

# ÍNDICE

<b>1. RECURSOS GENÉTICOS DE PECES MARINOS DE INTERÉS EN ACUICULTURA</b> .....	21
<b>1. IMPORTANCIA DE LOS RECURSOS GENÉTICOS EN ACUICULTURA</b> .....	24
<b>2. MARCADORES MOLECULARES</b> .....	25
<b>3. FUENTES DE DIFERENCIACIÓN</b> .....	28
<b>4. DORADA: <i>Sparus aurata</i> (Linnaeus, 1758)</b> .....	31
4.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico (Tabla 2) .....	32
4.2. Diferenciación entre doradas salvajes y en cautividad .....	34
<b>5. LUBINA: <i>Dicentrarchus labrax</i> (Linnaeus, 1758)</b> .....	34
5.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico (Tabla 3) .....	35
5.2. Diferenciación en base a su ecología .....	38
5.3. Diferenciación entre lubinas salvajes y en cautividad .....	38
<b>6. RODABALLO: <i>Scophthalmus maximus</i> (Linnaeus, 1758)</b> .....	40
6.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico (Tabla 4) .....	41
6.2. Diferenciación entre rodaballos salvajes y en cautividad .....	43
<b>7. LENGUADO COMÚN: <i>Solea solea</i> (Linnaeus, 1758)</b> .....	44
7.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico (Tabla 5) .....	44
7.2. Diferenciación entre el lenguado común salvaje y en cautividad .....	46
<b>8. LENGUADO SENEGALÉS: <i>Solea senegalensis</i> (Kaup, 1858)</b> .....	46
8.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico .....	46
8.2. Diferenciación entre el lenguado senegalés salvaje y en cautividad .....	47
<b>9. BESUGO: <i>Pagellus Bogaraveo</i> (Brünnich, 1768)</b> .....	48
9.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico .....	48
<b>10. SARGO COMÚN: <i>Diplodus sargus</i> (Linnaeus, 1758)</b> .....	50
10.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico .....	50
<b>11. URTA: <i>Pagrus auriga</i> (Valenciennes 1843)</b> .....	51
11.1. Diferenciación entre urta salvaje y en cautividad .....	52



12. MERO: <i>Epinephelus marginatus</i> (Lowe, 1834) .....	52
12.1. Diferenciación poblacional según su origen geográfico .....	53
13. CONCLUSIONES .....	54
BIBLIOGRAFÍA .....	55
2. RECURSOS GENÉTICOS DE MOLUSCOS Y ACUICULTURA .....	65
1. INTRODUCCIÓN .....	69
2. LOS MARCADORES GENÉTICOS Y EL ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES NATURALES DE MOLUSCOS .....	71
3. VARIABILIDAD MOLECULAR Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES DE MOLUSCOS AUTÓCTONOS CULTIVADOS EN EUROPA .....	76
4. LAS ESPECIES ALÓCTONAS Y EL MANEJO DE SUS RECURSOS GENÉTICOS .....	90
5. RECURSOS GENÉTICOS Y CARACTERES PRODUCTIVOS .....	94
6. EL IMPACTO DE LA LA ACUICULTURA SOBRE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE LAS POBLACIONES NATURALES .....	101
BIBLIOGRAFÍA .....	104
3. ESTRATEGIAS EN EL DIAGNÓSTICO MOLECULAR PARA LA IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES COMERCIALES DE MOLUSCOS BIVALVOS .....	113
1. INTRODUCCIÓN .....	117
2. GENERALIDADES Y CARACTERÍSTICAS DE LOS MARCADORES MOLECULARES ORIENTADOS A LA IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES .....	119
3. ESTUDIOS DE IDENTIFICACIÓN DE BIVALVOS COMERCIALES .....	126
3.1. Los mejillones .....	126
3.2. Las ostras .....	129
3.3. Los pectínidos .....	134
3.4. Las almejas .....	138
3.5. Los berberechos .....	139
3.6. Las navajas .....	140
BIBLIOGRAFÍA .....	145



