

EVALUACIÓN DE LA CONEXIÓN ENTRE LAS POBLACIONES OVINAS MANECH TÊTE ROUSSE Y LATXA CARA RUBIA

Granado-Tajada^{1*}, I., Rodríguez-Ramilo², S.T., Astruc³, J.M. y Ugarte¹, E.

¹Departamento de Producción Animal, NEIKER-BRTA, Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Campus Agroalimentario de Arkaute, s/n, 01192 Arkaute, España; ²INRAE, UMR 1388 GenPhySE, 31326 Castanet Tolosan, Francia; ³IDELE, 31326 Castanet Tolosan, Francia
*igranado@neiker.eus

INTRODUCCIÓN

Debido a la proximidad geográfica y el uso de pastos comunales en el Pirineo, el intercambio de animales entre las poblaciones de Latxa Cara Rubia (LCR) y Manech Tête Rousse (MTR) ha sido recurrente a lo largo de los años. Además, el programa de mejora de LCR ha importado semen MTR de forma sistemática desde 2010. Disponer de información genómica de ambas poblaciones abre la posibilidad de estudiar el efecto de esta introgresión a nivel de genoma (Granado-Tajada *et al.*, 2020). Este trabajo tiene como objetivo analizar cómo ha evolucionado el genoma de la población LCR tras más de una década de inseminaciones con MTR.

MATERIAL Y MÉTODOS

Partiendo del libro genealógico de LCR, se obtuvo la información genómica (50K marcadores) de 784 y 765 machos de inseminación artificial de LCR y MTR, respectivamente. Tras el filtrado de calidad, se dispuso de un total de 1.549 animales y 31.258 SNP. El parentesco basado en SNPs entre dos individuos i y j ($f_{SNP_{ij}}$) se calculó utilizando la definición de Malécot (1948), como:

$$f_{SNP_{ij}} = \sum_{k=1}^{n_{SNP}} (I_{11,k} + I_{12,k} + I_{21,k} + I_{22,k}) / 4n_{SNP}$$

donde n_{SNP} es el número total de SNPs, $I_{xy,k}$ es una variable indicadora que es igual a 1 cuando un alelo de un individuo y un alelo del otro individuo en el SNP k son iguales y 0 si no lo son. Además, se analizó el cambio en f_{SNP} en el tiempo comparando individuos antiguos con los más jóvenes (20 % de los genotipados en cada caso). También se estimó para cada individuo la proporción de cada origen con el software ADMIXTURE v1.3.0 (Alexander *et al.*, 2009). Finalmente, se detectaron segmentos de homocigotos con el software detectRUNS (Biscarini *et al.*, 2018).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados muestran que comparando con Granado-Tajada *et al.* (2020) el f_{SNP} se ha incrementado tanto dentro de cada población como entre ellas, siendo el aumento doble en este último caso. El incremento en el tiempo sigue el mismo patrón, siendo el incremento de MTR menor (0,6%), y más elevado tanto en LCR (1,5%) como entre ambas poblaciones (2%). En cuanto al origen individual, se observa que MTR ha mantenido en el tiempo las proporciones de sus orígenes con un 20% de LCR, en cambio en LCR se han modificado las proporciones que inicialmente eran del 34% de MTR situándose actualmente en torno a 66%. Este resultado concuerda con la detección en el cromosoma 6 del segmento de homocigotos que había sido ya descrito en MTR (Rodríguez-Ramilo *et al.*, 2021), y posiblemente está relacionado con la presencia de dos genes candidatos (*NCAPG* y *LCORL*) asociados con el control del peso y talla en ovino.

CONCLUSIÓN

El constante uso de sangre francesa MTR en la población de LCR, se ve reflejado en el genoma que muestra poblaciones más similares y cercanas entre sí. El parentesco entre LCR y MTR se ha incrementado más que en cada población y comparten segmentos de homocigotos. Por lo tanto, estas poblaciones son cada vez más cercanas y su evolución tiende a unirse en una misma línea genética.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Alexander, D.H. *et al.* 2009. Genome Res. 19: 1655-1664 • Biscarini, F. *et al.* 2018. <https://CRAN.R-project.org/package=detectRUNS>. • Granado-Tajada, I. *et al.* 2020. J Dairy Sci. 103: 5215-5226 • Malécot, G. 1948. Masson & Cie, Paris, France. • Rodríguez-Ramilo, S.T. *et al.* 2021. J Dairy Sci. Com. 2: 132-136.

Agradecimientos: A CONFELAC y CDEO, por la aportación de datos genómicos. A POCTEFA por la financiación del proyecto ARDI2 (EFA032/01) en el que se encuadra este trabajo.