



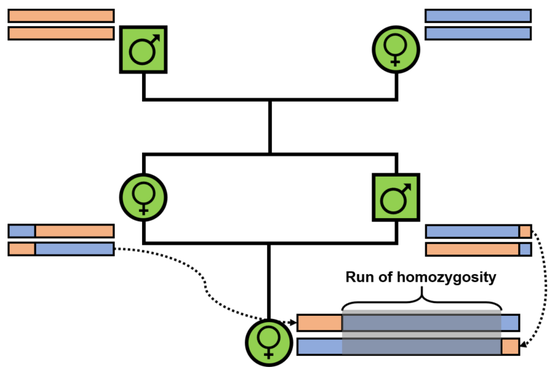
Análisis de consanguinidad genómica mediante herramientas bioinformáticas en sementales de Polo Argentino

María Yuzhi Arjona-Delgado[1,*] , María Ángeles Vargas-Pérez[1] y Sebastián Demyda-Peyrás[1]

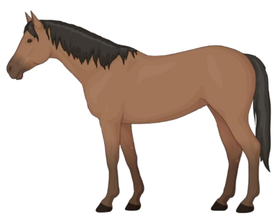
[1]Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba, España.

INTRODUCCIÓN

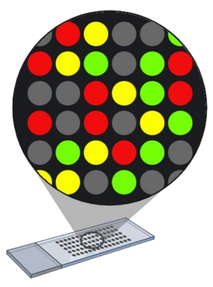
Las **regiones de homocigosidad (ROH)** son segmentos continuos del genoma en estado de homocigosis heredados de un ancestro común. El **caballo de Polo Argentino (CPO)** al ser una raza de libro abierto, su pedigrí es parcialmente incompleto, lo cual impide estimar la endogamia de los animales adecuadamente. Además, el uso de biotecnologías reproductivas artificiales tiende a producir un **incremento de los niveles de consanguinidad,** pudiendo potencialmente **afectar parámetros reproductivos y productivos**. Adicionalmente, el estudio de la endogamia genómica permite determinar si el aumento del valor de F se debe a cruces endogámicos recientes o ancestrales, evaluando el largo de los ROH formados según la teoría de Fisher (1954).



MATERIALES Y MÉTODOS



87 muestras de CPO
28% del total de sementales utilizados en los últimos 5 años



Genotipado

GGP Array Equino

71.771 marcadores autosómicos

PLINK 1.9 beta **Filtrado**

--bfile --chr-set --allow-extra-chr --recode --out

Total genotyping rate is 0,987.
68669 variants and 87 samples pass filters and QC.

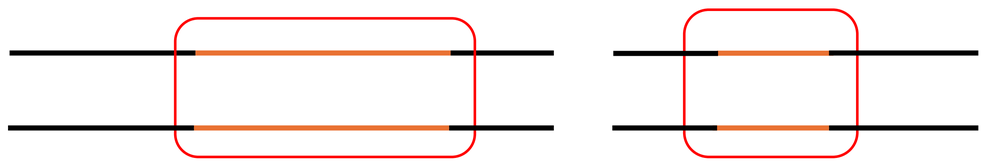
detectRUNS

slidingRUNS.run(genotypeFile=ped, mapFile=map, windowSize=30, minSNP=30, threshold=0.05, minDensity=1/100000, ROHet=F, maxGap=500000, minLengthsBps=1000000, maxOppWindow=0, maxMissWindow=1)

SummaryRUNS(roh, map, ped, Class=1, snpInRuns=T)

