

Identificación de regiones de homocigosidad y heterocigosidad en 22 razas ovinas españolas

S. Pérez-Redondo¹, S. Lobón¹, A. Gracia², A. Domingo³, J.A. Bravo³, M. Ramón⁴, A. Fernández⁴, A. Martínez⁵, A. Pons⁶, L.A. Bermejo⁷, J. Jordana⁸, M. Joy¹, C. Calvete¹, S. Adán⁹, E. Ugarte¹⁰, J. J. Arranz¹¹, J. Casellas⁸, M. Amills^{8,12}, M. Serrano⁴, J.H. Calvo^{1,13*}

¹CITA-IA2, 50059, Zaragoza; ²Universidad de Las Palmas de Gran Canaria, 35001, Las Palmas de Gran Canaria; ³CENSYRA-Extremadura, 06007, Badajoz; ⁴INIA-CSIC, 28040, Madrid; ⁵Universidad de Córdoba, 14071, Córdoba; ⁶Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera (IRFAP), 07198, Son Ferriol, Palma de Mallorca; ⁷Departamento de Ingeniería Agraria y del Medio Natural. Escuela Politécnica Superior de Ingeniería – Sección Agraria. Carretera de Geneto s/n. 38200 La Laguna (Tenerife); ⁸Facultat de Veterinària, UAB, 08193, Bellaterra. ⁹Federación de Razas Autóctonas de Galicia (BOAGA), 32152, Coles, Ourense; ¹⁰Neiker-Tecnalia, Campus Agroalimentario de Arkaute, apdo 46 E-01080, Vitoria-Gazteiz (Araba); ¹¹Universidad de León, 24071, León; ¹²Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, UAB, 08193, Bellaterra; ¹³ARAID, 50018, Zaragoza.
* Corresponding author: jhcalvo@cita-aragon.es

Resumen

El objetivo de este trabajo ha sido la detección de regiones de homocigosidad (ROH) y heterocigosidad (ROHet) en 22 razas ovinas autóctonas españolas genotipadas con el chip de Illumina de 50K (Ovine SNP50 BeadChip). Las razas analizadas fueron (N = 1142): Ansotana (n = 41), Canaria (n = 32), Canaria de Pelo (n = 28), Cartera (n = 39), Castellana (n = 23), Churra (n = 100), Churra Lebrijana (n = 31), Churra Tensina (n = 38), Latxa (n = 90), Maellana (n = 39), Manchega (n = 101), Merino (n = 199), Navarra (n = 39), Ojalada (n = 24), Ojinegra de Teruel (n = 36), Ovella Galega (n = 27), Rasa Aragonesa (n = 102), Ripollesa (n = 24), Roya Bilbilitana (n = 23), Roja Mallorquina (n = 29), Segureña (n = 12) y Xisqueta (n = 65). Tras el control de calidad con Plink1.9, se obtuvo un total de 1093 individuos y 44.398 SNPs, usando el genoma ovino versión Rambouillet 2.0. Se llevó a cabo un análisis de escalamiento multidimensional (MDS) para conocer la estructura poblacional de las razas ovinas españolas con el software Plink. Para la detección de ROH y ROHet se utilizó el software detectRUNS en R. El criterio para declarar una región del genoma como ROH/ROHet mediante el método por ventanas (“sliding windows”) fue el siguiente: ventanas de 50/10 SNPs, mínima longitud de ROH/ROHet de 1 Mb/0.5 Mb; mínimo número de SNPs de 45/10 (SNPs/ROH estimado con la ecuación de Lencz et al., 2007); mínima densidad de 1 SNP cada 100 Kb; distancia máxima entre dos SNPs homocigotos adyacentes de 250 Kb; y no más de 1 heterocigotos/2 homocigotos, y 2 SNPs faltantes por ventana. El análisis de escalado multidimensional mostró una clara diferenciación de la raza Churra Lebrijana respecto al resto de razas. Igualmente, las razas Churra y Merina, mostraron clusters diferenciados, aunque dicha diferenciación fue menor que la observada en la raza Churra Lebrijana. Nuestro análisis también ha mostrado una media de número de ROHs/animal/raza de 14,74, variando desde 3,69 (Rasa Aragonesa) a 55,23 (Churra Lebrijana), predominando los ROHs de 1-10Mb. En general, los coeficientes de consanguinidad (F_{ROH}) fueron bajos ($F_{ROH} < 0,10$), con la excepción de la Churra Lebrijana ($F_{ROH} = 0,169$), presentando las razas Rasa Aragonesa y Merina los menores valores de consanguinidad ($F_{ROH} = 0,010$). En cuanto a los coeficientes de heterocigosidad (F_{ROHet}) presentaron todas las razas valores similares, variando entre 0,035 (Churra lebrijana) y 0,046 (Castellana y Latxa). Los resultados sugieren que los ROHet son pequeños y frecuentes en las razas estudiadas, predominando los ROHet de entre 0,5-1 Mb (>90%).

Keywords: sheep, ROH, ROHet