

VALORACIÓN GENÉTICA PARA RESISTENCIA A *PHOTOBACTERIUM DAMSELAE* SUBESPECIE *PISCICIDA*, EN DORADA (*SPARUS AURATA* L.).

Vallecillos^{1*}, A., Martínez-Matínez¹, L., Chaves-Pozo², E., Arizcun², M. y Armero¹, E.

¹Área de producción animal, departamento de ingeniería agronómica, Universidad Politécnica de Cartagena, Paseo Alfonso XIII 48, 30203 Cartagena, España. ²Centro Oceanográfico de Murcia, Instituto Español de Oceanografía (COMU-IEO), CSIC, carretera de la Azohía s/n, Puerto de Mazarrón, Murcia, España; *vallecillosquijada@edu.upct.es

INTRODUCCIÓN

La dorada (*Sparus aurata*) es la tercera especie de mayor producción en acuicultura en España (APROMAR, 2022). Uno de los principales problemas que tiene el sector son las bajas producidas por patógenos, como *Photobacterium damsela* subespecie *piscicida* (*Phdp*), que causa un alto ratio de mortalidad en la producción mediterránea, en torno al 6,7% de la producción total (Balebona *et al.*, 1998). Por ello, la selección genética para resistencia a enfermedades es prioritaria en los programas de mejora genética de dorada (Vallecillos *et al.*, 2021a). El objetivo del presente estudio es establecer dos poblaciones de doradas, una resistente y otra sensible a infecciones, para posteriormente profundizar en la información genética que controla la resistencia a infecciones.

MATERIAL Y MÉTODOS

A partir de un total de 133 reproductores (57♂ y 76♀), pertenecientes al Instituto Español de Oceanografía (Planta de Cultivos de Mazarrón), procedentes del Mar Mediterráneo y que nunca han sido seleccionados, se obtuvo un lote de descendientes en los que se analizó diferentes marcadores inmunes. Además, parte de ellos fueron sometidos a un reto frente al patógeno *Phdp* y otra parte del lote fue engordada en jaulas en el mar, hasta la edad de sacrificio. Los datos fueron analizados mediante una aproximación Bayesiana con el siguiente modelo mixto: $Y = X\beta + Zu + e$, donde β incluye los efectos fijos, y u el efecto aleatorio del animal (Vallecillos *et al.*, 2021a; Vallecillos *et al.*, 2021b). A partir de este modelo, se han elegido como criterios de selección el peso del propio individuo y de sus descendientes y la actividad peroxidasa por ser el marcador inmune con heredabilidad más alta (0,30), todos ellos teniendo en cuenta los días a la muerte de los individuos en el reto a *Phdp*. Una vez obtenidos los valores genéticos para cada carácter se ha calculado un índice combinado con todos ellos, que se utilizará como criterio de selección final.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Una vez obtenidos los valores genéticos de los animales, se seleccionó el 10% de los reproductores con un mejor índice combinado como doradas resistentes (DR, con 8 ♂ y 5 ♀) y el otro 10% de los reproductores, con peor índice combinado, como doradas sensibles (DS, con 8 ♂ y 5 ♀). Posteriormente se van a realizar cruzamientos de DRxDR y DSxDS, para volver a someter a sus respectivas descendencias de nuevo a un reto frente a *Phdp*. Paralelamente, se va a secuenciar el ADN genómico de los reproductores DR y DS y de sus respectivas descendencias con el fin de estudiar el genoma de la dorada, el cual tiene un tamaño de más de 1.600 millones de pb (Pérez-Sánchez *et al.*, 2019). Boulton *et al.* (2011) encontraron QTLs reguladores de la respuesta al estrés en dorada y Serna-Duque *et al.* (2022) aislaron genes que controlan la respuesta inmunitaria.

CONCLUSIÓN

En este estudio se va a investigar sobre la determinación genética de la resistencia a infecciones en dorada, en peces que previamente han sido seleccionados para resistencia a *Phdp*.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- APROMAR, La acuicultura en España; 2022.
- Balebona *et al.*, 1998. *Aquaculture* 166: 19-35.
- Boulton *et al.* 2011. *Aquaculture* 319: 58-66.
- Pérez-Sánchez *et al.* 2019. *Front. Mar. Sci.* 6: 760
- Serna-Duque *et al.* 2022. *Fish Shellfish Immunology* 124: 563-571.
- Vallecillos *et al.* 2021^a. *Aquaculture*. 543: 736892.
- Vallecillos *et al.* 2021b. *Animals*. 11: 2889.

Agradecimientos: Este proyecto ha sido financiado por el proyecto PROGENSA III del programa JACUMAR, y por la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia a través de la Fundación Séneca - Agencia de Ciencia y Tecnología de la Región de Murcia y del programa de la Unión Europea NextGenerationEU.