

RELACIONES GENOMICAS ENTRE LAS RAZAS OVINAS LECHERAS DEL PIRINEO OCCIDENTAL: LATXA Y MANECH

A. Legarra¹, G. Baloche¹, F. Barillet¹, J.M. Astruc², C. Soulas³, X. Aguerre³, F. Arrese⁴, L. Mintegi⁴, M. Lasarte⁵, I. Beltrán de Heredia⁶, E. Ugarte⁶

¹INRA, UR631. 31326 Castanet Tolosan, France
andres.legarra@toulouse.inra.fr

²IDELE. 31326 Castanet Tolosan, Francia

³CDEO. Route de Musculdy, Quartier Ahetzia, 64130 Ordiarp, Francia

⁴ARDIEKIN, Apdo 46, Vitoria-Gasteiz 01080.

⁵ASLANA. c/Aintziburu, Iza 31170

⁶NEIKER. Apdo 46, Vitoria-Gasteiz 01080.

INTRODUCCION

Las razas Latxa y Manech del Pirineo Occidental (País Vasco, Navarra, y Pyrénées Atlantiques) han sido tradicionalmente consideradas como la misma “raza” con diferentes subpoblaciones. En cambio, las razas Basco-Béarnaise y Carranzana, en la misma región, han sido tradicionalmente consideradas como razas diferentes. Desde los años 70 en Francia y los años 80 en España dichas poblaciones cuentan con sus propios esquemas de mejora que gestionan gran parte de la población. En España: Latxa Cara Rubia (LCR), Latxa Cara Negra del País Vasco (LCN-EUS), Latxa Cara Negra de Navarra (LCN-NAF) y Carranzana (CAR); en Francia: Manech Tête Noire (MTN), Manech Tête Rousse (MTR) y Basco-Béarnaise (BB). Morfológicamente, MTN y ambas LCN son similares (faneros oscuros), así como MTR y MCR (faneros claros).

Las relaciones entre estas poblaciones a ambos lados de los Pirineos son conocidas. Siempre ha habido superposición entre las zonas de influencia de LCN-EUS / LCN-NAF, así como entre LCN-NAF/MTN. Del mismo modo, durante los años 70, numerosas ovejas de LCR fueron compradas en España y llevadas a Francia, donde se unieron a la población de MTR; más recientemente, el programa de mejora de la LCR ha utilizado regularmente carneros de MTR (Ugarte et al., 1996). De hecho ciertos carneros de LCR son descendientes de carneros de MTR (no se da el caso contrario). Este flujo génico continúa y se busca voluntariamente debido a que el programa de MTR es más antiguo, con mayores progresos genéticos y niveles de producción. Así, por ejemplo, en el período 2001-2010, se han usado 163 carneros MTR en LCR, con un promedio de 6.8 hijas. Los intercambios de este tipo son casi inexistentes en LCN/MTN.

Entre 2010 y 2012 se desarrolló el proyecto de cooperación transfronteriza (www.poctefa.eu) GENOMIA (www.genomia.net). Su objetivo: reforzar la cooperación entre los esquemas de selección de este conjunto de razas, abordando en uno de sus puntos la posibilidad de valoraciones genéticas conjuntas mediante “chips” de marcadores moleculares (OvineSNP50 BeadChip) Dichas valoraciones conjuntas aportan mayor precisión que las valoraciones intra-población cuando las poblaciones están estrechamente conectadas (Lund et al., 2011; Karoui et al., 2012). El estudio que aquí se presenta está incluido dentro de este proyecto y se realizó específicamente para evaluar, mediante análisis de genotipados, si estas poblaciones ovinas están conectadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon carneros de los últimos 10-12 años de cada raza (excepto CAR). Los genotipos se verificaron por *call rate*, equilibrio de Hardy-Weinberg y conflictos padre-hijo. Finalmente, se guardaron los marcadores polimórficos en el conjunto de las 7 poblaciones. El fichero resultante está descrito en la Tabla 1. Adicionalmente se introdujo la raza Lacaune (LAC) para completar la información. En la raza Lacaune hay dos sub-poblaciones poco conectadas desde los años 70.

Posteriormente se realizaron dos análisis. El primero analiza la conservación de los segmentos cromosómicos (es decir, la “forma” del desequilibrio de ligamiento entre marcadores) a través de las diferentes razas (The Bovine HapMap Consortium, 2009). En este análisis, dentro de cada raza (intra), y para todos los pares de marcadores dentro de un rango de distancias, se calculó el estadístico r_{LD} que mide el desequilibrio de ligamiento entre dos marcadores; posteriormente, entre cada par de razas, se calculó la correlación r entre los pares de r_{LD} . Si la correlación r es 1, el patrón de desequilibrio de ligamiento se ha conservado completamente. El análisis se realizó a 10, 50, 100 y 250 kb, obteniéndose resultados similares. Los resultados se muestran visualmente en la Figura 1a mediante la función *heatmap2* del paquete R *gplots* (que incluye un dendrograma basado en la distancia $1-r$).

