

VALIDACIÓN DE SNVs ASOCIADOS A LA RESILIENCIA EN LÍNEAS DE CONEJO SELECCIONADAS POR RESILIENCIA Y TAMAÑO DE CAMADA

Biada^{1*}, I., Casto-Rebollo¹, C., Ibáñez-Escriche¹, N., García², M.L., Argente², M.J. y Santacreu¹, M.A.

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València, Valencia 46022,

España; ²Departamento de Tecnología Agroalimentaria, Universidad

Miguel Hernández de Elche, Orihuela, España

*ibiada@posgrado.upv.es

INTRODUCCIÓN

La resiliencia, definida como la capacidad del animal para mantener o recuperar rápidamente su rendimiento ante desafíos ambientales, es clave en la producción ganadera (Hermesch, 2014). Se han identificado variantes de un solo nucleótido (SNV) en genes candidatos asociados a la varianza ambiental del tamaño de camada (VE_{TC}), una medida utilizada como indicador de resiliencia (Casto-Rebollo *et al.*, 2021 y 2020). El objetivo de este estudio es analizar esas mutaciones funcionales en la población seleccionada divergentemente por VE_{TC} y en dos líneas maternas seleccionadas por tamaño de camada (TC) con distinta longevidad. Se estudian las frecuencias alélicas y genotípicas en estas poblaciones, así como su relación con VE_{TC} y TC, con el fin de avanzar en la identificación de genes que puedan tener un papel importante en la resiliencia y la longevidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon 24 SNVs asociados con resiliencia (Casto-Rebollo *et al.*, 2021 y 2020) mediante el QuantStudio 12K Flex Real-Time PCR a partir de muestras de sangre de animales de cuatro líneas genéticas: dos líneas divergentes seleccionadas por alta (H; $n = 175$) y baja (L; $n = 189$) VE_{TC} (Blasco *et al.*, 2017), y dos líneas maternas seleccionadas por TC con diferencias en longevidad. La línea A ($n = 168$) presenta una longevidad estándar, mientras que la línea LP ($n = 175$) presenta el doble de longevidad que la línea A (El Nagar *et al.*, 2021). Se calcularon las frecuencias alélicas y genotípicas y se relacionaron con la VE_{TC} y el TC. Se utilizó el estadístico Kruskal para comparar frecuencias genotípicas entre poblaciones y fenotipos, aplicando la corrección de Bonferroni para pruebas múltiples.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las frecuencias alélicas y genotípicas variaron entre las cuatro poblaciones para 15 SNVs. Los resultados más interesantes se encontraron para las variantes de los genes *FOXI1*, *ITGB8a*, *MC2R* y *FKBP10*. El genotipo CC de *FOXI1* se asoció con menor VE_{TC} ($p = 0,00$) y fue más frecuente en las líneas L (0,81) y LP (0,46), las líneas con mayor resiliencia y longevidad, respectivamente, y menos frecuente en las líneas H (0,20) y A (0,05). Los SNVs *ITGB8a*, *MC2R* y *FKBP10* mostraron una relación desfavorable entre VE_{TC} y TC ($p < 0,02$). Por ejemplo, en el caso del SNV *ITGB8a*, se encontró que el alelo A estaba asociado a una menor VE_{TC} y, en desacuerdo con lo esperado, era más frecuente en la línea H (0,99) que en la línea L (0,89). Además, el alelo C estaba asociado con un aumento de la VE_{TC} (menor resiliencia) y del TC y era más frecuente en la línea L (0,11) que en la H (0,01), evidenciando un antagonismo genético entre mejor resiliencia (baja VE_{TC}) y mayor TC. Estos resultados no están de acuerdo con los resultados previos del experimento de selección divergente por VE_{TC} , la línea L presenta menor VE_{TC} , mayor TC y mayor resiliencia que la línea H (Blasco *et al.*, 2017). Esta asociación del alelo C con un mejor TC estaría de acuerdo con el hecho de que el alelo C es el alelo predominante en las líneas seleccionadas por tamaño de camada (A: 0,77; LP: 0,94).

CONCLUSIÓN

Este estudio aporta información sobre la base genética de la resiliencia mediante el análisis de variantes funcionales asociadas a la resiliencia en cuatro poblaciones de conejos. La distribución genotípica de *FOXI1* sugiere una asociación genética favorable entre resiliencia y longevidad; sin embargo, tres SNVs estudiados mostraron efectos antagónicos entre la resiliencia, medida como VE_{TC} y el tamaño de camada.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blasco *et al.* 2017. Genet. Sel. Evol. 49: 1-8
- Casto-Rebollo *et al.* 2021. Genet. Sel. Evol. 53: 59
- Casto-Rebollo *et al.* 2020. Genet. Sel. Evol. 52: 22
- Hermesch, S. 2014. Breeding Focus 2014 - Improving Resilience.
- Sánchez *et al.* 2008. J. Anim. Sci. 86: 515-525.

Agradecimientos: Agradecemos al proyecto AGROALNEXT y la Generalitat Valenciana por la beca CIACIF/2021/005.