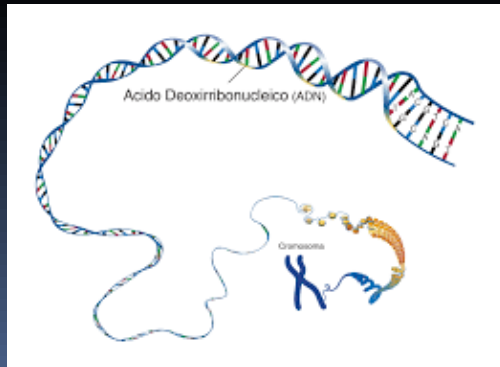


Aplicación de marcadores genómicos en especies de interés en acuicultura y pesquerías (camarón, moluscos, peces marinos)

Dr. Ricardo Pérez Enríquez

Investigador titular del Programa de Acuicultura

rperez@cibnor.mx



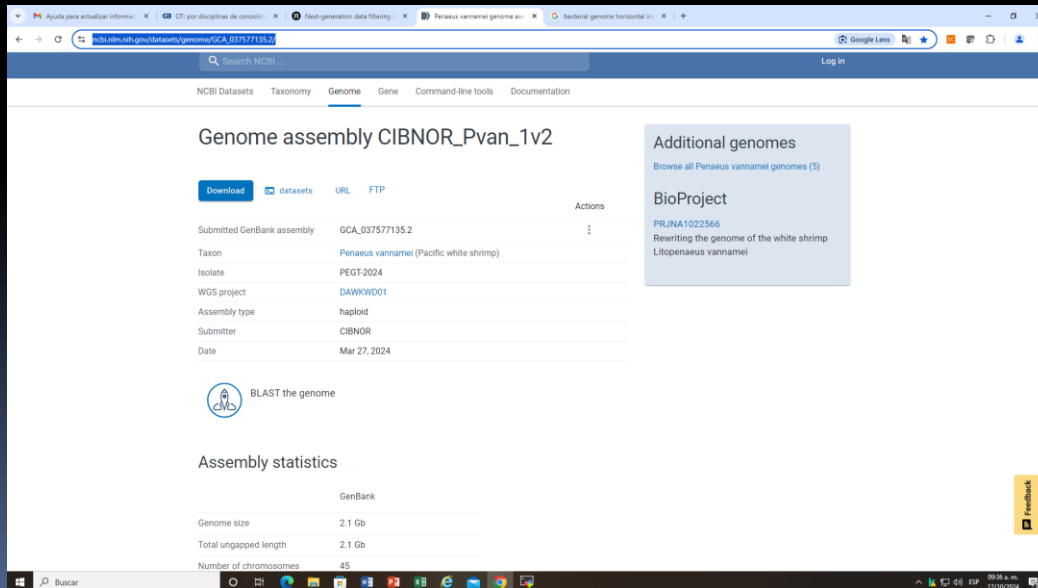
Oportunidades para tesis de licenciatura, maestría o doctorado

Camarón

El grupo de trabajo recientemente ensambló el genoma del camarón blanco *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*, convirtiéndolo en el genoma de referencia más completo a la fecha para la especie (Perez-Enriquez et al., 2024; https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCA_037577135.2/).

Este logro abrió el camino para profundizar en el conocimiento de diversos aspectos de importancia en la producción acuícola y la evolución de la especie. Algunos de los tópicos específicos en los que se pretende incidir a través de trabajos de tesis son los siguientes:

- **Revisión y corrección del genoma.** La mayor parte del genoma ensamblado (aprox. 1.6 Gb) está organizado en los 44 pares de cromosomas de la especie. Sin embargo, aun quedan aprox. 450 Mb, fragmentados en una gran cantidad de *scaffolds*, que requieren su ensamblaje y su re-posicionamiento en los cromosomas. Para esta revisión y corrección del genoma se cuenta con una base de datos de secuencias largas (PacBio), que se procesan en el servidor de alta capacidad del CIBNOR.