<b>4. FUNDAMENTOS DE LA MEJORA GENÉTICA EN ACUICULTURA .....</b>	<b>155</b>
<b>1. DESCRIPCIÓN GENÉTICA</b>	
<b>DE LOS CARACTERES CUANTITATIVOS .....</b>	<b>158</b>
1.1. El modelo de la genética cuantitativa .....	158
1.2. Estima de heredabilidades y correlaciones genéticas .....	161
1.3. Caracteres de interés económico en acuicultura.....	164
1.4. Heredabilidades y correlaciones genéticas de los caracteres de interés económico en acuicultura .....	166
<b>2. DERIVA GENÉTICA.....</b>	<b>168</b>
2.1. Consanguinidad .....	168
2.2. Medida del coeficiente de consanguinidad .....	169
2.3. Consecuencias genéticas de la consanguinidad: depresión consanguínea y erosión de la variabilidad genética .....	171
<b>3. SELECCIÓN ARTIFICIAL .....</b>	<b>173</b>
3.1. Respuesta a la selección artificial .....	173
3.2. Intensidad de selección ( $i$ ) .....	173
3.3. Intervalo entre generaciones ( $L$ ) .....	174
3.4. Variación genética aditiva ( $V_A$ ) .....	175
3.5. Precisión ( $r_{Ad}$ ) .....	176
3.6. Respuesta correlacionada .....	178
3.7. La respuesta a la selección en poblaciones de censo finito .....	179
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>181</b>
<b>5. DISEÑO DE PROGRAMAS DE MEJORA GENÉTICA EN ACUICULTURA .....</b>	<b>183</b>
<b>1. CONSIDERACIONES GENERALES SOBRE LOS PROGRAMAS DE MEJORA         GENÉTICA EN ACUICULTURA.....</b>	<b>186</b>
<b>2. OBJETIVO DE UN PROGRAMA DE MEJORA .....</b>	<b>189</b>
<b>3. ELECCIÓN DE LA POBLACIÓN BASE Y DEL SISTEMA DE CRUZAMIENTO .....</b>	<b>190</b>
3.1. Elección de la población base.....	190
3.2. Elección del sistema de cruzamiento .....	193
<b>4. DESARROLLO DEL SISTEMA DE EVALUACIÓN Y SELECCIÓN .....</b>	<b>195</b>
4.1. Experimentos de selección en peces y moluscos .....	195



4.2. Experimentos de consanguinidad en organismos acuáticos .....	198
4.3. Sistemas de evaluación y selección en programas de mejora .....	201
<b>5. CONTROL DE LA CONSANGUINIDAD EN PROGRAMAS DE MEJORA .....</b>	<b>203</b>
<b>6. TRANSMISIÓN DEL PROGRESO GENÉTICO .....</b>	<b>208</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA .....</b>	<b>209</b>
<b>6. ANOMALÍAS MORFOLÓGICAS EN PECES CULTIVADOS: HEREDABILIDAD Y SELECCIÓN .....</b>	<b>213</b>
1. INTRODUCCIÓN .....	216
2. ANOMALÍAS DE FORMA CORPORAL .....	217
3. ANOMALÍAS DE PIGMENTACIÓN .....	218
4. ANOMALÍAS DE ESCAMAS .....	221
5. ANOMALÍAS DEL ESQUELETO .....	223
<b>BIBLIOGRAFÍA .....</b>	<b>230</b>
<b>7. ANÁLISIS DE PARENTESCOS MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES .....</b>	<b>241</b>
1. INTRODUCCIÓN .....	246
2. CONSIDERACIONES GENERALES SOBRE MARCADORES Y SU POTENCIAL PARA ANÁLISIS DE PARENTESCO .....	248
2.1. Características de los marcadores .....	248
2.2. Potencial estadístico de los marcadores .....	254
3. CONSIDERACIONES GENERALES SOBRE LA METODOLOGÍA ESTADÍSTICA .....	256
3.1. Estimadores de máxima verosimilitud .....	256
3.2. Estimación Bayesiana .....	257
3.3. Métodos MCMC .....	260
3.4. Simulación .....	261
4. ANÁLISIS DE PATERNIDAD .....	261
4.1. Métodos para la asignación de paternidad .....	261
4.1.1. Asignación por exclusión .....	262
4.1.2. Asignación mediante máxima verosimilitud .....	264
4.1.3. Reconstrucción genotípica de los parentales .....	266
4.1.4. Métodos de probabilidad completa .....	266



