

## ANÁLISIS DE LA DISTORSIÓN DE LA SEGREGACIÓN EN UNA POBLACIÓN DE RODABALLO (*SCOPHTHALMUS MAXIMUS*)

Saura<sup>1</sup>, M., Casellas<sup>2</sup>, J., Fernández<sup>1</sup>, A., Cabaleiro<sup>3</sup>, S. y Villanueva<sup>1</sup>, B.

<sup>1</sup>Mejora Genética Animal, INIA, 28040 Madrid, España. <sup>2</sup>Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, España. <sup>3</sup>Centro Tecnológico Gallego de Acuicultura, Cluster de Acuicultura de Galicia, 15965 Aguiño-Ribeira, España; saura.maria@inia.es

### INTRODUCCIÓN

La distorsión de la segregación ocurre cuando los dos alelos de un progenitor heterocigoto se transmiten a la descendencia con frecuencias distintas al 50%. Esto se puede deber a multitud de fenómenos fisiológicos vinculados con la reproducción y el desarrollo embrionario, incidiendo sobre caracteres de interés económico en las especies de producción. Dentro de este contexto, el objetivo del presente estudio fue analizar la presencia de distorsión de la segregación en el genoma del rodaballo, así como caracterizar su patrón genético.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los análisis se realizaron sobre 36 familias de hermanos completos de la especie *Scophthalmus maximus*, implicando un total de 46 reproductores y 1.394 hijos. Se tomaron muestras biológicas de todos los individuos y se realizó el genotipado para 18.097 marcadores SNP distribuidos por todo el genoma mediante RAD-Seq. Se aplicaron los modelos alélico y genotípico para el análisis de distorsión de la segregación (Casellas *et al.*, 2020) implementados en el programa TRDscreen v.1.05. Ambos modelos se compararon con el criterio de información de Akaike (Akaike, 1974), y los *p*-valores para los parámetros de distorsión se ajustaron aplicando Benjamini y Hochberg (1995) con  $\alpha = 0,001$ . Se analizaron un total de 65 regiones candidatas con la herramienta BioMart ( $\pm 50$  kb alrededor de los SNP significativos) sobre la base de datos de rodaballo en Ensembl, y la sobre-representación de los procesos biológicos se chequeó con la herramienta *Gene List Analysis* de la base de datos PANTHER, usando el pez cebra como referencia.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El modelo genotípico resultó preferible en 13.879 SNP (76,7%), el alélico únicamente en 120 SNP (0,7%), y los restantes 4.098 SNP no discriminaron entre ambas opciones. En cuanto a los fenómenos de distorsión de la segregación, únicamente 151 marcadores SNP alcanzaron la significación estadística una vez implementada la corrección por tests múltiples ( $p$ -valor  $\leq 4,4 \times 10^{-6}$ ). Estos marcadores se distribuían por todo el genoma con la única excepción del cromosoma 2, aunque con una mayor concentración en los cromosomas 5 (21,9%), 6 (13,9%), 12 (6,6%) y 13 (18,5%). Por otro lado, en el 61,7% de los casos se trataba de distorsión genotípica aditiva (2,0% de distorsiones genotípicas dominantes), resaltándose la preponderancia de los fenómenos genotípicos de distorsión de la segregación en esta especie. Las distorsiones alélicas paternas y maternas representaban respectivamente un 16,9% y un 19,5% del total. Resulta importante destacar que el análisis funcional realizado es exploratorio. No obstante, todos los procesos identificados se encuentran estrechamente relacionados con mecanismos disruptivos que pueden afectar al desarrollo y la supervivencia de los rodaballos.

### CONCLUSIÓN

Se observa distorsión de la segregación en los rodaballos, mayoritariamente de tipo genotípicos, distribuida por prácticamente todos los cromosomas, y muy probablemente relacionada con genes implicados en distintos aspectos del desarrollo embrionario y la fisiología celular.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akaike, H. 1974. Autom. Contr. 19: 716-723.
- Benjamini, Y. & Hochberg, Y. 1995. J. R. Statist. Soc. B 57: 289-300
- Casellas, J., Id-Lahoucine, S. & Cánovas, A. 2020. Anim. Genet. 51: 847-854.

**Agradecimientos:** Proyectos 613611 (*EU 7th Framework Progr.*; KBBE.2013.1.2-659 10) y CGL2016-75904-C2-2-P (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Madrid).