The screenshot displays the NCBI Datasets page for the genome assembly 'CIBNOR_Pvan_1v2'. The page includes a search bar, navigation tabs (Genome, Taxonomy, Gene, Command-line tools, Documentation), and a 'Download' button. The main content area shows a table with the following details:

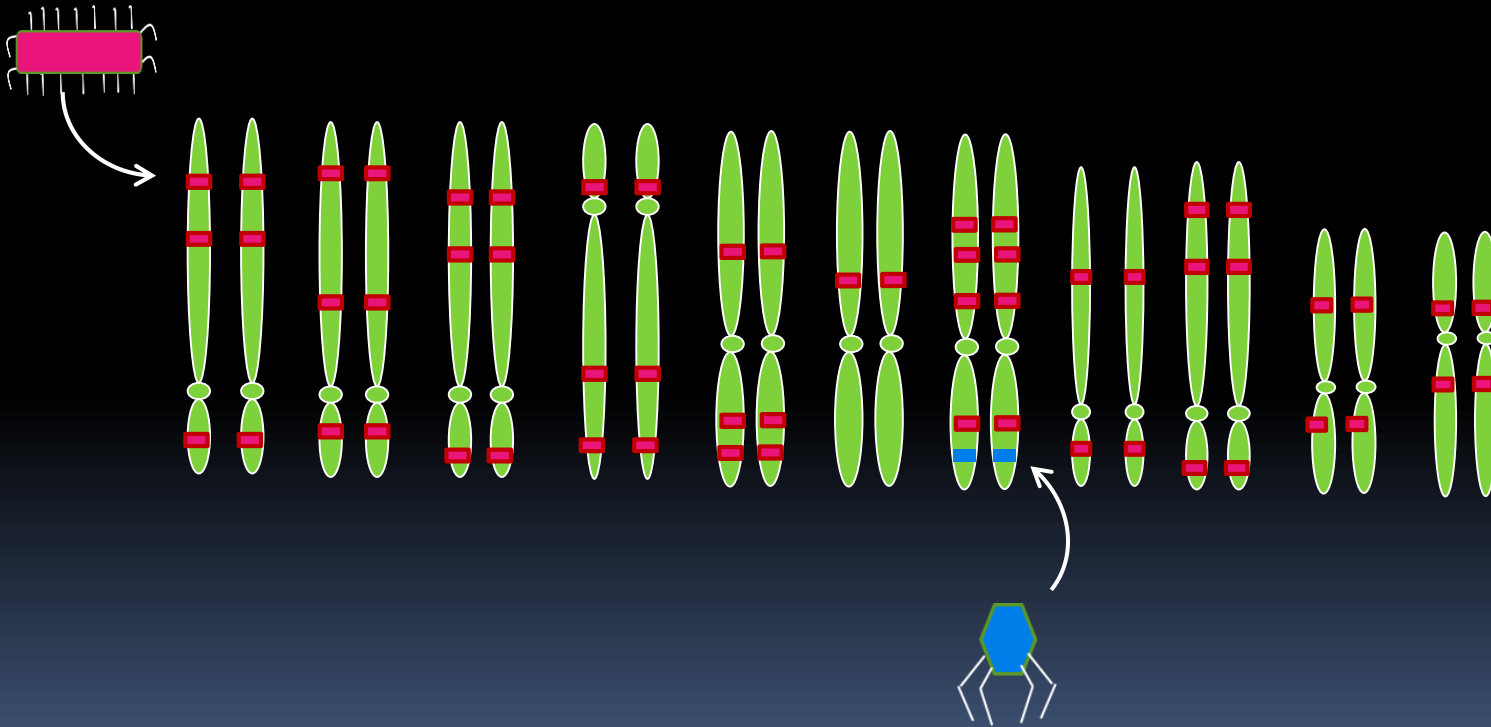
Field	Value
Submitted GenBank assembly	GCA_037577135.2
Taxon	<i>Penaeus vannamei</i> (Pacific white shrimp)
Isolate	PEGT-2024
WGS project	DAWKWD01
Assembly type	haploid
Submitter	CIBNOR
Date	Mar 27, 2024

Additional information includes a 'BLAST the genome' button and 'Assembly statistics' showing a genome size of 2.1 Gb and 45 chromosomes. A sidebar on the right offers 'Additional genomes' and a 'BioProject' link.

Perez-Enriquez R.*, Juárez O.E., Galindo-Torres P., Vargas-Aguilar A.L., Llera-Herrera R. (2024) Improved genome assembly of the whiteleg shrimp *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* using long- and short-read sequences from public databases. *Journal of Heredity* 115, 302–310. <https://doi.org/10.1093/jhered/esae015>