4.2. Problemática de la metodología estadística .....	267
4.2.1. Posibles escenarios en el análisis de paternidad: muestreo.....	267
4.2.2. Tratamiento de los problemas técnicos y biológicos.....	268
4.2.3. Desviaciones de las asunciones teóricas .....	270
4.3. Programas informáticos para análisis de paternidad y sus prestaciones .....	272
4.4. Aplicación del análisis de paternidad en Acuicultura .....	276
<b>5. ANÁLISIS DE PARENTESCO .....</b>	<b>278</b>
5.1. Información molecular.....	280
5.2. Estimadores por parejas ( <i>pairwise</i> ) .....	281
5.2.1. Parentesco molecular .....	281
5.2.2. Índices de similitud .....	282
5.2.3. Estimadores de Métodos de Momentos (MME) .....	282
5.2.4. Estimadores de Máxima Verosimilitud (MLE).....	284
5.2.5. Problemas de los estimadores por parejas .....	286
5.3. Reconstrucción de grupos genealógicos.....	289
5.4. Marcadores dominantes .....	292
5.5. Errores de genotipado .....	294
5.6. Medidas de precisión .....	295
5.7. Programas.....	297
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>299</b>
<b>8. MAPAS GENÉTICOS EN ACUICULTURA .....</b>	<b>309</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>313</b>
<b>2. CONCEPTOS BÁSICOS DE LIGAMIENTO Y RECOMBINACIÓN .....</b>	<b>314</b>
<b>3. MARCADORES GENÉTICOS PARA LA CARTOGRAFÍA GENÉTICA .....</b>	<b>316</b>
<b>4. CARTOGRAFÍA GENÉTICA.....</b>	<b>318</b>
4.1. Familias de referencia para el mapeo genético .....	318
4.2. Análisis de ligamiento: Método LOD .....	319
4.3. Mapas genéticos en especies de interés en acuicultura .....	325
4.3.1. Características de los mapas genéticos: Precisión y resolución .....	326
<b>5. ESTRUCTURA CROMOSÓMICA Y LOCALIZACIÓN DE CENTRÓMEROS:</b>	
<b>ANÁLISIS DE MEDIAS TÉTRADAS .....</b>	<b>328</b>
5.1. Distancias gen-centrómero.....	328
5.2. Distorsión de la segregación en ginogenéticos diploides .....	335



5.3. Diferencias de segregación interindividuales o interfamiliares .....	337
5.4. Análisis de segregación conjunto («Joint segregation analysis») .....	338
5.4.1. Estudio de ligamiento entre pares de marcadores.....	340
5.4.2. Posicionamiento de marcadores respecto al centrómero.....	340
5.4.3. Análisis del patrón de entrecruzamiento a lo largo del eje cromosómico...	342
<b>6. IMPORTANCIA BÁSICA Y APLICADA DE LOS MAPAS GENÉTICOS .....</b>	<b>344</b>
6.1. Integración de mapas genéticos y físicos.....	344
6.1.1. Asignación cromosómica de grupos de ligamiento.....	344
6.1.2. Cartografía genómica integrada .....	345
6.2. Mapeo comparativo y genómica evolutiva .....	347
6.3. Identificación de regiones génicas de interés: Selección asistida por marcadores .....	348
6.4. Selección de marcadores genéticos para el análisis poblacional y de parentesco .....	349
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>349</b>
 <b>9. LOCALIZACIÓN DE GENES Y SELECCIÓN MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES .....</b>	 <b>359</b>
1. INTRODUCCIÓN.....	362
2. CONCEPTOS BÁSICOS .....	363
3. ANÁLISIS DE LIGAMIENTO .....	365
4. ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN .....	371
5. GENÉTICA GENÓMICA .....	379
6. LA HUELLA DE LA DOMESTICACIÓN Y DE LA SELECCIÓN .....	382
7. UTILIZACIÓN DE MARCADORES EN SELECCIÓN .....	385
7.1. MAS en poblaciones en desequilibrio de ligamiento .....	385
7.2. MAS en poblaciones panmícticas.....	386
7.3. MAS en la práctica .....	389
8. RESULTADOS EXPERIMENTALES EN PECES.....	390
8.1. Detección de QTLs.....	390
8.2. Selección asistida con marcadores .....	392
9. SOFTWARE DISPONIBLE .....	394
10. CONCLUSIÓN.....	396
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>397</b>



