

Comparación Genética de Jabalíes y Cerdos Domésticos

Reves Ramos Luz María

Sánchez Castro Gustavo

Este estudio explora las diferencias genéticas entre el jabalí salvaje (Sus scrofa) y el cerdo doméstico (Sus scrofa domesticus) a través del análisis de ADN mitocondrial.



Introducción

Domesticación Animal

La domesticación de animales ha sido un proceso fundamental en la evolución de las civilizaciones humanas, proporcionando recursos esenciales como alimento, trabajo y compañía.

Modelo de Estudio

El cerdo doméstico (Sus scrofa domesticus) y su ancestro, el jabalí (Sus scrofa);cómo la domesticación afecta la estructura genética de una especie.

1 2 3

Cambios Genéticos

La cría y selección de animales con características deseadas, ha llevado a cambios significativos en la variabilidad genética de las especies domesticadas en comparación con sus contrapartes salvajes.





Objetivo

1 Análisis de ADN Mitocondrial

Para comparar la variabilidad genética entre jabalíes (Sus scrofa) y cerdos de granja (Sus scrofa domesticus).



2 Caracterización de Variantes

Se caracterizarán inserciones, deleciones y sustituciones mediante herramientas bioinformáticas para detectar variaciones genéticas.



3 Evaluación de Diversidad

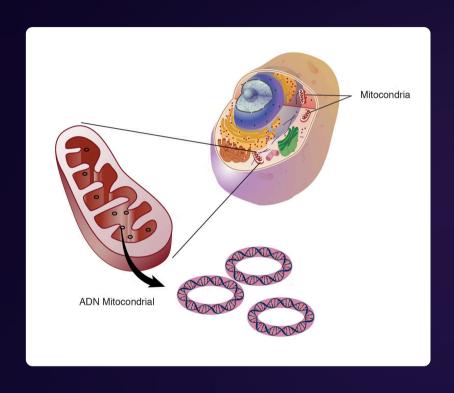
Se evaluará la diversidad haplotípica y nucleotídica en cada población, construyendo un árbol filogenético robusto para visualizar las relaciones evolutivas entre las secuencias.



4 Impacto de la Domesticación

Se investigará cómo la domesticación ha afectado la estructura genética del ADN mitocondrial en cerdos de granja en comparación con jabalíes, utilizando análisis filogenéticos y estadísticos.





Porque ADN mitocondrial?

- Herencia materna directa: simplifica el rastreo de linaje
- Alta tasa de mutación: Su rápida evolución genética permite reconstruir relaciones evolutivas detalladas y estudiar cómo la domesticación ha moldeado la diversidad genética en especies como los cerdos y los jabalíes.

Materiales y Métodos

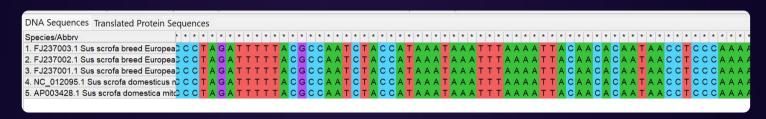
____ Datos

Secuencias de ADN mitocondrial de tres jabalíes específicos (Sus scrofa) wild boar European y dos cerdos de granja (Sus scrofa domesticus) Large White fueron descargadas de GenBank para su análisis comparativo.



2 Alineamiento de Secuencias

Las secuencias fueron alineadas utilizando el software MEGA (v11.3) con el programa Clustal X para garantizar una alineación precisa y robusta



3 ____ Identificación y Caracterización de Variantes Genéticas:

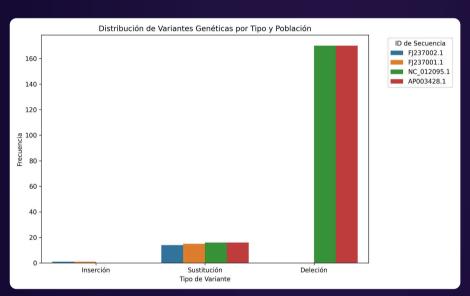
Cada variante genética identificada se caracteriza mediante:

- La posición exacta en el genoma mitocondrial.
- El tipo de variante (inserción, deleción o sustitución).
- Una descripción detallada que especifica que base se insertó, eliminó o sustituyó en esa posición.

```
Posición, Base de Referencia, ID de Secuencia, Base, Tipo de Variante, Descripción 384, -, FJ237002.1, A, Inserción, Inserción de A en posición 384 384, -, FJ237001.1, A, Inserción, Inserción de A en posición 384 3043, T, NC_012095.1, C, Sustitución, Sustitución de T por C en posición 3043 3043, T, AP003428.1, Col 4: Base ón, Sustitución de A por G en posición 3933
```

4 — Análisis de Frecuencias de Variantes:

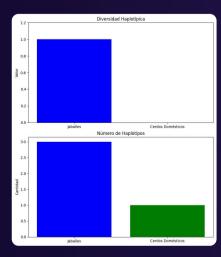
Se compara las frecuencias de variantes genéticas entre jabalíes y cerdos domésticos



