

BA5. Análisis de Bloques de Homocigosidad en cabras lecheras españolas para estimar la endocría a nivel genómico

Ziegler, T. E. (1); Molina A. (2); Demyda Peyras, S. (3,4)*.

(1) Instituto de Genética Veterinaria IGEVET Av. 60 y 118 s/n, (1900) Buenos Aires, Argentina. (2) Departamento de genética, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales Ctra, Madrid-Cádiz, km 396, 14071 Córdoba, España. (3) Universidad Nacional de La Plata. Facultad de Ciencias Veterinarias. Av. 60 y 118 s/n, (1900) Buenos Aires, Argentina. (4) CONICET, CCT-La Plata, La Plata 1900, Argentina. *sdemyda@fcv.unlp.edu.ar

Los ROH (bloques de homocigosidad) son regiones del genoma de longitud dada que se encuentran en homocigosis. Su análisis mediante SNP-arrays es actualmente la técnica de elección para evaluar los niveles de endogamia de individuos y poblaciones, permitiendo además descifrar la historia y los procesos adaptativos y selectivos a los que fueron sometidos las poblaciones en estudio. Sin embargo su uso en cabras es aún incipiente.

El presente estudio analiza 174 cabras españolas (87 hembras y 87 machos) pertenecientes a la raza Florida que han sido genotipadas mediante el Illumina GoatSNP50 BeadChip (55,000 marcadores). Posteriormente se determinaron los ROH existentes en cada individuo con el paquete "DetectRUNS en el entorno estadístico R. Los animales fueron separados por sexo (2 niveles) y longitud (4 niveles) y comparados mediante pruebas estadísticas específicas.

El análisis general (sin tener en cuenta el largo) no demostró diferencias entre los sexos. Similares resultados se obtuvieron cuando se compararon los diferentes largos de ROH analizados: ROH 1-2Mb; ROH 2-4Mb; ROH 4-8Mb y ROH >8Mb. Estos resultados sugieren que no existen diferencias en la presión de selección entre sexos en términos de endogamia ancestral (ROH cortos) y reciente (ROH largos).

Sin embargo, el análisis de la incidencia y ubicación de ROH a nivel cromosómico (determinación de islas de ROHP) permitió determinar la existencia de diferencias entre ambos sexos. Si bien ambos grupos presentan un marcado pico en el cual la endogamia se concentran en el cromosoma 6, Este es mucho más marcado en el grupo de las hembras., Por el contrario, los machos presentan picos de endogamia más pronunciados en los cromosomas 1, 12, 22, 24 y 28.

Si bien este es un análisis preliminar, la existencia de regiones diferencialmente afectadas por la endogamia entre machos y hembras pertenecientes a un mismo programa de cría sugiere la existencia de presiones de selección que pueden ser ligeramente divergentes entre ambos grupos.

La profundización de este tipo de análisis, combinados con la determinación funcional de las regiones afectadas por la endogamia en la raza podrán determinar de manera más fehaciente las causas y posibles consecuencias de nuestros hallazgos.