

ESTUDIO DE ASOCIACIÓN GENÓMICA DE LA MADURACIÓN SEXUAL DE SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*Salmo salar*) EN AGUA DE MAR.

Patricia Rivera*, María A. Rueda, Nicole Delgado, Carlos Soto, José A. Gallardo.

*Laboratorio de Genética y Genómica, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile.

patricia.rivera.m@mail.pucv.cl

Introducción: La maduración sexual temprana en el mar sigue siendo un problema en el cultivo del salmón del Atlántico. Este fenómeno ocasiona graves pérdidas económicas para la industria principalmente debido a la disminución de la calidad de la carne. Las pisciculturas han logrado controlar la maduración temprana en mar eficazmente pero no en su totalidad, al manipular fotoperiodos con luz artificial en los cultivos, siendo necesario buscar otros controles. Recientemente se detectaron marcadores que influyen la maduración sexual en esta especie, identificando señales de asociación entre el genotipo y el fenotipo en 28 de los 29 cromosomas del salmón del Atlántico.

Objetivos: El objetivo de este estudio es identificar loci de rasgos cuantitativos (QTL) asociados con la maduración sexual de Salmón del Atlántico en peces cultivado en agua de mar, esto con el propósito de seleccionarlos y disminuir los efectos negativos de la madurez temprana en mar.

Metodología: 714 salmones, maduros y no maduros, fueron obtenidos por muestreo dirigido en peces cosechados desde dos centros de cultivo de la empresa “Salmones Camanchaca”. A cada pez se le registró sus características fenotípicas asociadas a la maduración y se le tomaron muestras individuales de aleta para identificar el genotipo de los peces usando un Illumina chip array de 50K. Un GWAS para identificar QTLs fue realizado con el software statgenGWAS de R.

Resultados: La maduración sexual observada en el muestreo dirigido varió entre un 2 (7/333) y un 19% (72/381) en cada centro. Los peces maduros tuvieron un índice gonadosomático de 4.14 ± 1.67 % y los inmaduros de 0.11 ± 0.33 %. El GWAS reveló 35 SNPs significativos para maduración en agua de mar, los que distribuyeron en 10 de los 29 cromosomas de *Salmo salar*. La mayor varianza genética explicada para el rasgo se presentó asociada a un QTL del cromosoma 15 y cercano a este, se encuentra el gen *tcf21* (transcription factor 21), asociado a maduración en otras especies. También se encontraron varios QTLs en el cromosoma 9 y 25 como se ha reportado previamente y donde se encuentran marcadores de gran efecto para maduración asociados al gen *vgll3*.

Conclusión: Con los QTLs detectados en este estudio se profundiza en la arquitectura genética de la maduración sexual en *Salmo salar* acercándonos a la comprensión de regiones genómicas influyentes de la maduración temprana en campo y con potencial para prevenir los efectos perjudiciales de maduración.