



Informe sobre el análisis de asignación de muestras de raza Tudanca

Antecedentes.-

Resultados de análisis previos mostraron como una hipótesis verosímil que en la población actual de la raza se puede identificar la influencia de tres orígenes genéticos diferentes. De acuerdo con esta hipótesis es posible asignar a los ejemplares actuales qué proporción o proporciones de genoma provienen de cada uno de esos tres orígenes genéticos.

En esta ocasión hemos utilizado 46 animales de referencia, aquellos en los que la proporción de genoma mayoritario (>85%) pertenecía a alguno de los tres orígenes genéticamente homogéneos.

Resultados.-

Con las 15 muestras remitidas en 2025 (muestras problema) se llevó a cabo un análisis de asignación después de obtener su genotipo utilizando 30 marcadores tipo microsatélite recomendados por la FAO para análisis de diversidad genética. El análisis de asignación de las muestras se realizó mediante el software *Structure* (Pritchard et al., 2002) utilizando los 25 marcadores comunes a todas las muestras.

En los resultados sólo se proporciona la asignación de cada una de las 15 muestras remitidas en 2025 a alguno de los tres orígenes genéticos o alguna de sus combinaciones.

Del conjunto de 15 muestras, 10 se asignan a único origen, 2 al denominado 1, 2 al denominado 2, y 6 al denominado 3, mientras que 5 muestras figuran con genomas compartidos entre los orígenes 1, 2 y 3 en diferentes combinaciones.

En las tablas, los animales están ordenados de mayor a menor por el porcentaje de genoma del origen de referencia. Por ejemplo, los animales asignados al origen 1 están ordenados por la proporción de genoma asignado a dicho origen, que en este conjunto de animales varía entre el 82% y el 69%.

Igualmente, los animales asignados a combinaciones de los orígenes, 1 y 2, 2 y 3, y 3 y 1 están ordenados por la proporción de genoma compartido con el primer origen que figura.

Se insiste en la importancia de que la Asociación debe hacer un seguimiento de estos resultados para tratar de ver si existe algún tipo de coherencia o, por el contrario, dicha coherencia no es percibida, en cuyo caso la importancia de estos análisis de asignación tendrían escasa justificación.

Origen genético 1		Origen genético 1-2	
Identificación Res	Localidad	Identificación Res	Localidad
ES0604870384	Bustriguado	ES040603690459	Bustriguado
ES070603471275	Barrio		

Origen genético 2		Origen genético 2-3	
Identificación Res	Localidad	Identificación Res	Localidad
ES020602877103	Quintanilla	ES030603599289	Barrio
ES020603753080	Cires		

Origen genético 3		Origen genético 3-1	
Identificación Res	Localidad	Identificación Res	Localidad
ES040603527560	Mazcuerras	ES070604302613	Bielva
ES050604390622	Mazcuerras	ES0604198223	Bielva
ES010604443031	Mazcuerras	ES070605130455	Cires
ES080604916154	Mazcuerras		
ES030604682172	La Cotera		
ES080605130456	Cires		

El valor medio de la proporción de genoma compartido con el origen genético 1 de los animales que se asignan únicamente a dicho origen o a una combinación que incluya el origen 1 fue del 71%, proporción similar en los animales que se asignan al origen genético 2 o sus combinaciones con otros orígenes que fue del 70%, y con el origen genético 3 esta proporción fue del 72%.

También se ha representado en un sistema de dos ejes la ubicación genética de todos los animales de referencia y de los animales remitidos este año respecto a los de referencia. Cada uno de los ejes es una combinación de la información genética disponible, utilizando un tipo de análisis multivariante, análisis de correspondencia, que lo que pretende es reducir el número de variables genéticas (cada marcador genético es una variable explicativa) a sólo dos variables, los dos ejes que aparecen en la figura 1.

En la figura, los círculos solo pretenden reunir dentro de los mismos el conjunto de animales pertenecientes a cada uno de los tres orígenes genéticos predeterminados, y nos da una idea del grado relativo de dispersión de cada uno de esos tres orígenes, así como la posición que ocupan respecto a los dos ejes. Los recuadros en rojo son la posición de los animales remitidos este año, los denominados individuos problema.