Análisis

$$F_{ROH} = \sum \frac{L_{ROH}}{L_{auto}}$$

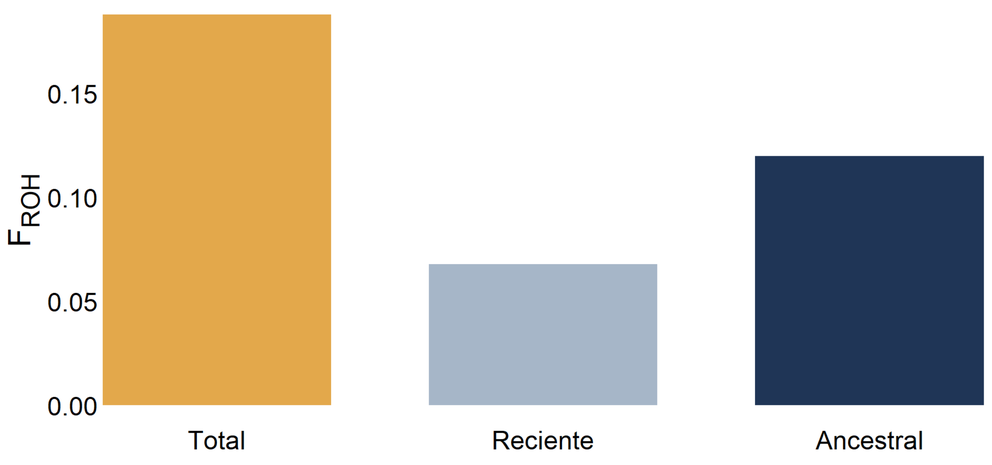


F_{ROH} Reciente
ROH>5,5 Mb

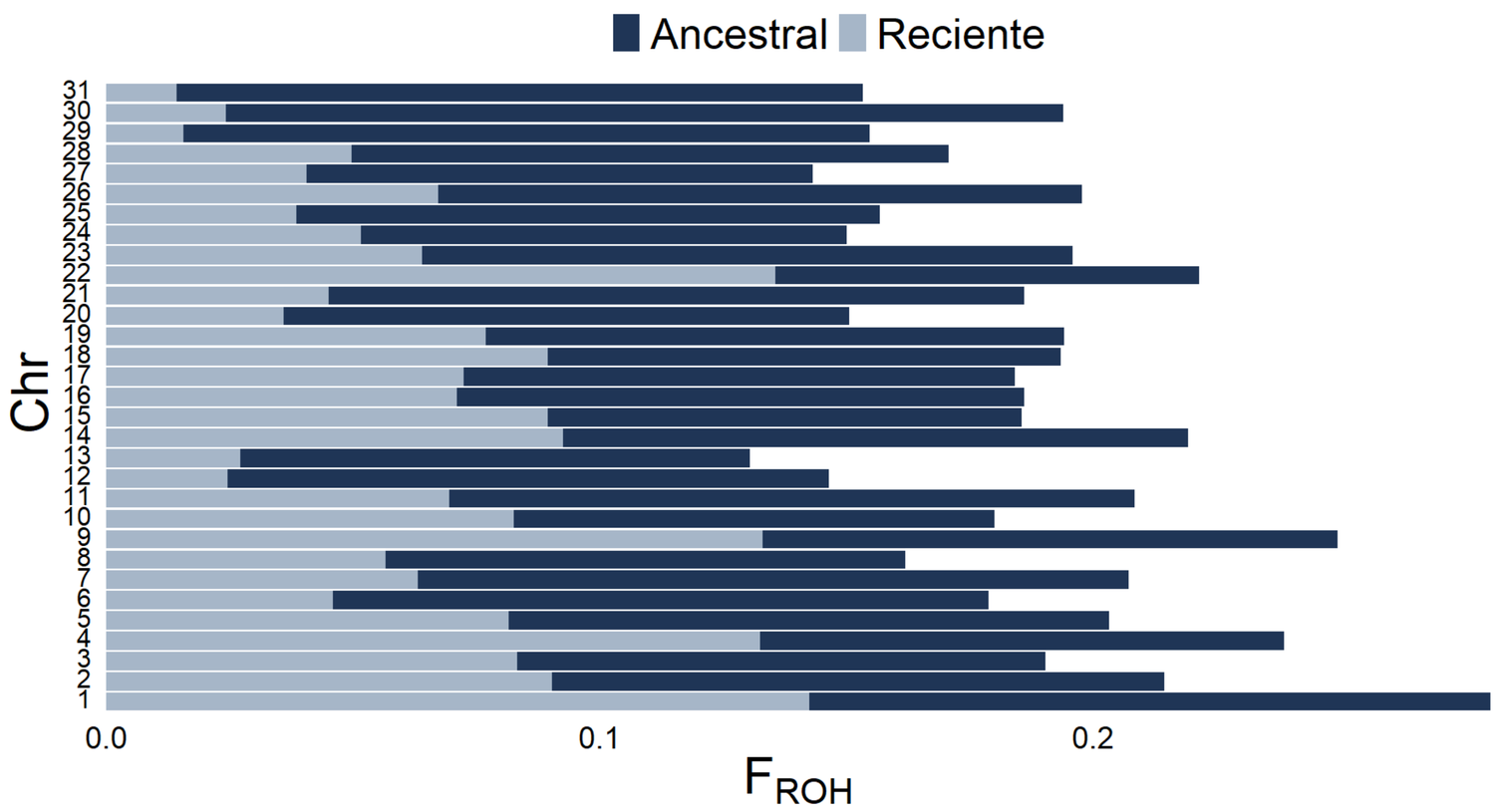
F_{ROH} Ancestral
ROH<5,5 Mb

$$F_{ROH}\text{Total} = F_{ROH}\text{Reciente} + F_{ROH}\text{Ancestral}$$

RESULTADOS



Gráfica 1. Media de F_{ROH} total, reciente y ancestral.



Gráfica 2. Media de F_{ROH} reciente y ancestral en cromosomas autosómicos (Chr1-31).

CONCLUSIÓN

El análisis genómico de F_{ROH} permite cuantificar la endogamia con mayor precisión que los métodos basados en pedigrí. Los datos muestran una moderada variabilidad genómica con una altísima incidencia de segmentos ROH de origen reciente, particularmente en Chr1, 4, 9 y 22. Este hecho refleja la intensa selección realizada recientemente utilizando cruzamientos de animales emparentados por parte de los criadores. Utilizando estas metodologías genómicas, intentamos validar estas asociaciones para optimizar las estrategias de conservación y mejora genética en las poblaciones equinas.

Applied Animal Genomics and Cytogenomics Lab

@equgenomics

@CitogenomicsLAB

mariayuzhi@uco.es

MINISTERIO DE CIENCIA, INNOVACIÓN Y UNIVERSIDADES
Cofinanciado por la Unión Europea
AGENCIA ESTATAL DE INVESTIGACIÓN