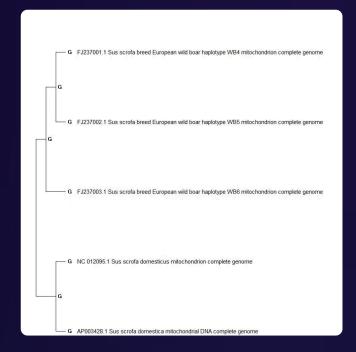
5 Evaluación de la Diversidad Genética

Se calcularon medidas de variabilidad genética, incluyendo la diversidad haplotípica y nucleotídica,

dentro de cada grupo (jabalíes vs. cerdos domésticos)



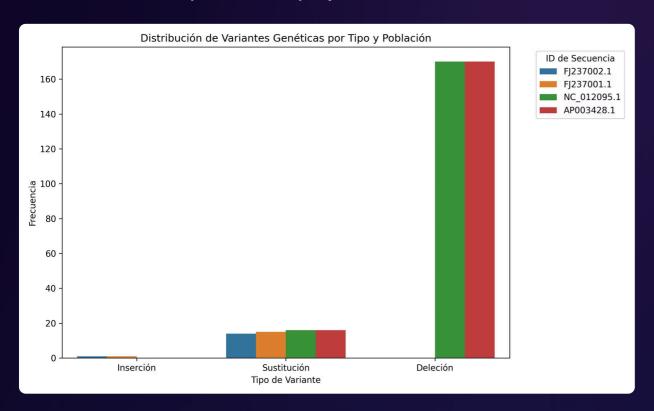
6 — Construcción del Árbol Filogenético

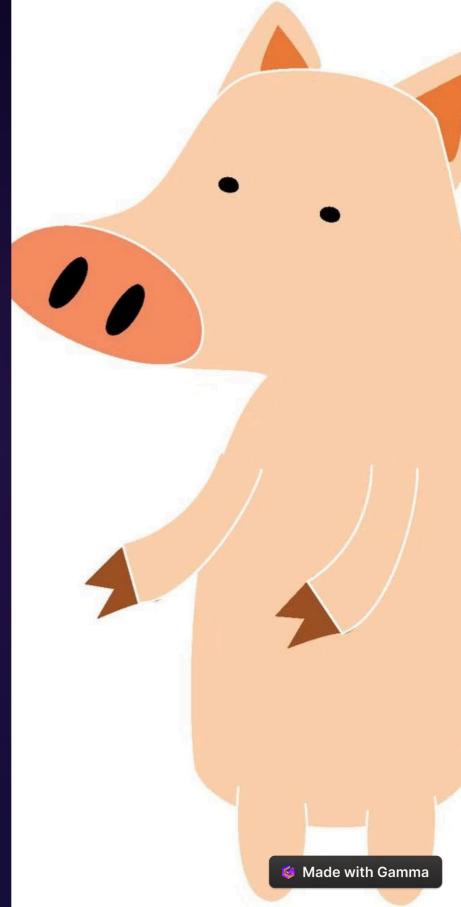


Análisis de Frecuencias de Variantes

Tipo de Variante	Jabalíes	Cerdos Domésticos
Inserción	2	0
Sustitución	29	32
Deleción	0	340

Se identificaron un total de 371 variantes genéticas en las secuencias de ADN mitocondrial de jabalíes salvajes y cerdos domésticos.





Construcción del Árbol Filogenético

1

Clado de Jabalíes Europeos

Este clado agrupa tres secuencias de jabalíes europeos: FJ237001.1, FJ237002.1 y FJ237003.1.

2

Clado de Cerdos Domésticos

Este clado incluye dos secuencias de cerdos domésticos: NC 012095.1 y AP003428.1.

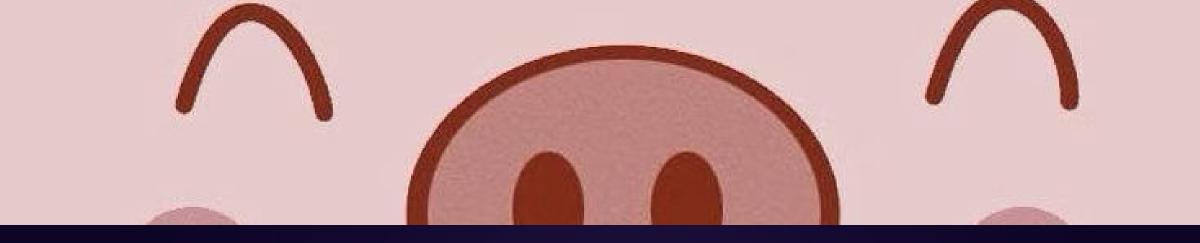
3

Distancias Genéticas

La distancia genética entre los clados de jabalíes y cerdos domésticos es notable, lo que sugiere una divergencia significativa entre las poblaciones salvajes y domesticadas.

