
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-M48) - 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: El control del crecimiento y la maduración sexual son dos caracteres productivos de gran relevancia para la industria acuícola. El objetivo de este estudio es identificar SNPs (polimorfismos de nucleótido único) asociados a dichos caracteres en la lubina, con el fin de, posteriormente, localizar y caracterizar las regiones cromosómicas implicadas en su control, así como disponer de marcadores moleculares útiles en programas de mejora y selección genética de la especie. A partir de un análisis transcriptómico gonadal en machos de lubina de un año de edad y de hembras de dos años se han comparado testículos y ovarios inmaduros y precoces. La búsqueda de polimorfismos asociados a la maduración permitió identificar inicialmente más de 1.600 SNPs potenciales. De acuerdo a los valores estadísticos de significación se seleccionaron un total de 50 SNPs con los que se han llevado a cabo análisis de asociación en ambos sexos en más de 6 lotes (cohortes) de ejemplares de lubina (aprox. 700 animales) de diferente origen mediante evaluación del genotipado mediante MassArray. Los análisis de genotipado se llevaron a cabo con el programa Genepop. Se han identificado 20 SNPs candidatos con una capacidad de asignación al carácter de aproximadamente 80%. La validación de estos marcadores se está llevando a cabo en las cohortes de referencia y se está evaluando su fiabilidad para la detección del carácter en ambos sexos.

Grado de consecución: 100%

Impacto: Se dispone de 20 SNPs de lubina candidatos con una capacidad de asignación al carácter (maduración) de aproximadamente 80%.

Tarea 2.3.2 (M1-M38)- 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 anguila, dorada, lubina y lenguado. En lubina, se han probado diferentes concentraciones de crioprotectores y se ha comprobado el efecto de la dilución del esperma descongelado en diluyente NAM a 4 °C. El DMSO ha proporcionado los mejores resultados y la dilución en NAM resultó en mejor calidad del esperma.

Se evaluó la calidad del esperma descongelado mantenido a 4 °C, con y sin dilución, de las otras tres especies. La dilución del esperma de anguila en P1 y del de dorada en NAM (pH 7 y 7.7) conservaron la calidad hasta 48 h tras la descongelación. En lenguado, la dilución en Ringer extendió la viabilidad hasta 8 h. Se comprobó que las cápsulas biodegradables de gelatina o hipromelosa son una alternativa viable a las pajuelas de plástico para la criopreservación de esperma de anguila, dorada y lubina, ya que mantienen la calidad espermática de forma equivalente. En la última serie de experimentos, usando el challenge test que evalúa el efecto combinado de pH y de temperatura, se identificaron ejemplares de anguila, dorada, lubina y lenguado que produjeron muestras de esperma resilientes a los cambios de estos parámetros. También, se creó un criobanco de muestras de esperma resilientes a altas temperaturas y bajo pH. Fueron criopreservadas 15 pajuelas de anguila, 80 de dorada, 30 de lubina y 7 de lenguado.

Grado de consecución: 100%

Impacto: En cada especie se ha determinado cuál de los challenge tests (tarea 2.1.3) resulta más adecuado para identificar machos resilientes a los cambios de pH y temperatura. Estas herramientas se han utilizado para seleccionar los machos resilientes, y se ha creado un criobanco de muestras seleccionadas. Se han publicado 2 artículos y hay alguno más en preparación.

Tarea 2.3.3 (M1-M45) - Genómica de la chirla y la 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 expresión génica asociado a las diferencias de supervivencia y crecimiento en cautividad.

Participantes: UPV10

Resultado: Durante 2025 se finalizó el ensamblaje y la anotación del genoma de la chirla. El ensamblaje del genoma de la chirla y la correspondiente anotación ha sido realizado en colaboración con el proyecto RECLAM de la Convocatoria ThinkinAzul Andalucía. Los datos genómicos están disponibles para su uso en estudios comparativos y funcionales. Los análisis transcriptómicos asociados a la respuesta al estrés térmico han concluido, con resultados listos para publicación.

Grado de consecución: 100%

Impacto: El hecho de tener disponibles el genoma de la chirla y la tellina es uno de los principales hitos de la tarea y abre un abanico de posibilidades de estudios para el aprovechamiento de ambas especies en el futuro. Se prepararán varias publicaciones conjuntamente con integrantes del proyecto “An integrated multidisciplinary approach to understand bivalve fisheries collapse and recovery” del Plan Complementario I+D+I de Ciencias marinas de Andalucía.

Tarea 2.3.4 (M1-M48) - 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 concluido el genotipado de las progenies obtenidas durante los años del proyecto, así como de muestras naturales. En las progenies se ha estudiado su estructura familiar (tests de paternidad) usando microsatélites. Se ha iniciado la construcción del mapa de ligamiento a partir del genoma ensamblado para la especie. Los análisis permitirán la identificación de regiones genómicas (QTLs) asociadas a caracteres de crecimiento y supervivencia. Se prevé completar la interpretación y redacción de los resultados durante 2026.

Grado de consecución: 95%

Impacto: Permitirá elaboración de mapas de ligamiento y estudio de familias para detección de QTLs de crecimiento y supervivencia frente a estresores como la temperatura y las olas de calor en el Mediterráneo. Se tiene prevista una publicación.