

# ESTUDIO DEL COMPONENTE RACIAL EN LA RAZA CAPRINA MURCIANO - GRANADINA UTILIZANDO MARCADORES SNP

## STUDY OF THE BREED MEMBERSHIP IN MURCUANO-GRANDINA GOAT USING SNP MARKERS

Landi V.<sup>1\*</sup>, Martínez A.<sup>1</sup>, Gómez M.<sup>1</sup>, Pleguezuelos J.<sup>2</sup>, Amills M.<sup>3</sup>, Delgado J.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. \*landivincenzo@yahoo.it

<sup>2</sup>Federacion criadores raza Caprina murciano Granadina, Granada;

<sup>3</sup>Centro de Investigación Agrigenómica, Barcelona

**Keywords:** Adaptability; Census; Goat; Spain.

**Palabras clave:** Adaptabilidad; Censo productivo; Cabra; España.

### Abstract

Murciano Granadina is the most important goat breed in Spanish context both in term of census as for production aptitude. Its creation was carried out from the cross-breeding of Murciana and Granadina breeds. This last breed is smallest and less productive but with good rusticity and adaptability features, was absorbed from Murciano types. In this work we present a genomics tools able to differentiate the two genetics type as future strategy of Granadina genetics resource recuperation.

### Resumen

La Murciano Granadina es la raza caprina más importante en el panorama zootécnico español, tanto por censo como producción. Su constitución se llevó a cabo a través del mestizaje de la raza Murciana con la Granadina. Esta última, de menor tamaño y producción pero con mejores características de rusticidad, fue absorbida casi completamente por la Murciana. En el presente trabajo proponemos una herramienta genómica para diferenciar los dos tipos genéticos, en vistas a un posible plan de recuperación del tipo genético granadino.

### Introducción

La raza Murciano-Granadina, tal como actualmente la conocemos, fue creada durante los años 70 del pasado siglo a partir de las dos razas paternas Granadina y Murciana. La cría conjunta de ambas razas dio origen a la formación de una población mestiza (Martínez et al, 2010). La intensificación de la producción de leche en los últimos años ha comportado que prevalezcan los animales de tipo "Murciano" y "Murciano-Granadino", variedades con buenas aptitudes por su tamaño y productividad, provocando de manera indirecta una selección negativa sobre la variedad Granadina que está mejor adaptada al manejo extensivo (Martínez *et al.* 2010). El objetivo de este trabajo consiste en establecer una metodología fiable para distinguir animales de la variedad Granadina (dentro de la raza caprina Murciano-Granadina), utilizando herramientas moleculares.

### Material y métodos

Para llevar a cabo el presente estudio se utilizaron marcadores moleculares SNP a través del chip de alta densidad desarrollado para la especie caprina (<http://www.illumina.com>). El chip contiene cerca de 54.000 marcadores SNP que pueden ser genotipados simultáneamente, lo que ofrece varias ventajas sobre otros tipos de marcadores, como pueden ser los microsatélites. La primera ventaja es la posibilidad de filtrar los datos según la calidad del marcador obtenido sin ver disminuido el poder del panel. Otra ventaja es que se pueden detectar marcadores asociados a características fenotípicas que pueden tener un mayor poder de discriminación cuando el nivel de diferenciación genética es muy bajo (Sevane *et al.* 2011). Se analizaron 20 animales seleccionados según su morfología como pertenecientes a la variedad Granadina (6), Murciana (2) y Murciano-Granadina (12). La extracción de ADN se realizó utilizando el kit GenElute (Sigma). El genotipado se llevó a cabo según las recomendaciones del fabricante. Se realizó un análisis estadístico genético-poblacional para estimar la variabilidad y filtrar los marcadores según la frecuencia, el polimorfismo (MAF<0.01), *missing data* (por SNP<0.01 y por individuo <0.1), equilibrio de Hardy-Weinberg y eliminar los marcadores del cromosoma Y. El *software* utilizado fue PLINK v1.07 (Purcell *et al.* 2007). El mismo programa genera el *input file* utilizado en el

programa Structure v.2.4 (Pritchard *et al.* 2000). Se realizaron 20 repeticiones de cada clúster (K1 y K4) usando un *burn-in* y un número de iteraciones de 20.000 y 50.000, respectivamente. El número óptimo de iteraciones fue determinado con el parámetro *alpha* y el número más probable de clústers se calculó con el método de Evanno *et al.* (2005).

