

Efecto de la depresión consanguínea sobre caracteres de interés productivo en Rubia Gallega

N. Mejuto-Vázquez^{1*}, C. Hervás-Rivero², R. Rodríguez-Bermúdez¹, P. Martínez¹, M. Hermida¹, D. López-Carbonell², J. Altarriba², L. Varona²

¹ Universidad de Santiago de Compostela, Facultad de Veterinaria, Av. Carvallo Calero, 27002 Lugo, España

² Universidad de Zaragoza, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), C. de Miguel Servet, 177, 50013 Zaragoza, España.

* Corresponding autor: nicolas.mejuto.vazquez@usc.es

Resumen

La Rubia Gallega (RG) es una raza autóctona de ganado vacuno española que se encuentra principalmente en la región autónoma de Galicia. Investigaciones previas han identificado un notable efecto de depresión endogámica relacionado con rasgos económicamente importantes. Este estudio busca ampliar la investigación anterior examinando la asociación entre los efectos de la endogamia en cuatro rasgos económicamente significativos (Intervalo entre partos - IP -, Edad al primer parto - EP -, Peso al nacimiento - PN -, y Peso a los 210 días -P210-) con la presencia o ausencia de *Runs of Homozygosity* (ROHs) en los cromosomas autosómicos. El objetivo es profundizar en la comprensión de las consecuencias de la endogamia en la población RG y su impacto en estos rasgos, así como identificar genes o regiones genómicas vinculadas a efectos de endogamia deseables o indeseables. El conjunto de datos consiste en genotipos con 57,490 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) de 4,878 individuos. En todos ellos existen registros para PN, mientras que para el resto de datos fenotípicos se utilizaron 3,503, 3,315 y 3,285 registros para EP, IP y P210, respectivamente. Las ROHs se identificaron utilizando la función "consecutiveRUNS.run" del paquete R "detectRUNS", con parámetros categorizados por longitud (en Mb): [1, 2], (2, 4], (4, 8], (8, 16], y >16. Posteriormente, se creó una matriz de presencia/ausencia que indicaba si cada SNP estaba situado dentro de una ROH para cada animal. En primer lugar, se realizó una estimación mediante ssGREML y, posteriormente, se realizó una prueba t-test con los residuos de este modelo para evaluar la significación del efecto de la presencia o no de un SNP dentro de un ROH. Se identificaron un total de trece regiones dentro de BTA que estaban significativamente asociadas con los efectos de la endogamia. Dentro de estas se incluyen PN (2, 3, 6, 11, 13, 28), EP (1, 2, 4, 5, 7), y P210 (2, 14, 21 - dos regiones -), mientras que no se observaron regiones significativas en IP. Entre los genes ubicados en ellas, se pueden destacar el *MSTN* (*Miostatina*), *CREB5* (*CAMP Responsive Element Binding Protein 5*) y *FABP4* (*Fatty Acid Binding Protein 4*).

Keywords: *Inbreeding, Runs of Homozygosity, Beef Cattle, Reproductive traits, Growth traits.*