

## PATRONES DE HOMOCIGOSIDAD Y DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA EN CABRAS DE LA RAZA MURCIANO-GRANADINA

Luigi-Sierra<sup>1</sup>, M.G., Saura<sup>2</sup>, M., Fernández<sup>2</sup>, A., Landi<sup>3</sup>, V., Guan<sup>1</sup>, D., Delgado<sup>4</sup>, J.V., Such<sup>5</sup>, X., Martínez<sup>4</sup>, A., Jordana<sup>5</sup>, J. y Amills<sup>1,5</sup>, M.

<sup>1</sup>Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTAUAB-UB. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria (INIA). <sup>3</sup>Università degli Studi di Bari Aldo Moro. <sup>4</sup>Universidad de Córdoba. <sup>5</sup>Universitat Autònoma de Barcelona; maria.luigi@cragenomica.es

### INTRODUCCIÓN

La selección artificial conlleva el uso de un número limitado de reproductores, lo cual puede aumentar las tasas de consanguinidad en las poblaciones bajo selección. Las principales consecuencias de la consanguinidad son la reducción de la supervivencia y la fertilidad de los descendientes de cruces consanguíneos (Leroy, 2014), y además también se ha descrito disminución de la productividad en animales lecheros (Sørensen *et al.*, 2016). El objetivo del presente trabajo consiste en medir la consanguinidad de una población de cabras de la raza Murciano-Granadina (MG) y evaluar su posible efecto sobre fenotipos de interés productivo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon 1058 cabras MG procedentes de 15 ganaderías mediante el GoatSNP50 Beadchip (Illumina). A partir de estos datos, se analizaron los patrones genómicos de homocigosidad y se identificaron tramos de homocigosidad (ROH) utilizando la herramienta Plink 1.9 (Chang *et al.*, 2015). Además, se estimaron cuatro coeficientes de consanguinidad molecular ( $F_{HOM}$ ,  $F_{ROH}$ ,  $F_{ROHLong}$  y  $F_{ROHShort}$ ). La existencia de depresión consanguínea fue investigada para caracteres de producción y composición de la leche. Para ello, se usó el software remlf90 (Miztal *et al.*, 2002) que implementa un enfoque de máxima verosimilitud restringida (REML). El modelo ajustado incluyó el coeficiente de consanguinidad  $F$  como covariable; granja y año de nacimiento como efectos fijos; y la matriz de relaciones genómicas como efecto aleatorio.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se identificaron 18.599 ROH, y además el número medio de ROH por individuo y la media de longitud del genoma cubierto por ROH fueron 17 y 40,57 Mb, respectivamente. Los ROH se catalogaron en 5 categorías en función de su longitud: 0-5 Mb (51,7%), 5-10 Mb (29%), 10-20 Mb (14,7%), 20-50 Mb (4,4%) y > 50 Mb (0,2%). Además, se detectaron regiones del genoma con una alta incidencia de ROH o bien elevada homocigosidad (p.e. CHI 4:42.602.091-48.378.207; CHI 6:36.663.600-36.982.281 y CHI 17:32.564.500-33.596.896). Dichas regiones contienen genes involucrados en inmunidad, crecimiento y desarrollo, así como en la producción láctea. Los coeficientes  $F_{HOM}$ ,  $F_{ROH}$ ,  $F_{ROHLong}$  and  $F_{ROHShort}$  presentaron valores medios de  $0,59 \pm 0,024$ ,  $0,041 \pm 0,039$ ,  $0,032 \pm 0,036$  y  $0,011 \pm 0,006$ , respectivamente. Se detectó depresión consanguínea para el recuento de células somáticas en leche (SCC), observándose que un aumento del 10% de  $F_{HOM}$  y  $F_{ROH}$  está asociado a incrementos SCC de  $319.26 \pm 142.29$  y  $213.79 \pm 84.24 \times 10^3$  células/ml respectivamente. Cabe destacar que la región CHI22:10-30 Mb asociada a depresión consanguínea para SCC alberga genes involucrados en mecanismos de defensa de la glándula mamaria y sistema inmune.

### CONCLUSIÓN

La población MG analizada presenta bajos niveles de consanguinidad, observándose que las ROH de pequeño tamaño son las más abundantes. Asimismo, se ha detectado depresión consanguínea para caracteres de interés económico como SCC, que es una causa importante de descarte de las cabras lecheras. Estos resultados resaltan la importancia de tomar en cuenta el incremento de la consanguinidad en los programas de cría.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

□ Chang, C.C. 2015. Gigascience. 4. □ Leroy, G. 2014. Anim.Genet. 45: 618-628 □ Miztal, I. 2002. 7th WCGALP 28-07 □ Sørensen, A.C. 2006. J. Dairy Sci. 89: 4077-4082.

**Agradecimientos:** Esta investigación ha sido financiada con los proyectos AGL2016-76108-R (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades-Agencia Estatal de Investigación) y PID2019-105805RB-I00 (Ministerio de Ciencia e Innovación-Agencia Estatal de Investigación).