### Resultados y discusión

Lo que se pretende con este estudio es determinar si en la raza Murciano-Granadina existe estratificación de la población, debido a la presencia de animales con diferentes porcentajes de sangre en el genoma de una u otra variedad. A través del estudio es posible establecer un patrón de asignación estadístico con el fin de investigar la presencia de animales residuales de la raza Granadina (que se puedan retener o considerar como pertenecientes a la raza, o de cruces con elevado porcentaje genético de esta). Después del filtrado, según los parámetros descritos anteriormente, los marcadores utilizados en el análisis final fueron 51.282 (sobre un total de 53.347). Los valores de asignación individual, obtenidos con el programa Structure, se muestran en la Tabla I. Los resultados del K3 no se han considerado, ya que el K más probable, según el método de Evanno, fue K=2. Los resultados muestran como todos los animales considerados granadinos por su morfología se asignan con un porcentaje muy alto (>85%) al clúster 1, mientras que los animales cruzados (murciano-granadinos) se asignan con valores variables al clúster 2 (Tabla I). La asignación de los animales considerados murcianos puros muestran resultados discordantes, por el bajo número de animales incluidos en el estudio. debería ser mayor.

**Tabla I.** Valores de asignación para K=2 en la raza caprina Murciano-Granadina (*Membership coefficient value for K=2 in Murciano-Granadina goat breed*)

Crotal	Variedad según Morfología	Clúster1	Clúster2
GJE08023	G	<b>0,957</b>	0,043
GJE09260	G	<b>0,878</b>	0,122
GJE08070	G	<b>1</b>	0
GJE09179	G	<b>1</b>	0
GJE09268	G	<b>1</b>	0
RRL09008	G	<b>1</b>	0
GOG10001	MG	0,211	<b>0,789</b>
GOG10014	MG	0,102	<b>0,898</b>
GOG10195	MG	0,002	<b>0,998</b>
GOG10033	MG	0,239	<b>0,761</b>
GOG10003	MG	0,286	<b>0,714</b>
GOG10046	MG	<b>0,658</b>	0,342
GOG10094	MG	0,347	<b>0,653</b>
GOG09004	MG	0,55	0,45
ABC08387	MG	0,289	<b>0,711</b>
GOG10036	MG	<b>0,609</b>	0,391
GOG10006	MG	0,52	0,48
ABC08391	MG	0,085	0,915
GOG09040	M	<b>0,646</b>	0,354
GJE11021	M	0,131	<b>0,869</b>

G=Granadina; M=Murciana; MG=Murciano-Granadina;

### Conclusiones

El presente estudio muestra resultados prometedores sobre la posibilidad de identificar animales de la variedad Granadina dentro de la raza Murciano-Granadina, con vistas a establecer así un programa de recuperación de dicha variedad. Los futuros estudios se centran en la posibilidad de aumentar el número de animales analizados y diseñar un panel reducido de marcadores, seleccionados según su poder de exclusión, para que pueda ser utilizado de forma económica en la gestión de la raza.

**Bibliografía**

- Evanno G., Regnaut S. & Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: a simulation study. *Molecular Ecology* 14, 2611-20.
- Martínez A.M., Vega-Pla J.L., León J.M., Camacho M.E., Delgado J.V. & Ribeiro M.N. 2010. Is the Murciano-Granadina a single goat breed? A molecular genetics approach. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec* 62, 1191-8.
- Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155, 945-59.
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P.I., Daly M.J. & Sham P.C. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am J Hum Genet* 81, 559-75.
- Sevane N., Crespo I., Cañón J. & Dunner S. A (2011) Primer-Extension Assay for simultaneous use in cattle Genotype Assisted Selection, parentage and traceability analysis. *Livestock Science* 137, 141-50.