

CONSANGUINIDAD Y ROHS EN LA GALLINA CASTELLANA NEGRA POR NEXT GENERATION SEQUENCING

García Gil*, M., Peiró-Pastor, R., Rauw, W.M., Torres, O. y Gómez Raya, L.
Dpto. de Mejora Genética Animal. Instituto Nacional de Investigación Agraria y Agroalimentaria (INIA-CSIC). Ctra. A Coruña, km. 7,5, 28040 Madrid
*ggil@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

El programa de conservación de razas autóctonas de gallinas españolas se inició en 1975. La evaluación y control de la consanguinidad es consustancial a los programas de conservación. Los métodos de evaluar la consanguinidad tradicional basados en pedigríes no son viables en el contexto actual del programa de conservación con 12 razas y un total de entre 3000 y 4000 animales vivos debido a los costos económicos necesarios en términos de instalaciones y personal. Desde su inicio se intentó controlar la tasa de la consanguinidad mediante un gran tamaño de población en cada una de las razas. Las nuevas herramientas moleculares como Next Generation Sequencing (NGS) permiten evaluar la consanguinidad utilizando Runs of Homozygosity (ROHs) que son la suma total de fragmentos homocigotos de ADN respecto al tamaño total del genoma para cada individuo. El objetivo de este trabajo es por primera vez evaluar la consanguinidad del programa de conservación utilizando NGS y ROHs en 20 gallinas de Castellana Negra (CN).

MATERIAL Y MÉTODOS

DNA de 20 gallinas de CN se utilizaron para NGS en el centro de secuenciación de BGI en Hong-Kong. Los genomas se alinearon con el Burrows-Wheeler Aligner y el genoma de referencia de GRCg7w. Para la estimación de los ROHs se utilizó una ventana de 25 SNPs o más para cada uno de los 39 autosomas y programas propios (Gomez-Raya *et al.*, 2019).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con la utilización de las NGS para 20 gallinas CN ha dado como resultado la detección de cerca de 10 millones de SNPs, de los que solo alrededor del 5 % habían sido descritos anteriormente. Se han detectado un total de 322.078 ROHs con un tamaño entre 0,082 y 2.060,587 kb. La gran mayoría resultó ser de tamaño pequeño con un 90 % de ROHs <40 kb. La estimación de consanguinidad usando ROHs fue con un rango del coeficiente de consanguinidad de entre 0,31 y 0,48 para las 20 CN. Se observó una gran variabilidad del coeficiente consanguinidad promedio por cromosoma, con GGA8 y GGA12 de 0,44 y 0,40 mientras que GGA32 y GGA37 solo tuvieron 0,02 y 0,01, respectivamente.

CONCLUSIÓN

Los resultados de NGS indican que existe una gran variabilidad genética en la raza CN pero con una muy alta consanguinidad estimada por ROHs. A pesar de la alta consanguinidad, la longitud de los ROH fue muy pequeña, lo cual no se explica por los apareamientos del programa de conservación. La explicación que hemos encontrado es que la alineación del mapa de referencia GRCg7w no está completa y necesita mejoras para poder detectar consanguinidad reciente (ROHs de tamaño grande). Los cromosomas de mayor tamaño presentan mayor consanguinidad que los pequeños. Se investigarán medidas para el reducir la consanguinidad y para su control en el programa de conservación: 1) utilización de inseminación artificial con genética externa al programa de conservación; 2) manejo de apareamientos con machos nacidos un año anterior al nacimiento de las hembras y 3) incremento del intervalo generacional.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gomez-Raya, L., Rauw, W.M., Dunkelberger, J.R. and Dekkers, J.C., 2019. *Frontiers in Genetics*, 10: 739.

Agradecimientos: Programa de Conservación, RPG2001-001 "Conservación *in vivo* e *in vitro* de 12 poblaciones de razas españolas tradicionales de gallinas".