

ANÁLISIS GENÓMICO Y HUELLAS DE LA SELECCIÓN EN RAZAS PORCINAS EUROPEAS

Óvilo¹, C., Muñoz¹, M., Bozzi², R., García-Casco¹, J., Núñez¹, Y., Čandek-Potokar³, M., Ribani⁴, A., Schiavo⁴, G., Bovo⁴, S., Tinarelli⁴, S., Gallo⁵, M., Fernández¹, A.I., Fontanesi⁴, L.
y TREASURE CONSORTIUM

¹Departamento Mejora Genética Animal, INIA, Madrid, Spain. ²DAGRI – Sezione Scienze Animali, Università degli Studi di Firenze, Firenze, Italy. ³Kmetijski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenia.

⁴Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari, Università di Bologna, Bologna, Italy.

⁵Associazione Nazionale Allevatori Suini, Roma, Italy; ovilo@inia.es

INTRODUCCIÓN

Las razas porcinas locales son un recurso genético importante y además suelen compartir características fenotípicas relevantes, como el elevado potencial adipogénico, la rusticidad y la calidad de su carne. Un factor clave para la conservación, promoción y uso sostenible de estas razas es su caracterización genética. En este estudio, evaluamos la estructura y diversidad del genoma y las huellas de la selección empleando datos de genotipado masivo de SNPs en veinte razas de cerdos autóctonos, incluidos en el proyecto europeo TREASURE, así como datos de jabalíes muestreados en la Península Ibérica y de cerdos de tres razas comerciales de origen español e italiano.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon un total de 1150 muestras de ADN con el chip GGP Porcine HD Genomic Profiler v1, que incluye 68,528 SNPs. Las muestras comprendieron animales de las razas: Alentejana, Apulo-Calabrese, Basque, Bísara, Negro mallorquín, Black Slavonian, Casertana, Cinta Senese, Gascón, Ibérico, Krškopolje, Lithuanian indigenous wattle, Lithuanian White Old Type, Mora Romagnola, Moravka, Nero Siciliano, Sarda, Schwäbisch-Hällisches, Swallow-Bellied Mangalitsa, Turopolje, Duroc, Large White, Landrace y jabalí. Se calcularon parámetros de diversidad, distancias genéticas y se construyó un árbol NJ en R. Se exploró la estructura de las poblaciones mediante análisis PCA. Se realizó una búsqueda en todo el genoma de loci bajo selección diversificada basada en pruebas de valores atípicos F_{ST} (Wilkinson *et al.*, 2013), en cada una de las razas locales y también de forma específica en las razas Ibérica y Alentejana vs razas comerciales y jabalí.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados proporcionan una caracterización genética detallada de un amplio repertorio de razas porcinas autóctonas y cosmopolitas europeas y permiten evaluar su estructura poblacional, así como identificar algunas razas con muy baja diversidad genética para las que se deberían aplicar estrategias de conservación (Muñoz *et al.*, 2019). El estudio de huellas de selección detecta señales putativas de selección en regiones que contienen genes involucrados en el crecimiento, desarrollo muscular, reproducción, metabolismo, comportamiento y percepción sensorial, que pueden considerarse genes candidatos potencialmente involucrados en las diferencias en la adaptación a entornos específicos y a sistemas productivos, así como genes relacionados con caracteres fenotípicos relevantes. Debido a su proximidad genética, las razas ibérica y alentejana se estudiaron conjuntamente. En su estudio frente a las razas comerciales se detectaron regiones potencialmente seleccionadas que incluyen genes relacionados con desarrollo muscular, regulación del apetito o pigmentación de la capa (i.e. *TAS1R1*, *PINK1*, *MRAP2* o *PAX7*). En el estudio frente al jabalí se detectaron huellas de selección coincidentes con genes involucrados en crecimiento, adipogénesis, morfología de la capa, percepción sensorial y comportamiento (i.e. *MITF*, *FOXO1*, *CACNA1D* o *PLS1*).

CONCLUSIÓN

Los hallazgos proporcionan información relevante para la caracterización de razas autóctonas porcinas europeas y la implementación de nuevas estrategias de conservación y selección.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Muñoz, M., *et al.* 2019. Sci. Rep. 9: 13546. • Wilkinson, S. *et al.* 2013. PLoS Genet. 9: e1003453.

Agradecimientos: La investigación se financió con el programa de investigación e innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea, en virtud del acuerdo de subvención nº 634476. El contenido de este resumen refleja únicamente la opinión del autor y la Agencia de la Unión Europea no es responsable del uso que pueda hacerse de la información que contiene.