El segundo análisis realizado fue un análisis de componentes principales (McVean, 2009) de la matriz **G** de parentesco genómico (VanRaden, 2008). Este análisis encuentra pseudo-poblaciones (o grandes “familias”) en los datos. Se calculó **G** y extrajeron sus dos primeros componentes principales mediante *preGSf90* (Aguilar et al., 2011). Los resultados se muestran en la figura 1b.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La figura 1a muestra que tal y como se esperaba, los cromosomas están fuertemente conservados tanto dentro de la raza Lacaune, así como entre MTR y LCR. La raza BB se encuentra aislada, mientras que MTN y LCN muestran una concordancia intermedia.

La figura 1b muestra claramente una estructuración en poblaciones, que se encuentra incluso a pesar de que no se ha introducido ninguna variable “raza” en el análisis. La estructuración concuerda muy bien con la distribución geográfica. El primer componente principal separa la raza LAC (cuyas dos subpoblaciones están nítidamente separadas) de las razas pirenaicas; el segundo componente separa las razas pirenaicas entre sí. Se puede observar que la raza BB se encuentra aislada, mientras que las MTN y LCN están más próximas, aunque diferenciadas unas de otras. Sin embargo, en MTR/LCR hay una superposición de las dos manchas: eso indica claramente que las dos poblaciones están íntimamente ligadas.

Todos estos resultados están de acuerdo a lo que ya se conoce sobre el intercambio habido entre razas, e indican que una evaluación conjunta resultará en más aumento de precisión para MTR/LCR que para MTN/LCN. La raza BB, al estar aislada, no se beneficiaría.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

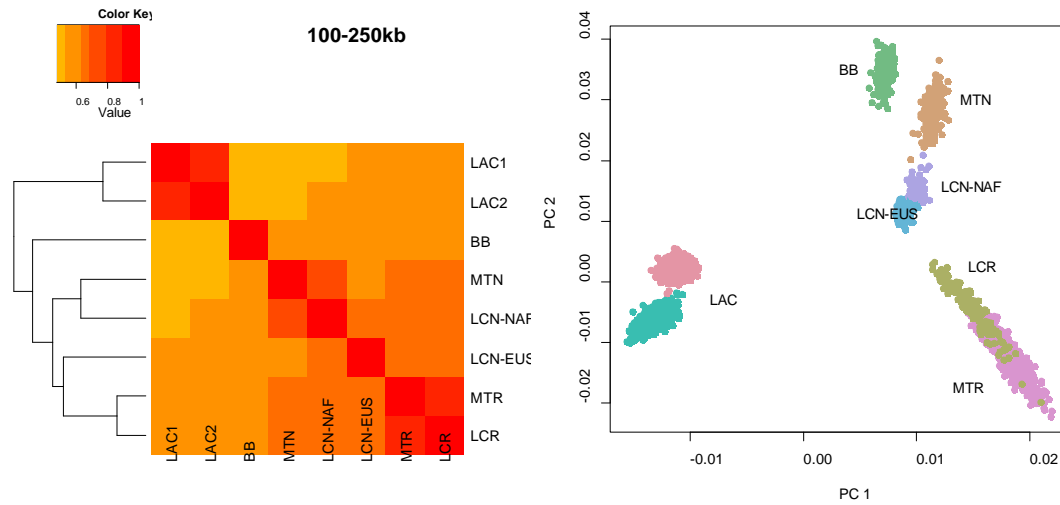
- Aguilar, I., Misztal, I., Legarra, A., & Tsuruta, S. 2011. J. Anim. Breed. Genet. 128: 422-428.
- The Bovine HapMap Consortium. 2009. Science 324:528-532.
- Karoui, S., Carabaño, M. J., Díaz, C., & Legarra, A. 2012. Gen. Sel. Evol. 44: 39.
- Lund, Mogens S., et al. 2011. Gen. Sel. Evol. 43: 43.
- McVean, G. 2009. PLoS Gen. 5: e1000686.
- Ugarte, E., Urarte, E., Arrese, F., Arranz, J., Sillio, L., & Rodriguez, C. 1996. J. Dairy Sci. 79: 2268-2277.
- VanRaden, P. M. 2008. J. Dairy Sci. 91: 4414-4423.

Agradecimientos: a los proyectos GENOMIA (POCTEFA) y Roquefort’In (FUI). Project partially supported by the platform bioinformatics Toulouse Midi-Pyrenees.

Tabla 1. Distribución de genotipos entre razas

BB	MTN	MTR	LAC	LCN-EUS	LCR	LCN-NAF
321	330	1907	6145	197	265	164

Figura 1. Conservación de segmentos cromosómicos y dendrograma asociado (1a, izquierda), y análisis de componentes principales (1b, derecha).



GENOMIC RELATIONSHIPS ACROSS DAIRY SHEEP BREEDS IN THE WESTERN PYRENEES: LATXA AND MANECH

ABSTRACT: The relationships between seven dairy sheep populations: Latxa Cara Rubia (LCR), Latxa Cara Negra del País Vasco (LCN-EUS), Latxa Cara Negra de Navarra (LCN-NAF), Manech Tête Noire (MTN), Manech Tête Rousse (MTR), Basco-Béarnaise (BB) and Lacaune (LAC) have been analysed by means of SNP markers. We studied the conservation of linkage disequilibrium patterns across breeds and analysed principal components of the genomic relationship matrix. Results show a high relationship between both Lacaune strains and also between French and Spanish MTR/LCR. This could result in higher accuracy of joint genomic evaluations for those breeds.