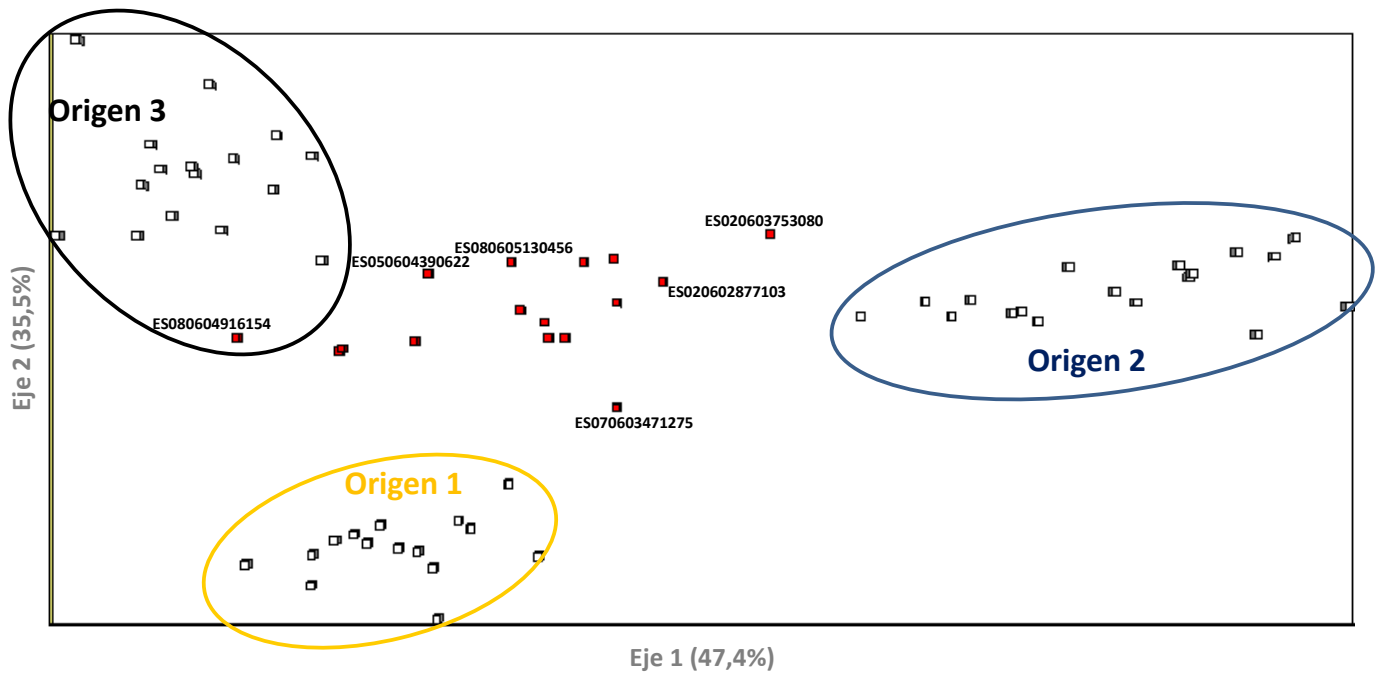


Figura. Posición relativa en un plano de dos dimensiones, que corresponden a los dos ejes de mayor inercia, obtenidos utilizando los marcadores moleculares como variables explicativas mediante un análisis de correspondencia. Los puntos rojos representan la posición de los animales remitidos este año.

Se puede observar que el eje 1 (horizontal) discrimina el origen 2 respecto a los orígenes 1 y 3, mientras que el eje 2, diferencia el origen 1, y parcialmente entre los orígenes 2 y 3.

Se ha puesto el crotal en la posición que ocupa algunos ejemplares remitidos este año para poder comparar su posición en el plano con su asignación a los orígenes genéticos que figuran en la tabla de la página 2.

Hay que tener en cuenta que los dos tipos de análisis genéticos son diferentes, por lo que no es razonable pensar que los resultados en ambos tienen que ser estrictamente coincidentes.

Como es habitual, reiteramos el interés de que en una próxima reunión en la que participen técnicos de la asociación, estos puedan manifestar su opinión sobre la coherencia de estos resultados.