

Revisión de estudios de huellas de selección relacionadas con la capacidad adaptativa de la especie ovina: interpretación de resultados.

A. Suárez-Vega, R. Arribas-Gonzalo, M. Alonso-García, H. Marina, R. Pelayo, J.J. Arranz & B. Gutiérrez-Gil

Grupo de Mejora Genética de la Universidad de León (MEGA-ULE). Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria. Universidad de León, Campus de Vegazana, s/n 24007, León, España
bgutg@unileon.es (Corresponding Author)

Resumen

En la actualidad, la capacidad de adaptación de las especies ganaderas está tomando gran relevancia, dado que las alteraciones climáticas y otros retos ambientales pueden afectar negativamente la capacidad productiva de los animales. La oveja (*Ovis aries*) es una de las especies domesticas que presenta mayor diversidad y capacidad de adaptación, pudiendo soportar sistemas de producción en condiciones agroecológicas extremas. En los últimos años, entre los estudios de detección de huellas de selección en la oveja, destaca el elevado número de trabajos centrados en la identificación de huellas selectivas asociadas a caracteres de adaptación. Los análisis de mapeo de huellas de selección presentan importantes dificultades de interpretación siendo necesaria la combinación de varios métodos diferentes para confirmar los resultados (F_{ST} , EHH, etc). Además, la asociación de las huellas identificadas a un fenotipo concreto también es difícil de inferir, sobre todo para caracteres complejos. Considerando estas limitaciones, el objetivo del presente estudio fue la caracterización, mediante la interpretación de resultados publicados, de aquellas regiones del genoma ovino que se encuentran claramente asociadas a la capacidad adaptativa de la especie ovina, con el fin de identificar genes y rutas biológicas asociados al potencial de adaptación de esta especie. Para ello, se realizó una revisión sistemática de 12 estudios centrados en el tema objeto de interés, y partiendo de 540 señales de selección individuales, la aplicación de una serie de criterios objetivos permitió identificar un total de 40 huellas de selección confirmadas por dos o más autores. Los 268 genes anotados, según el genoma de referencia ovino, en dichas regiones fueron analizados mediante varios análisis de enriquecimiento funcional usando la herramienta *ToppGene Suite*. Entre los términos significativamente enriquecidos identificados en el análisis de la categoría *GO-Biological Process* destacaron los relacionados con la regulación del metabolismo de los ácidos nucleicos y el desarrollo embrionario, esquelético, del aparato reproductor y de la piel. El análisis frente a la base de datos *Pathway* identificó como significativo el término “*Focal Adhesion*”, asociado a los procesos por los que las células interactúan y se comunican con el ambiente. Otros términos resaltados por este análisis fueron los relacionados con rutas biológicas involucradas en la pigmentación, la respuesta inflamatoria, la regulación de la maduración de los precursores eritroides y el desarrollo embrionario. Estos resultados, junto con la anotación de QTLs realizada con el programa *GALLO* para las 40 regiones confirmadas, han permitido identificar una amplia variedad de procesos biológicos y de genes candidatos funcionales cuyo futuro estudio podría ayudar a mejorar la capacidad adaptativa de las poblaciones ovinas.

Keywords: oveja, selección, adaptación, huellas de selección