

# ¿Qué relación existe entre Manech Tête Rouse y Latxa Cara Rubia a nivel cromosómico?

Granado-Tajada<sup>1</sup>\*, I., Ugarte<sup>1</sup>, E., Astruc<sup>2</sup>, J. M., Rodríguez-Ramilo<sup>3</sup>, S. T.

<sup>1</sup> NEIKER-BRTA, Campus Agroalimentario de Arkaute, 01192 Arcaute

<sup>2</sup> IDELE, 31326 Castanet Tolosan, Francia

<sup>3</sup> INRAE, UMR 1388 GenPhySE, 31326 Castanet Tolosan, Francia

\* igranado@neiker.eus

## Resumen

Las poblaciones ovinas Latxa y Manech comparten una larga historia de conexiones genéticas debido a la proximidad geográfica y al uso común de pastos en los Pirineos. Criadas en el norte de España y el suroeste de Francia, en cada población se diferencia una variedad rubia y otra negra. Los intercambios de animales dentro de las variedades de color han sido habituales a lo largo de los años. Durante los últimos 20 años, también se han intercambiado dosis de inseminación artificial (IA), con mayor frecuencia entre las poblaciones rubias y principalmente desde Manech Tête Rouse (MTR) hacia Latxa Cara Rubia (LCR). Este trabajo tiene como objetivo analizar cómo ha evolucionado el genoma de la población LCR como resultado de las inseminaciones continuas procedentes de MTR en un análisis por cromosoma.

Basándose en el libro genealógico de LCR, se identificaron 661 carneros de IA de LCR y 744 de MTR genotipados. Se emplearon 31533 SNPs autosómicos. El parentesco entre dos individuos se estimó para cada SNP como la probabilidad de que dos alelos elegidos al azar, uno de cada individuo, sean iguales (idénticos en estado,  $f_{SNP}$ ). Para estudiar la estructura poblacional, se realizó un análisis de componentes principales y un análisis de ADMIXTURE. También se identificaron regiones de homocigosidad (ROH). Los análisis se realizaron entre y dentro de las poblaciones, considerando la evolución temporal, en todo el genoma y por cromosoma.

Los resultados de  $f_{SNP}$  a lo largo del tiempo mostraron un aumento del parentesco dentro de cada población y un incremento más pronunciado entre poblaciones (0,6% en MTR, 0,3% en LCR y 1,3% entre ambas). Dicho incremento es más notable en OAR6, OAR10 y OAR16. A partir del análisis de estructura poblacional, se observó que los machos LCR antiguos estaban más agrupados entre sí y alejados de los machos MTR antiguos. En cambio, los carneros LCR actuales se encontraban más dispersos y próximos a los carneros MTR actuales. Los carneros MTR, tanto antiguos como actuales, se han mantenido constantes a lo largo del tiempo. Este patrón se mantiene a nivel cromosómico, con mayor porcentaje de varianza explicada para el componente de raza en OAR13 y para el efecto del tiempo en OAR19. En cuanto a la caracterización de la ascendencia, la población LCR ha evolucionado (del 71% al 42% del clúster LCR), acercándose a MTR, mientras que los individuos MTR han mantenido su base genética a lo largo del tiempo (18% del clúster LCR). Esto también se puede ver en los OAR2, OAR6 y OAR10. Se han identificado islas de ROH en OAR6 y OAR10 en ambas razas y en OAR13 únicamente en MTR, aunque no han sido significativas.

En resumen, el uso continuo de material genético MTR en la población LCR ha resultado en que ambas poblaciones son ahora más similares. El parentesco entre LCR y MTR ha aumentado más que dentro de las propias poblaciones, y comparten islas de ROH. Por lo tanto, estas poblaciones se están aproximando genéticamente y su evolución tiende hacia la convergencia.

*Keywords: Ovino lechero, Latxa, Manech, parentesco*

**Agradecimientos:** A CONFELAC y CDEO, por la aportación de datos de genealogía y genotipos. A Interreg POCTEFA por la financiación del proyecto ARDI2 (EFA032/01) en el que se encuadra este trabajo.