G FJ237001.1 Sus scrofa breed European wild boar haplotype WB4 mitochondrion complete genome
G FJ237002.1 Sus scrofa breed European wild boar haplotype WB5 mitochondrion complete genome
G FJ237003.1 Sus scrofa breed European wild boar haplotype WB6 mitochondrion complete genome
G NC 012095.1 Sus scrofa domesticus mitochondrion complete genome
G AP003428.1 Sus scrofa domestica mitochondrial DNA complete genome

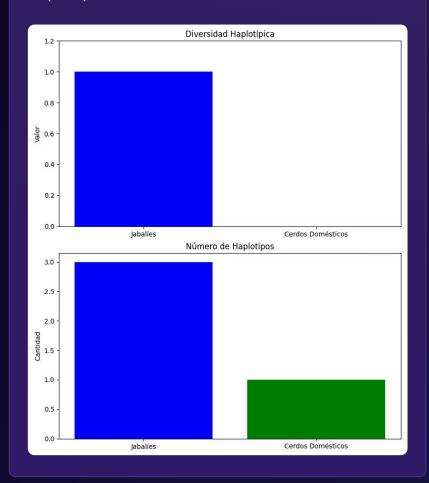




Evaluación de la Diversidad Genética

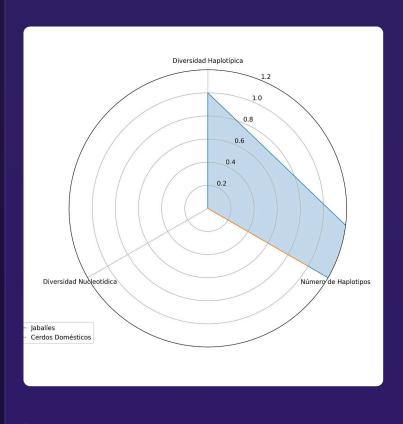
Diversidad Haplotípica

Los jabalíes exhibieron una diversidad haplotípica notablemente alta, con un total de 3 haplotipos identificados y una diversidad haplotípica de 1.0.



Diversidad Nucleotídica

Los jabalíes presentaron una mayor variabilidad genética con una diversidad nucleotídica de 0.0006296, mientras que los cerdos domésticos mostraron una diversidad nucleotídica nula





Discusión



Diferencias Genéticas

Las deleciones son más frecuentes en cerdos domésticos debido a la selección artificial, mientras que las sustituciones también muestran diferencias sutiles, con una ligera predominancia en cerdos, posiblemente relacionada con características de producción.





Impacto de la Domesticación

La domesticación ha reducido significativamente la diversidad genética en cerdos domésticos en comparación con jabalíes europeos, que mantienen alta diversidad haplotípica y adaptabilidad robusta



Comparación con Estudios Previos

Los resultados obtenidos en este proyecto tienden a ser coherentes con las consultas que se han hecho en la literatura existente sobre la genética de la domesticación en cerdos.

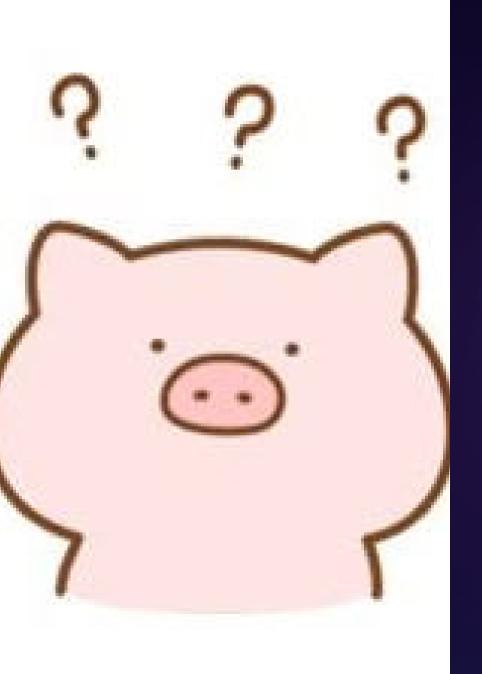




Conclusiones

Se encontraron diferencias genéticas significativas entre jabalíes y cerdos domésticos a nivel de ADN mitocondrial, con cerdos mostrando más deleciones y menor diversidad genética. Esto destaca el impacto de la domesticación en la genética porcina, aunque se requiere más investigación.





Desafíos y Futuras Direcciones

A pesar de los hallazgos preliminares, este estudio enfrenta desafíos y limitaciones que deben abordarse en futuras investigaciones para obtener una comprensión más profunda y un resultado más robusto.

Ampliar el tamaño de la muestra y considerar datos genómicos adicionales es crucial. Investigar las implicaciones funcionales de las variantes genéticas y entender cómo factores ambientales y de cría afectan la diversidad genética proporcionará una comprensión más completa de la evolución y adaptación de estas especies