



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.

Como es habitual, y con el fin de poder comparar resultados de años anteriores, hemos utilizado los mismos 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 20 muestras remitidas en 2026 (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 20 muestras remitidas en 2026 a alguno de los tres orígenes genéticos o alguna de sus combinaciones.

Del conjunto de 20 muestras, 10 se asignan a único origen, 6 al denominado 1, 2 al denominado 2, y 2 al denominado 3, mientras que otras 10 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 95,4% y el 85,1%.

Igualmente, los animales asignados a combinaciones de los orígenes, 1 y 3, 2 y 3, y 1, 2 y 3 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.

Hay que tener en cuenta que con el paso del tiempo los orígenes genéticos del comienzo de los análisis pueden irse diluyendo con el cruzamiento entre ejemplares de diferentes orígenes genéticos.

Origen genético 1	
Identificación Res	Localidad
ES080604615361	Arenas Iguña
ES030604694434	Somahoz
ES010604285237	Pando
ES040605055610	Arenas Iguña
ES070604577570	Pando
ES010604978544	Carmona

Origen genético 2	
Identificación Res	Localidad
ES060603518572	Aguayo
ES040603875069	San Felices

Origen genético 3	
Identificación Res	Localidad
ES030604125149	Borleña
ES050604197689	Arenas Iguña

Origen genético 1-3	
Identificación Res	Localidad
ES010604960444	Anievas
ES030604739974	Somahoz
ES020605084093	Arenas Iguña
ES050603340206	Molledo
ES060603697985	Cieza

Origen genético 1-2-3	
Identificación Res	Localidad
ES050603960646	Borleña

Origen genético 2-3	
Identificación Res	Localidad
ES090603816881	Carmona
ES010603064865	Carmona
ES060603849130	Cieza
ES030604413031	Collado

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 69%, la proporción en los animales que se asignan al origen genético 2 o sus combinaciones con otros orígenes que fue del 53%, y con el origen genético 3 esta proporción fue del 50%.

De nuevo, 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.

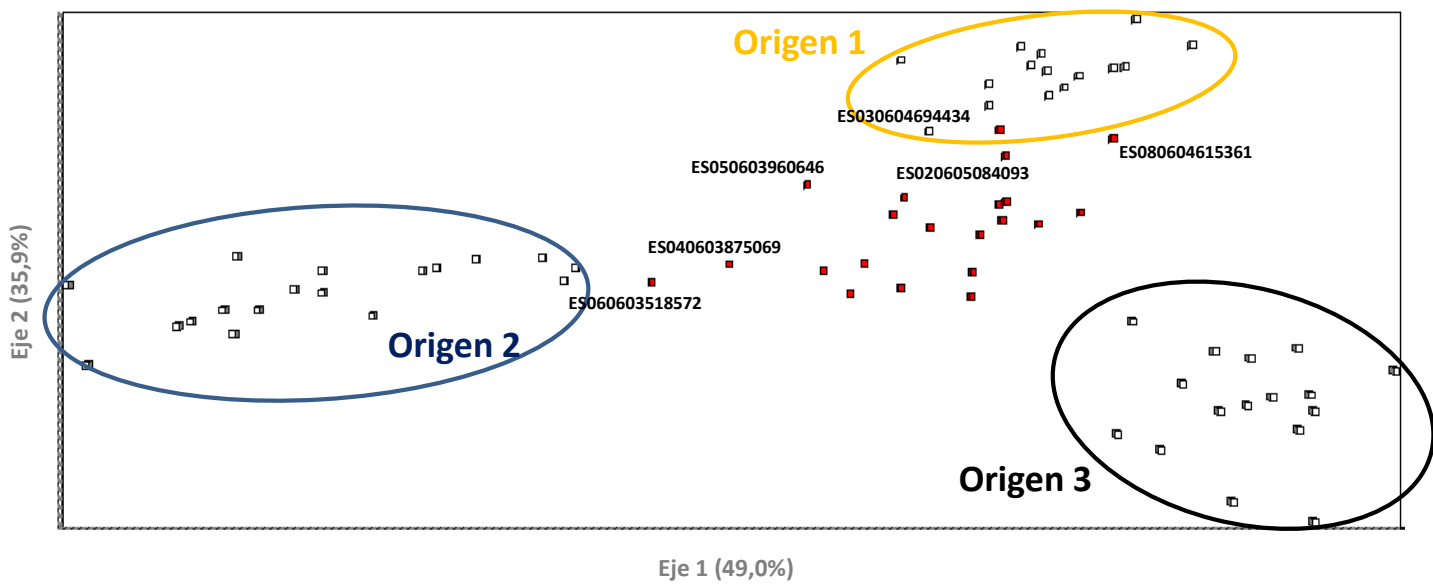


Figura. Posición relativa en un plano de dos dimensiones, que corresponden a los dos ejes de mayor inercia, obtenidos utilizando los marcadores moleculares como variables explicativas mediante un análisis de correspondencia. Los puntos rojos representan la posición de los animales remitidos este año.

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 identificador del crotales en la posición que ocupan 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.