

# **Análisis preliminar de huellas de selección divergente para homogeneidad de peso al nacimiento en ratón**

*Candela Ojeda-Marín<sup>1</sup>, Juan Pablo Gutiérrez<sup>1</sup>, Nora Formoso-Rafferty<sup>2</sup>, Félix Goyache<sup>3</sup> e Isabel Cervantes<sup>1</sup>.*

<sup>1</sup> *Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, 28040, UCM, Madrid, España.*

[candelao@ucm.es](mailto:candelao@ucm.es) (corresponding Autor)

<sup>2</sup> *Departamento de Producción Agraria, E.T.S.I.A.A.B., 28040, UPM, Madrid, España.*

<sup>3</sup> *SERIDA-Deva, 3394, Gijón, Asturias, España.*

## **Resumen**

La selección divergente de la variabilidad de peso al nacimiento es factible y además está ligada a la robustez. Este estudio pretende identificar huellas de selección en dos líneas divergentes de alta variabilidad (AV) y baja variabilidad (BV) para peso al nacimiento en ratones e identificar áreas genómicas de posible importancia para robustez. Se genotiparon 115 individuos de la línea AV y 130 de la línea BV de las generaciones 23-26 de selección con el Mouse Diversity Genotyping Array de Affymetrix. Además, se genotiparon 77 (19 individuos de la población fundadora del experimento y 58 obtenidos de una población control) como población de referencia (PR). Después de aplicar controles de calidad estándar y de eliminar los SNPs monomórficos y los pertenecientes a cromosomas sexuales y ADN mitocondrial se mantuvieron 218.137 SNPs. Se aplicaron tres metodologías estadísticas de detección de huellas de selección: detección de SNPs atípicos mediante análisis de componentes principales, XP-EHH para la detección de fijación diferencial de haplotipos entre poblaciones y nSL que utiliza la tasa de recombinación para detectar huellas de selección. Para calcular los estadísticos XP-EHH y nSL se utilizó el software Selscan y para el análisis de componentes principales se utilizó el paquete de R pcadapt. Se definieron regiones flanqueantes de 15 kb (distancia promedio entre dos SNPs consecutivos en nuestro panel) para cada SNP identificado como estadísticamente significativo en cada método. Mediante solapamiento entre regiones flanqueantes de SNPs identificados utilizando, al menos, dos metodologías, se definieron regiones genómicas candidatas. En la línea de AV se definieron 10 regiones candidatas en los cromosomas 1, 2, 3, 7, 14 y 17 y que sumaron un total de 84.53 Mb. En la línea de BV se definieron 7 regiones candidatas en los cromosomas 2, 11, 15 y 19 y que sumaron un total de 50.89 Mb. Los genes codificantes localizados en las regiones candidatas se anotaron mediante la base de datos ENSEMBL y se realizó un análisis funcional con la herramienta DAVID. En la línea de BV se identificaron 2 clústeres funcionales significativos con un total de 7 genes implicados en funciones celulares relacionadas, entre otras funciones, con el desarrollo embrionario como *Cdh12*, que codifica para una cadherina tipo dos que desempeña un papel en el desarrollo del sistema nervioso central y en el correcto funcionamiento del cerebro de ratones adultos. Además, estos genes también están relacionados con el sistema somatosensorial, en concreto con el sentido del olfato, como *Olf115* que codifica para receptores del olfato. No se encontró ningún clúster significativo en la línea de AV. Este análisis demuestra que existen regiones diferenciadas entre las líneas de AV y BV que podrían estar relacionadas con la selección divergente y con las diferencias de robustez entre líneas. No obstante, se requieren nuevos análisis para confirmar la hipótesis de que estas regiones son las causantes de las diferencias observadas.

*Palabras clave: robustez, bienestar, selección divergente*