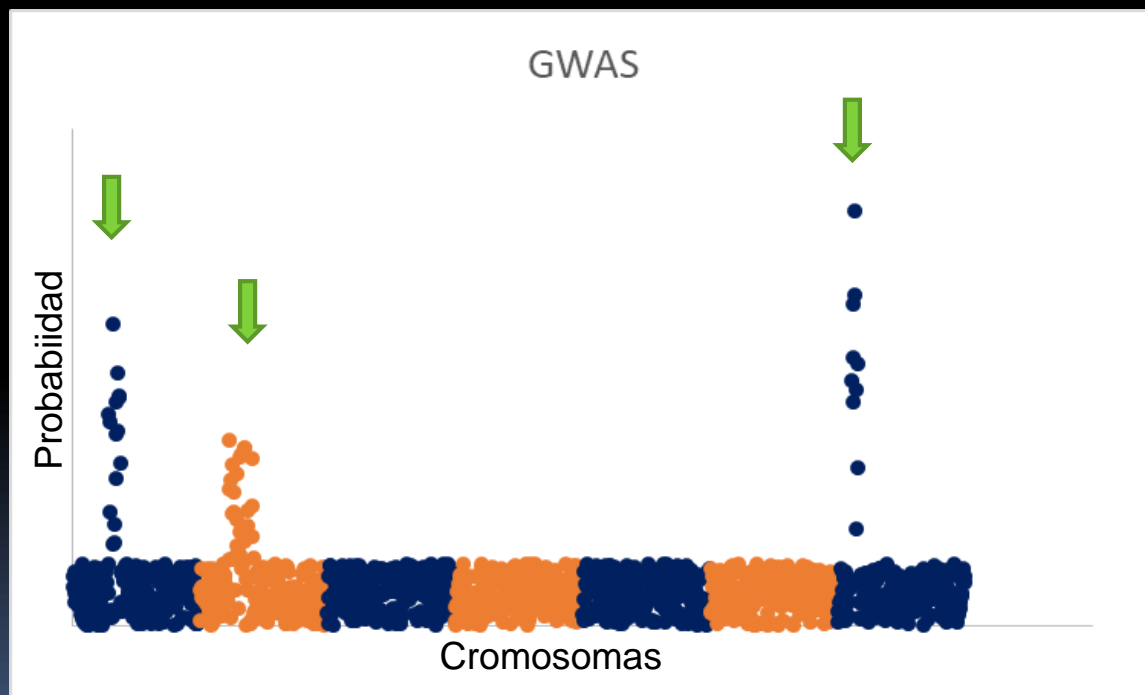
Oportunidades para tesis de licenciatura, maestría o doctorado

- **Transferencia horizontal de genomas de microorganismos.** Durante el ensamblaje del genoma del camarón, se detectaron alrededor de 350 secuencias que corresponden a genomas bacterianos o virales. La temática del tema consiste en determinar si esas secuencias son contaminantes o si, por el contrario, son secuencias ancestrales que se integraron al genoma del camarón mediante el proceso conocido como “Horizontal Gen Transfer”. Para esta revisión se cuenta con una base de datos de secuencias largas (PacBio), que se procesan en el servidor de alta capacidad del CIBNOR.



Oportunidades para tesis de licenciatura, maestría o doctorado

- **Estudios de Asociación al Genoma Ampliado (GWAS).** Los estudios de “Genome Wide Association” en los que estamos interesados, consisten en la búsqueda de variantes genéticas que pudieran estar asociadas a una carácter de importancia económica para la acuicultura, tales como crecimiento, resistencia a enfermedades, etc, con potencial futuro de mejoramiento genético. En este tipo de estudios, los perfiles genéticos de organismos de distintos grupos (por ejemplo, alto y bajo crecimiento) se comparan y se buscan marcadores genéticos tipo SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) que estén estadísticamente asociados con uno u otro grupo. Para ello contamos con perfiles genéticos (aprox. 2,500 SNPs) de unos 250 ejemplares a los cuales se les determinó peso, color, contenido de ácidos grasos y sexo (Nolasco-Alzaga et al. 2018).



Nolasco-Alzaga H.R., Perez-Enriquez R.*, Enez F., Bestin A., Palacios-Mechetnov E., Haffray P. (2018) Quantitative genetic parameters of growth and fatty acid content in the hemolymph of the Whiteleg shrimp *Litopenaeus vannamei*. *Aquaculture* 482(1), 17-23. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2017.09.015.

Oportunidades para tesis de licenciatura, maestría o doctorado

Peces marinos:

El grupo de trabajo ha trabajado en el desarrollo de marcadores genéticos para la caracterización de poblaciones silvestres y de cultivo de peces marinos, tales como el jurel, la totoaba y el huachinango, entre otras (Max-Aguilar et al. 2024).

- **Caracterización de lotes de cultivo y marcadores para la diferenciación de sexo.** El grupo de trabajo se encuentra obteniendo los perfiles genéticos de lotes de cultivo de robalo *Centropomus viridis* y ha realizado la diferenciación del sexo en el jurel *Seriola rivoliana*. El reto es encontrar nuevos marcadores genéticos asociados al sexo para el jurel y para otras de interés comercial como la totoaba *Totoaba macdonaldi*, el huachinango *Lutjanus peru* y el propio robalo.

