

## Consolidación del mapa genético de rodaballo: identificación de QTL y genes candidatos relacionados con caracteres productivos

**AUTORES:** Martínez P<sup>1</sup>; Bouza C<sup>1</sup>; Pardo BG<sup>1</sup>; Vilas R<sup>1</sup>; Álvarez-Castro JM<sup>1</sup>; Vera M<sup>1</sup>; Hermida M<sup>1</sup>; Fernández C<sup>1</sup>; Millán A<sup>1</sup>; Viñas A<sup>2</sup>; Taboada X<sup>2</sup>; Vale L<sup>2</sup>; Pino-Querido A<sup>1</sup>; López A<sup>1</sup>; Sánchez L<sup>1</sup>; Toro MA<sup>3</sup>; Fernández J<sup>4</sup>; Cerna A<sup>3</sup>; Álvarez-Dios JA<sup>5</sup>; Gómez-Tato A<sup>6</sup>; Calaza M<sup>5</sup>; de la Herrán R<sup>7</sup>; Navajas R<sup>7</sup> & Ruiz-Rejón M<sup>7</sup>

**DIRECCIÓN:** <sup>1</sup>Dpto. de Xenética, Fac. de Veterinaria, USC, Lugo.

<sup>2</sup>Dpto. de Xenética, Fac. de Biología, USC, Santiago de Compostela.

<sup>3</sup>Dpto. de Producción animal, ETSI Agrónomos (UPM), 28040 Madrid.

<sup>4</sup>Dpto. de Mejora Genética animal, INIA, 28040 Madrid.

<sup>5</sup>Dpto. de Matemática Aplicada, Fac. de Matemáticas, USC, Compostela.

<sup>6</sup>Dpto. de Xeometría e Topoloxía, Fac. de Matemáticas, USC, Compostela.

<sup>7</sup>Dpto. de Genética, Fac. de Ciencias, Univ. de Granada. Granada.

El rodaballo (*Scophthalmus maximus*) es una de las especies más prometedoras de la piscicultura en España. En este trabajo se presentan los datos obtenidos para la consolidación del mapa genético mediante el mapeo de marcadores ligados a ESTs (SNPs y microsátélites) hasta completar un total cercano a 450 marcadores. El mapeo se ha basado en la explotación de una nueva versión de la base de datos de rodaballo obtenida a partir de tejidos linfoides tras infecciones con diferentes patógenos modelo y de interés industrial. Este mapa se ha aplicado para la localización de QTL relacionados con caracteres productivos (crecimiento, determinación sexual y resistencia a patologías). Se han detectado QTL significativos ( $P < 0.01$ ) para crecimiento y resistencia a patologías utilizando dos estrategias metodológicas diferentes y en distintas familias. La observación de los mismos QTL en respuesta a diferentes patógenos y de QTL específicos de patógeno, sugiere la existencia de mecanismos de respuesta generalistas y otros específicos a los patógenos estudiados. Asimismo, se ha identificado la región mayor determinante del sexo en la especie, localizada en el cromosoma 5, a menos de 2cM del marcador Sma-USC30, y se ha establecido un mecanismo de determinación ZZ/ZW para la especie. Además de las estrategias de rastreo y asociación aplicadas usualmente, estamos desarrollando y adaptando nuevas herramientas y modelos teóricos específicos para cruzamientos de líneas no consanguíneas y para profundizar en la interpretación de los efectos genéticos de los loci detectados. Para la identificación de genes candidatos relacionados con caracteres de interés estamos aplicando diferentes estrategias: 1) identificación de sintenias con especies modelo a través del mapeo comparado y rastreo de genes en regiones sinténicas próximas a QTL de interés; 2) clonación posicional del gen mayor determinante del sexo a partir del mapeo físico de clones próximos a los marcadores más cercanos. Para ello hemos desarrollado una librería de BACs actualmente en fase de explotación (5x); 3) mapeo de genes regulados en respuesta a infecciones con los patógenos seleccionados mediante la aplicación de un oligo-microarray; 4) identificación de huellas de selección mediante rastreo con una amplia batería de marcadores en poblaciones naturales a lo largo de gradientes de salinidad y temperatura.