

CARACTERIZACIÓN POBLACIONAL DE CINCO RAZAS ITALIANAS DE BOVINO DE CARNE

Rovelli^{1,2}, G., Luigi-Sierra², M.G., Ceccobelli³, S., Guan², D., Perini¹, F., Sbarra⁴, F., Quaglia⁴, A., Sarti¹, F.M., Amills^{2,5}, M. y Lasagna¹, E.

¹Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali (DSA3), Universidad de Perugia, 06121 Perugia, Italy. ²Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain. ³Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari ed Ambientali (D3A), Università Politecnica delle Marche, 60131 Ancona, Italy; ⁴Associazione Nazionale Allevatori Bovini Italiani Carne (ANABIC), 06132 San Martino in Colle, Perugia, Italy. ⁵Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain; giacomo.rovelli@studenti.unipg.it

INTRODUCCIÓN

Las razas italianas Marchigiana (MAR), Chianina (CHI), Romagnola (ROM), Maremmana (MRM) y Podolica (POD) producen carne magra de alta calidad. La selección genética fue implementada por la Asociación Nacional de Criadores de Bovinos de Carne de Italia (ANABIC) y tenía como objetivo mejorar la producción de carne, la precocidad, la capacidad de crecimiento y el desarrollo muscular de los animales. El objetivo del presente estudio consiste en investigar la estructura poblacional de estas cinco razas de ganado de carne italianas así como sus relaciones genéticas.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio incluyó 3581 toros jóvenes de las razas CHI (909), MAR (879), ROM (904), MRM (334) y POD (555). Las muestras se recolectaron en la estación genética ANABIC durante la prueba de rendimiento de 1985 a 2019. Los toros fueron genotipados en 2019 con el chip GeneSeek® Genomic Profiler™ Bovine LDv4 33K (Illumina Inc., San Diego, CA, USA). Los SNPs se filtraron con el software PLINK v1.9 (Chang *et al.*, 2015), eliminando i) SNP con tasas de llamada inferiores al 90%, ii) MAF inferior 5%, iii) genotipos faltantes menos del 1%, y iv) desviación equilibrio de Hardy-Weinberg $<10^{-3}$ (Amaral *et al.*, 2020). Se realizó un análisis de componentes principales (PCA) usando PLINK v1.9 (Chang *et al.*, 2015), y se utilizó el mismo software para calcular r^2 , un coeficiente que define la cantidad de desequilibrio de ligamiento. La composición genética de las 5 razas se investigó con el software ADMIXTURE v1.3.0 (Alexander *et al.*, 2009) mientras que los coeficientes F_{ST} se calcularon con Arlequin v3.1 (Excoffier *et al.*, 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados de PCA y ADMIXTURE demuestran que las razas especializadas (MAR, CHI y ROM) y las rústicas (MRM y POD) no agrupan juntas, y además presentan fondos genéticos claramente diferenciados ($K=5$). Ello concuerda con el hecho que las razas especializadas y rústicas difieren en términos de manejo en granja, intensidad de selección y reproducción (Maretto *et al.*, 2012). En cuanto al coeficiente F_{ST} , los valores estimados se encuentran entre 0.039 (CHI vs MAR, y POD vs CHI) y 0.056 (MRM vs. CHI). Los valores de F_{ST} indican una baja diferenciación entre las razas especializadas y POD. Ello es esperable, si se tiene en cuenta que las razas especializadas derivan del ganado Podolico y están sometidas a programas de selección similares (Guarcini, 2009).

CONCLUSIÓN

En este estudio, por primera vez, todas las principales razas de ganado de carne italianas fueron investigadas mediante un enfoque genómico para evaluar relaciones genéticas entre ellas. Los resultados de estos análisis confirman las diferencias entre las razas rústicas y especializadas. La MAR es la raza especializada más similar a la rústicas debido a los múltiples cruces que la originaron, mientras que la MRM es la más diferente al resto porque es la raza más antigua de las cinco.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Alexander, D.H. *et al.* 2009. Genome Res. 19: 1655-1664. • Amaral, A.J. *et al.* 2020. Animals. 10: 1089. 2006. • Chang, C. *et al.* 2015. Gigascience 4: s13742-015. • Excoffier, L. *et al.* 2005. Evol. Bioinform. 1: 117693430500100003. • Guarcini, R. 2009. Taurus. 3: 39-46. • Maretto, F. *et al.* 2012. Livest. Sci. 150: 256-264.

Agradecimientos: Los autores desean dar las gracias a ANABIC por seleccionar y proporcionar la información fenotípica y los datos sobre los SNPs de las razas de bovino Italiano de carne.