<b>10. INDUCCIÓN DE LA TRIPLOIDÍA Y LA GINOGÉNESIS PARA LA OBTENCIÓN DE PECES ESTÉRILES Y POBLACIONES MONOSEXO EN ACUICULTURA .....</b>	<b>401</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>405</b>
1.1. Problemas asociados con la reproducción durante la fase de engorde.....	405
1.2. Control genético de la proporción de sexos y de la maduración sexual....	407
1.3. Triploidía .....	409
1.4. Ginogénesis .....	424
1.5. Utilización de peces triploides y ginogenéticos en acuicultura .....	434
<b>2. SALMONIFORMES .....</b>	<b>436</b>
2.1. Salmón del Atlántico.....	436
2.2. Salmón plateado .....	437
2.3. Trucha arco iris .....	438
<b>3. PERCIFORMES .....</b>	<b>439</b>
3.1. Lubina .....	439
3.2. Dorada .....	443
<b>4. PLEURONECTIFORMES .....</b>	<b>445</b>
4.1. Rodaballo.....	446
4.2. Lenguado.....	454
4.3. Fletán .....	455
<b>5. CONCLUSIONES .....</b>	<b>456</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA .....</b>	<b>459</b>
<b>GLOSARIO .....</b>	<b>471</b>
 <b>11. TRANSFERENCIA GÉNICA EN PECES: BASES TÉCNICAS Y APLICACIONES .....</b>	 <b>473</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>477</b>
<b>2. GENERACIÓN DE PECES TRANSGÉNICOS .....</b>	<b>478</b>
2.1. Utilización de líneas celulares para la generación de peces transgénicos y «knock-out» .....	479
2.2. Metodología convencional para la generación de peces transgénicos .....	483
2.2.1. DNA foráneo .....	483
2.2.2. Introducción del DNA en el embrión .....	486
2.2.3. Integración del DNA en el genoma del huésped.....	488



2.2.4. Expresión del gen introducido.....	489
2.2.5. Transmisión a la descendencia .....	491
<b>3. APLICACIONES DE LOS PECES TRANSGÉNICOS .....</b>	<b>491</b>
3.1. Estudios básicos.....	492
3.2. Aplicaciones biotecnológicas.....	493
3.2.1. Transferencia del gen de la hormona de crecimiento en peces.....	493
3.2.2. Peces resistentes al frío .....	500
3.2.3. Peces estériles.....	502
3.2.4. Peces resistentes a enfermedades .....	503
3.2.5. Modificaciones en el metabolismo .....	506
3.2.6. Peces transgénicos y toxicología ambiental .....	507
3.2.7. Peces como biofactorías .....	508
3.2.8. Peces para xenotransplante .....	509
<b>4. EVALUACIÓN Y MANEJO DE RIESGOS.....</b>	<b>510</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>513</b>
<b>12. GENÓMICA DE MOLUSCOS Y ACUICULTURA.....</b>	<b>529</b>
1. INTRODUCCIÓN.....	533
2. MÉTODOS DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA .....	534
3. MAPAS GENÉTICOS Y GENÓMICA CUANTITATIVA .....	540
3.1. Mapas de ligamiento .....	540
3.2. Genómica cuantitativa.....	541
3.3. Mapas físicos.....	542
4. GENÓMICA FUNCIONAL.....	543
4.1. Genotecas de expresión y microarrays: aplicaciones en patología e inmunología de moluscos .....	544
4.2. Papel de la genómica funcional en la identificación de genes expresados como respuesta inmune frente a agresiones externas.....	548
4.3. Genómica funcional de la heterosis en los moluscos.....	555
4.4. Microarrays y su aplicación en la búsqueda de marcadores de contaminación en el mejillón.....	556
5. PROTEÓMICA Y SUS APLICACIONES .....	557
6. FUTURAS APLICACIONES DE LA GENÓMICA DE MOLUSCOS EN LA ACUICULTURA .....	559
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>561</b>



