no se descarta su corroboración en otras cohortes de lubina y/o poder aumentar el número de SNPs asociados a dicho carácter.

Grado de consecución: 45%

Impacto: Consideraciones para el sector acuícola, programas de mejora: a) Identificación de 10 posibles SNPs asociados a la maduración en la lubina.

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: CSIC2, UPV4. Colaboración ICRA-IEO (Murcia) & CSIC1

Resultado: Se han revisado/optimizado los protocolos de congelación de esperma de las 5 especies de peces objeto de estudio. Para ello se han evaluado diferentes diluyentes, y varias concentraciones de crioprotectores. También se ha evaluado el grado de disminución a lo largo del tiempo de la calidad de esperma descongelado de anguila, dorada, lubina y lenguado, determinando el tiempo en que puede ser utilizado en cada especie sin pérdida importante de calidad.

Se comprobó la utilidad de cápsulas biodegradables, como recipientes alternativos a las pajuelas de plástico que se usan habitualmente, para congelar esperma de anguila, dorada y lubina congelado en de gelatina o hipromelosa. La creación de un criobanco de muestras de esperma resilientes a altas temperaturas y bajo pH se iniciará en la época reproductiva de cada especie a lo largo de 2024-2025, utilizando los protocolos puestos a punto.

Grado de consecución: 75%

Impacto: Se han realizado 5 comunicaciones en congresos. Los resultados se han incorporado al contenido de las clases de la asignatura Reproducción impartidas en el Máster en Acuicultura (UPV, UV, IATS-CSIC).

Tarea 2.3.3 (M12-M36) - 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

Resultado: 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.

Grado de consecución: 15%

Impacto: Al no tener resultados no podemos hablar de impacto.

Tarea 2.3.4 (M12-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

Resultado: Se ha comenzado a determinar la variabilidad genética de la progenie de chirla obtenida este verano, en comparación con la de las poblaciones naturales de las que proceden los reproductores, utilizando microsatélites y SNPs.

Grado de consecución: 10%

Impacto: Al no tener resultados todavía no podemos hablar de impacto.