ESTUDIO DE LA HUELLA DE LA SELECCIÓN DERIVADA DEL PROCESO DE DOMESTICACIÓN DEL CERDO

Vargas-Donayre[1,2*], D., Ramos-Onsins[1], S., Noce[1], A., Clop[1], A. y Amills[1,2], M.

[1]Centre de Recerca Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra; [2]Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193 *diego.vargas@cragenomica.es

INTRODUCCIÓN

La domesticación animal es un proceso selectivo que involucra cambios notables tanto a nivel morfológico como de comportamiento. La selección artificial que tuvo lugar durante la domesticación dejó una impronta en los genomas de las especies de interés ganadero que todavía puede ser identificada mediante distintas aproximaciones (Gouveia *et al*., 2014). En el ganado porcino, se han descrito señales selectivas en genes relacionados con diversos caracteres de interés económico (crecimiento, reproducción, etc.) y relacionados con el comportamiento (docilidad, estrés y temor a la presencia humana, etc) a través del contraste del genoma del cerdo doméstico moderno y el jabalí (Rubin *et al*., 2012). El objetivo de este trabajo consiste en profundizar en el estudio de la huella de la selección producto de la domesticación porcina mediante el uso de estadísticos basados en la diferenciación genética entre poblaciones, así como en el patrón de desequilibrio de ligamiento.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 101 secuencias genómicas de cerdos de Asia (ASD), jabalíes de Asia (ASW), cerdos de Europa (EUD) y jabalíes de Europa (EUW). Mediante el programa GATK y distintos criterios de filtrado, se identificaron 61.706.958 polimorfismos de nucleótido sencillo que segregaban en el conjunto de secuencias. Las fases haplotípicas se establecieron mediante el programa BEAGLE. El estudio de la huella de la selección se realizó con dos estadísticos: i) el coeficiente de diferenciación F_{ST} y ii) el estadístico XP-EHH, basado en el patrón del desequilibrio de ligamiento. En ambos casos para detectar la huella de la selección se tomaron en cuenta dos comparaciones: (i) EUD *vs*. EUW y (ii) ASD *vs*. ASW. Para ambos estadísticos, se consideraron como relevantes los valores dentro del percentil 99. Con el uso del programa biomaRt se identificaron los genes próximos a las señales de la selección y mediante DAVID se hizo un análisis de enriquecimiento funcional.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Mediante el análisis de la selección con el estadístico F_{ST} se hallaron 610 y 537 genes candidatos a la selección en los contrastes asiático y europeo, respectivamente, de los cuales se compartían 23 entre ambos contrastes. Los genes candidatos a la selección estaban implicados en el desarrollo y la neurogénesis. Por otra parte, usando XP-EHH se detectaron 556 y 609 genes candidatos a la selección en los contrastes asiático y europeo, respectivamente, de los cuales 24 eran comunes en ambas comparaciones. Dentro de estos genes candidatos a la selección se encontraron sobre representados procesos biológicos como la respuesta a estímulos y de comunicación celular. En el contraste de Asia observamos 144 genes candidatos a la selección comunes entre el análisis de la selección mediante F_{ST} y XP-EHH, mientras que en el contraste europeo se obtuvieron 113 genes. Nuestros resultados sugieren que las señales selectivas son específicas de continentes. Además, hay una baja coincidencia entre los genes detectados por ambas aproximaciones debido a que cada estadístico se basa en la detección de señales selectivas diferentes.

CONCLUSIÓN

Nuestro estudio de la selección en porcino sugiere que el proceso de domesticación tuvo características propias en cada continente, y el uso de XP-EHH y F_{ST} en conjunto nos permite detectar genes candidatos a la selección con señales particulares que amplían el estudio de domesticación en cerdo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Gouveia, J.J.D.S. *et al*. 2014. Genet. Mol. Biol. 37: 330-342. • Rubin, C.-J. *et al*. 2012. Proc.Nat. Acad. Sci. 109: 19529-19536.

Agradecimientos: Este trabajo se ha financiado mediante el proyecto MCIIN/AEI/10.13039/5011000 11033 concedido por el Ministerio de Ciencia e Innovación/Agencia Estatal de Investigación y *European Regional Development Fund* (ERDF; A way of making Europe). DV recibió una beca predoctoral FPI PRE2022-104463, MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y FSE.