<b>13. APLICACIÓN DE LA GENÓMICA FUNCIONAL Y PROTEÓMICA EN EL ESTUDIO DE LA REPRODUCCIÓN Y CALIDAD DE LOS GAMETOS DE TELEÓSTEOS .....</b>	<b>573</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>577</b>
<b>2. CONTROL MOLECULAR DE LA REPRODUCCIÓN Y FORMACIÓN DE GAMETOS EN TELEÓSTEOS .....</b>	<b>579</b>
2.1. Formación del huevo .....	579
2.2. Formación del esperma.....	582
2.3. Influencia de las condiciones ambientales sobre la calidad de los gametos .....	585
<b>3. ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA DURANTE LA GAMETOGENESIS .....</b>	<b>587</b>
3.1. Chips de ADN.....	587
3.2. Análisis seriado de la expresión génica .....	591
3.3. Perfiles de expresión de genes diana.....	594
<b>4. REGULACIÓN POSTTRANSCRIPCIONAL DE LA EXPRESIÓN GÉNICA POR MICROARN .....</b>	<b>596</b>
<b>5. PROTEÓMICA .....</b>	<b>599</b>
5.1. Tecnologías para el análisis proteómico .....	600
5.2. Proteómica del ovario de teleósteos y comparación del transcriptoma y proteoma .....	601
5.3. Análisis proteómico del líquido celómico.....	604
5.4. Proteómica del esperma .....	605
<b>6. PERSPECTIVAS FUTURAS .....</b>	<b>606</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>607</b>
 <b>14. APROXIMACIONES GENÓMICAS AL CRECIMIENTO Y NUTRICIÓN EN PECES .....</b>	 <b>621</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN AL CRECIMIENTO EN PECES .....</b>	<b>623</b>
<b>2. CRECIMIENTO MUSCULAR .....</b>	<b>625</b>
<b>3. DESARROLLO Y CRECIMIENTO.....</b>	<b>627</b>
<b>4. IMPORTANCIA DE LA GENÓMICA PARA EL ESTUDIO DEL CRECIMIENTO .....</b>	<b>628</b>
<b>5. APROXIMACIONES GENÓMICAS AL CRECIMIENTO DURANTE EL DESARROLLO.....</b>	<b>631</b>



5.1. Transcriptómica del desarrollo en especies modelo.....	633
5.1.1. Pez cebra ( <i>Danio rerio</i> ).....	633
5.1.2. Medaka ( <i>Oryzias latipes</i> ).....	637
5.2. Transcriptómica del desarrollo en especies no modelo .....	638
<b>6. APROXIMACIONES GENÓMICAS AL CRECIMIENTO MUSCULAR .....</b>	<b>640</b>
6.1. Cambios transcripcionales en músculo esquelético .....	641
6.2. Respuesta a la temperatura ambiental.....	643
6.3. Respuesta a la degradación muscular durante la vitelogénesis.....	644
6.4. Respuesta a la administración de vacunas de DNA.....	645
6.5. Respuesta a la administración de lipopolisacárido .....	646
<b>7. APROXIMACIONES GENÓMICAS A LA FUNCIÓN HEPÁTICA .....</b>	<b>649</b>
7.1. Cambios transcripcionales en hígado en relación con la nutrición y el crecimiento .....	650
7.2. Cambios en el proteoma hepático en relación con la nutrición y el crecimiento .....	652
<b>8. APLICABILIDAD DE LOS ESTUDIOS GENÓMICOS SOBRE EL CRECIMIENTO, DESARROLLO Y NUTRICIÓN EN ACUICULTURA .....</b>	<b>654</b>
<b>9. DIRECCIONES FUTURAS .....</b>	<b>655</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>656</b>
<b>15. GENÓMICA FUNCIONAL E INMUNOLOGÍA.....</b>	<b>661</b>
<b>1. INMUNOLOGÍA FUNCIONAL EN LA ERA GENÓMICA .....</b>	<b>665</b>
<b>2. FILOGENÓMICA DE LA RESPUESTA INMUNITARIA EN ACUICULTURA:         INTENSIDAD TRANSCRIPCIONAL .....</b>	<b>668</b>
2.1. El invertebrado modal .....	671
2.2. El pez oncogénico .....	673
<b>3. INFECTOGENÓMICA Y DEFENSOMA EN ACUICULTURA: IDENTIDAD         TRANSCRIPCIONAL .....</b>	<b>676</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>681</b>
<b>16. GENÓMICA, INMUNOLOGÍA Y ENFERMEDADES DE PECES EN ACUICULTURA.....</b>	<b>689</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>693</b>
<b>2. SISTEMA INMUNE DE PECES TELEÓSTEOS.....</b>	<b>696</b>



