

ANÁLISIS PRELIMINAR DE ROH EN DOS LÍNEAS DIVERGENTES DE RATÓN SELECCIONADAS PARA PESO AL NACIMIENTO

Ojeda-Marín¹, C., Gutiérrez¹, J.P., Formoso-Rafferty², N., Goyache³, F. y Cervantes¹, I.
¹Dpto. Producción Animal, Facultad de Veterinaria, UCM, Madrid. ²Dpto. Producción Agraria, E.T.S.I.A.A.B, UPM, Madrid. ³SERIDA-Deva, Gijón, Asturias; candelao@ucm.es

INTRODUCCIÓN

Los *runs of homozygosity* (ROH) son segmentos continuos y homocigotos de la secuencia de DNA (Ceballos *et al.*, 2018), transmitidos por un ancestro común. Los ROH han sido utilizados en distintas poblaciones animales para estimar la consanguinidad genómica y para detectar diferencias en el genotipo derivadas de la selección (Peripolli *et al.*, 2016). Formoso-Rafferty *et al.* (2020) demostraron que la selección divergente para peso al nacimiento en ratones es factible y que los animales homogéneos presentan indicadores de robustez más altos. El objetivo de este estudio es analizar el patrón de ROH en los animales de las dos líneas de selección divergente (alta variabilidad y baja variabilidad del peso al nacimiento).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon mediante el panel Affimetrix Mouse Diversity Genotyping Array 383 hembras de 12 generaciones de selección; 174 fueron de la línea de alta variabilidad (AV) y 209 de la línea de baja variabilidad (BV). Después de aplicar los filtros de calidad, un total de 586,123 SNPs se utilizaron para los análisis de ROH con el software PLINK 1.07 (Purcell *et al.*, 2007). Se calculó la consanguinidad molecular individual a partir de los ROH (F_{ROH}) como la suma total de la longitud de los fragmentos entre la longitud cubierta por SNPs del genoma autosómico (McQuillan *et al.*, 2008). También se calculó la consanguinidad individual a partir del pedigrí (F_{PED}) (Meuwissen y Luo, 1992). Se estudió la evolución de F_{ROH} y F_{PED} en las dos líneas para las generaciones consideradas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

F_{ROH} fue 0.57 en AV y 0.56 en BV. En la primera generación la media fue 0,55 en ambas líneas. Siete generaciones después fue 0.61 en AV y 0.57 en BV. F_{PED} fue de media 0.088 en AV y 0.083 en BV. F_{PED} en la primera generación en AV fue 0.03 y 0.02 en BV, y siete generaciones después fue 0.10 en AV y 0.11 en BV. La correlación entre F_{ROH} y F_{PED} fue 0.58. En ambas líneas se encontró un mayor porcentaje de fragmentos de 1 Mb a 2 Mb, 35.44% BV y 35.24% en AV. El porcentaje menor de fragmentos fue de >10 Mb, 10,97% en AV y 10,38% en BV.

Estos resultados sugieren que la selección divergente realizada podría estar repercutiendo en la cantidad y distribución de ROH en las distintas líneas. Se puede observar que los animales de AV presentaron mayor F_{ROH} y mayor porcentaje de fragmentos largos, lo que puede sugerir mayores efectos deletéreos debidos a consanguinidad reciente en esta línea (Szpiech *et al.*, 2013). F_{ROH} y F_{PED} tuvieron una correlación alta, pero F_{ROH} demostró diferencias a nivel molecular entre las dos líneas. Estas diferencias podrían ser consecuencia de la selección (Zhang *et al.*, 2015, Grilz-Seger *et al.*, 2019).

CONCLUSIÓN

Los resultados observados sugieren que podrían existir diferencias en la distribución y cantidad de ROH entre las líneas de AV y BV que podrían estar relacionadas con la selección realizada.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ceballos, F.C. *et al.* 2018. Nat. Rev. Gen. 19: 220-234
- Peripolli, E. *et al.* 2016. Anim. Genet. 48: 255-271.
- Formoso-Rafferty, N. *et al.* 2020. Animals. 10: 920
- Purcell, S. *et al.* 2007. Am. J. Hum. Genet. 81: 559-75.
- McQuillan, R. *et al.* 2008. Am. J. Hum. Genet. 83: 359-372.
- Meuwissen, T.H.E. & Lou, Z. 1992. Genet. Sel. Evol. 24: 305-313.
- Szpiech, Z.A. *et al.* 2013. Am. J. Hum. Genet. 93: 90-102.
- Zhang, Q. *et al.* 2015. BMC Genetics. 16: 542
- Grilz-Seger, G. *et al.* 2019. Anim. Gen. 50: 334-346.

Agradecimientos: el estudio se realizó con un proyecto del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades PGC2018-096198-A-100. C.O.M. tiene un Contrato Predoctoral UCM y Banco Santander 2019-2020. CEGEN-PRB3-ISCIII; financiado por PT17/0019, de PE I+D+i2013-2016; financiado por ISCIII y ERDF.