

Patrones de homocigosidad en razas equinas deportivas de diferente origen

A. Karlau^{1,2}, F. Azcona^{1,2}, L. Aranda³, M. Labanca³, M. Valera⁴, A. Molina³, S. Demyda-Peyrás^{3*}

¹Facultad de Veterinaria, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.

²CONICET La Plata, Argentina

³Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba.

⁴ETSIAM, Universidad de Sevilla.

* Corresponding autor: Sebass@uco.es

Resumen

El caballo es una de las especies de animales domésticos de producción en la cual sus individuos han sido seleccionados por el hombre con objetivos muy divergentes de acuerdo con sus necesidades productivas. Existen así, animales seleccionados por su belleza, por su capacidad de trabajo o por sus aptitudes deportivas. En este trabajo hemos evaluado los patrones de homocigosidad genómica en cuatro razas de caballos seleccionados para la práctica deportiva: Caballo de Polo Argentino (CPA, n=81), Caballo Criollo Argentino (CCR, n=66), Caballo Pura Raza Español seleccionado para Doma Clásica (PRE, n=72) y Caballo Pura Sangre Inglés (PSI, n=30). Los animales fueron genotipados utilizando el GGP Equine SNP Array (Neogen, UK), incluyendo 71,609 marcadores SNP. Los datos fueron filtrados inicialmente por SNP call rate (>0.95), reteniéndose solo los marcadores localizados en los autosomas (ECA1 a ECA31) y los marcadores localizados en el cromosoma X (ECAX) solo de las hembras. Se estimaron los valores de FROH (coeficiente de endogamia molecular) por cada individuo y cromosoma de manera independiente utilizando el método de “sliding windows” implementado en PLINK. Se determinaron los valores medios de FROH por cromosoma y por raza. Finalmente, se realizó una búsqueda de huellas de selección determinando aquellos marcadores que estuvieron sobrerrepresentados en los ROH con un p-value > 10⁻⁴ (prueba de permutación). Dichas regiones fueron evaluadas mediante análisis ontológico.

Los valores porcentuales de FROH a nivel del genoma completo son más elevados tanto en PSI (19,61±2,69) como en CPA (17,49±2,29), con respecto al PRE (11,61±4,18; P<0,01). Por el contrario, los valores determinados en CCR fueron inferiores a las otras razas (6,79±3,41%, p<0,01). Sin embargo, en todos los casos, la variabilidad Inter cromosómica fue muy elevada. En PSI los valores variaron entre un 10,8% (ECA13) y un 29% (ECA4). Similares valores fueron observados en CPA (10,3% en ECA13 y 24% en ECA4). En ambas razas, los cromosomas involucrados en los valores máximos y mínimos fueron los mismos, lo que reafirma la relación genética cercana entre estas dos razas. En PRE, los valores de FROH variaron entre el 6% (ECA29) y el 16% (ECA23); mientras que en el caso del CCR, los valores variaron entre un 3% (ECA30 y ECAX) y un 11% (ECA2 y ECA11).

El análisis por SNP reveló que las regiones más afectadas por la endogamia difieren entre razas, incluso en animales con una base genética similar como son los PSI y CPA. En todas ellas se observaron regiones genómicas (ROH islands, ROHi) en las cuales la prevalencia de variantes homocigotas de cada SNP se encuentran incrementadas más 1000 veces (-log₁₀(p-value)>3). Tanto en PSI como en CPA, estas regiones se encontraron en ECA14, aunque en diferentes regiones. En el caso de CCR, se observaron ROHi en ECA2, ECA7 y ECA11, mientras que en PRE los cromosomas afectados fueron ECA10, ECA11 y ECA23. El análisis funcional de estas regiones reveló la existencia de genes afectados significativamente por la endogamia diferentes en cada raza. Estudios complementarios se están llevando a cabo para evaluar la existencia de huellas de selección específicas para características deportivas.

Nuestro trabajo resalta la validez del uso de aproximaciones basadas en análisis de ROH para evaluar las variantes genómicas y los procesos metabólicos más importantes en diferentes razas de equinos deportivos.