

Detección de la huella de selección en porcino mediante la integración de datos genómicos y transcriptómicos

D. Vargas-Donayre^{1,2*}, S. Ramos-Onsins¹, A. Noce¹, A. Clop¹, M. Amills^{1,2}

¹Centre de Recerca Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, España.

²Departament de Ciència Animal i dels Aliments Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, España.

* Corresponding autor: diego.vargas@cragenomica.es

Resumen

Durante el proceso de domesticación del cerdo, la selección artificial ejercida por el ser humano conllevó importantes cambios en la morfología, productividad, reproducción, comportamiento y adaptabilidad de dicha especie. El objetivo de este trabajo consiste en identificar la huella de la selección en el genoma porcino, mediante el uso de datos de secuencia de genomas completos, y la posterior integración de dicha información con datos transcriptómicos con la finalidad de comprender mejor el impacto de la selección en los distintos órganos y tejidos porcinos. Para ello, se obtuvieron 101 genomas completos de *Sus scrofa* (jabalí y cerdo doméstico) de Europa y Asia y se realizó la identificación de polimorfismos nucleotídicos sencillos (SNPs) con el programa GATK v4.1.6. Para detectar regiones genómicas potencialmente afectadas por la selección, se calculó el coeficiente de diferenciación F_{ST} , en ventanas deslizantes de 40 kb; comparando las secuencias de cerdo doméstico y jabalí, tanto en Asia como en Europa. Se trabajó con ventanas genómicas que presentaban más de 10 SNPs, y a partir del F_{ST} promedio de todas las ventanas se determinó el Z-score. Se consideró que una región genómica era candidata a haber sido diana de la selección cuando el Z-score de la correspondiente ventana fue mayor a 3. Por otro lado, se determinó el grado de expresión tejido-específica de genes de *Sus scrofa*, a partir de las matrices de expresión de 31.908 genes expresados en 26 tejidos analizados en el contexto del proyecto PigGTE_x, mediante el cálculo del índice de tau ($\tau > 0.85$, siendo $\tau = 0$ un indicador de genes con expresión ubicua y $\tau = 1$ un indicador de un gen que sólo se expresa en un tejido). Para la anotación de genes candidatos, se usó el paquete BioMart de la base de datos Ensembl. Los resultados obtenidos evidenciaron la existencia de 1.398 ventanas genómicas con Z-score > 3 en la población asiática, las cuales contienen 726 genes de los cuales 141 tienen un perfil de expresión tejido-específica. En cambio, en la población europea se detectaron 1.213 ventanas candidatas que comprendían 597 genes, de los cuales 145 tienen un patrón de expresión tejido-específico. El análisis de estos genes, aquí utilizados como un “proxy” de marcadores de tejido específico debido a la especificidad de su expresión, contribuirá a dilucidar el impacto de la domesticación y la selección sobre los distintos órganos y tejidos porcinos.

Keywords: domesticación, Sus scrofa, huella de la selección, expresión tisular