2.1. Mecanismos de defensa inespecíficos.....	697
2.2. Mecanismos de defensa específicos.....	704
2.3. Citoquinas.....	706
<b>3. CLONACIÓN DE GENES RELACIONADOS CON LA RESPUESTA INMUNE EN PECES MODELO Y DE INTERÉS COMERCIAL EN ESPAÑA Y OTROS PAÍSES.....</b>	<b>713</b>
<b>4. LIBRERÍAS DE EXPRESSED SEQUENCE TAGS (ESTS). SUPRESSION SUBTRACTIVE HYBRIDIZATION (SSH) .....</b>	<b>720</b>
<b>5. MICROARRAYS .....</b>	<b>725</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>730</b>
 <b>17. DETERMINANTES GENÉTICOS DE LA VIRULENCIA EN LOS PROCESOS INFECCIOSOS EN ACUICULTURA.....</b>	 <b>763</b>
1. INTRODUCCIÓN.....	767
2. FACTORES DE VIRULENCIA BACTERIANOS.....	769
3. GENES DE TRANSPORTE DE HEMO Y SISTEMAS TONB: UN EJEMPLO DE SISTEMAS COMUNES A DIFERENTES PATÓGENOS.....	772
4. PLÁSMIDOS Y VIRULENCIA .....	775
5. ISLAS DE PATOGENICIDAD .....	777
6. REGULACIÓN GÉNICA Y VIRULENCIA .....	779
7. REGULACIÓN GÉNICA MEDIANTE <i>QUORUM SENSING</i> .....	781
8. HERRAMIENTAS PARA LA IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LOS DETERMINANTES GENÉTICOS DE LA VIRULENCIA .....	782
9. EXPRESIÓN IN VIVO DE GENES BACTERIANOS DURANTE LA INFECCIÓN.....	783
9.1. In Vivo Expression Technology (IVET).....	784
9.2. Signature-Tagged transposon mutagenesis (STM).....	786
10. MUTAGÉNESIS POR TRANSPOSICIÓN IN VIVO .....	787
11. TÉCNICAS BASADAS EN LA HIBRIDACIÓN SUSTRATIVA.....	789
BIBLIOGRAFÍA.....	791
 <b>18. UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES PARA EL DIAGNÓSTICO E IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA DE PROTOZOOS PARÁSITOS EN BIVALVOS .....</b>	 <b>795</b>



1. CONSIDERACIONES GENERALES .....	799
2. PRINCIPALES ENFERMEDADES PARASITARIAS DE LOS MOLUSCOS BIVALVOS ...	800
2.1. Bonamiosis.....	801
2.2. Haplosporidiosis .....	802
2.3. Marteiliosis .....	802
2.4. Microcitosis .....	804
2.5. Perkinsosis.....	805
3. MÉTODOS DE DIAGNÓSTICO DE PARÁSITOS DE MOLUSCOS BIVALVOS.....	806
4. MARCADORES MOLECULARES DE ADN PARA PROTOZOOS PARÁSITOS DE MOLUSCOS BIVALVOS .....	808
5. APLICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES: DIAGNÓSTICO E IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA DE <i>MARTEILIA REFRINGENS</i> , <i>PERKINSUS OLSENI</i> Y <i>BONAMIA OSTREAE</i> .....	814
5.1. Aplicación de marcadores moleculares: <i>Perkinsus olseni</i> .....	816
5.1.1. Diseño de un método de diagnóstico para <i>Perkinsus olseni</i> mediante PCR.....	817
5.1.2. Aplicación del método de diagnóstico de <i>Perkinsus olseni</i> mediante PCR.....	818
5.1.3. Identificación taxonómica de <i>Perkinsus</i> en distintos hospedadores .....	822
5.2. Aplicación de marcadores moleculares: <i>Marteilia refringens</i> .....	824
5.2.1. Diseño de un método de diagnóstico para <i>Marteilia refringens</i> mediante PCR.....	824
5.2.2. Aplicación del método de diagnóstico de <i>Marteilia refringens</i> mediante PCR .....	827
5.2.3. Identificación taxonómica de <i>Marteilia sp.</i> en distintos hospedadores ....	831
5.3. Aplicación de marcadores moleculares: <i>Bonamia ostreae</i> .....	834
BIBLIOGRAFÍA.....	838

## 19. HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS GENÓMICO .....

1. INTRODUCCIÓN.....	850
2. HERRAMIENTAS PARA UN PROYECTO DE SECUENCIACIÓN DE TAMAÑO MEDIO-GRANDE.....	851
3. DETERMINACIÓN DE LAS BASES. USO DE PHRED .....	852



3.1. Índices de calidad PHRED .....	854
<b>4. LIMPIEZA DE SECUENCIAS .....</b>	<b>854</b>
<b>5. ENSAMBLADO Y BÚSQUEDA DE CONTIGS .....</b>	<b>856</b>
<b>6. ALINEAMIENTOS .....</b>	<b>857</b>
6.1. Algoritmos de alineamiento .....	858
<b>7. BASES DE DATOS BIOINFORMÁTICAS .....</b>	<b>861</b>
7.1. Qué es Entrez .....	862
7.2. Búsquedas de secuencias de nucleótidos con Entrez .....	862
7.3. Descripción de un registro de GenBank .....	863
7.4. Opciones de visualización de un registro de GenBank .....	865
7.5. Búsquedas en PubMed .....	865
7.6. Gene: búsqueda de secuencias para un gen .....	866
7.7. Búsquedas en OMIM .....	866
7.8. Búsquedas en dbSNP .....	867
7.9. El proyecto Gene Ontology (GO) .....	868
7.10. La base de datos de rutas KEGG .....	868
7.11. Búsqueda de homologías: BLAST .....	869
<b>8. CONSTRUCCIÓN DE BASES DE DATOS .....</b>	<b>871</b>
<b>9. LENGUAJES DE PROGRAMACIÓN EN BIOINFORMÁTICA .....</b>	<b>873</b>
9.1. Perl .....	873
9.2. BioPerl .....	873
9.3. BioPython .....	874
9.4. BioJava .....	875
9.5. BioRuby .....	875
<b>10. ANÁLISIS DE LOS DATOS GENÓMICOS .....</b>	<b>876</b>
<b>11. FILOGENIA .....</b>	<b>876</b>
11.1. Métodos de distancias .....	878
11.1.1. Estimación de la matriz de distancias .....	879
11.1.2. Distancia entre secuencias ADN .....	879
11.1.3. Cálculo de la distancia usando modelos de evolución .....	880
11.2. Métodos de máxima verosimilitud .....	880
11.3. Máxima parsimonia .....	881
11.4. Aplicaciones de la filogenia .....	881
<b>12. ANÁLISIS DE MICROARRAYS .....</b>	<b>882</b>



12.1. Fase de segmentación y determinación del background y la señal .....	884
12.2. Preprocesado .....	884
12.3. Normalización .....	885
<b>13. CONCLUSIONES</b> .....	<b>887</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA</b> .....	<b>888</b>
<b>LIBROS DE TEXTO RECOMENDADOS</b> .....	<b>888</b>
<b>PÁGINAS WEB INTERESANTES</b> .....	<b>889</b>