



## **Asignación de parentesco y detección de superfecundación heteropaternal en ovinos Merino Australiano mediante paneles de SNP**

Vera B.\*, De Barbieri I., Ferreira G., Navajas E.A., Carracelas B., Ciappesoni G.  
Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Ruta 48 km 10, Las Brujas (Uruguay).  
[bvera@inia.org.uy](mailto:bvera@inia.org.uy)

### ***Introducción***

Las pruebas de paternidad son una herramienta útil para la recuperación de información genealógica no registrada o incorrecta. Los errores de pedigrí pueden disminuir la tasa de ganancia genética en las poblaciones bajo selección, porque reducen la correlación entre los valores genéticos verdaderos y los predichos, como señala Van Vleck et al. (1970). La superfecundación heteropaternal puede definirse como la fertilización e implantación de dos o más óvulos durante el mismo ciclo estral consecuencia de eventos copulatorios separados; esto da como resultado el nacimiento -en la misma camada- de múltiples individuos (hermanos) con diferente paternidad (Wenk et al., 1992). La superfecundación heteropaternal ocurre con mayor probabilidad en especies poliovulatorias como los ovinos. En los sistemas de producción, las ovejas a menudo se aparean en grupos colectivos con varios carneros, lo que lleva a que una hembra sea servida por varios machos durante el mismo ciclo estral. El objetivo del presente trabajo fue asignar las paternidades para la generación 2020 del Núcleo Ultrafino Glencoe (NUG) y determinar la frecuencia de superfecundación heteropaternal mediante la genotipificación con paneles de SNP de mediana densidad ( $\approx 50K$ ).

### ***Materiales y métodos***

Se conformaron cuatro grupos de apareamiento con 103 a 107 ovejas y 3 carneros por grupo durante un período de 34 días, en un potrero de campo natural. Todos los protocolos aplicados fueron aprobados por la Comisión de Ética en el Uso de Animales de Experimentación de INIA (INIA 2018.2). La información genealógica de los 359 corderos (madres y padres putativos) fue proporcionada por el NUG. Estos animales forman parte de la población de referencia del programa de mejoramiento genético animal, por lo que se disponía de su genotipado con algún panel de SNP de mediana densidad (Figura 1). Los SNP con *callrate*  $>90\%$  fueron utilizados: 21398 SNP (21K, comunes entre paneles) o 798 SNP de parentesco (Macedo et al., 2014; Ciappesoni et al., 2016). En la asignación de paternidades se utilizó el software SeekparentF90 (Aguilar, 2014) para detectar incompatibilidades entre padres e hijos en función de los conteos de conflictos mendelianos descrito en Wiggans et al. (2010). Se declara una no coincidencia si el número de conflictos mendelianos es mayor que el umbral (1%). Después de las asignaciones de parentesco, fue reconstruida la genealogía oficial que se verificó nuevamente mediante tríos (cordero, madre y padre).

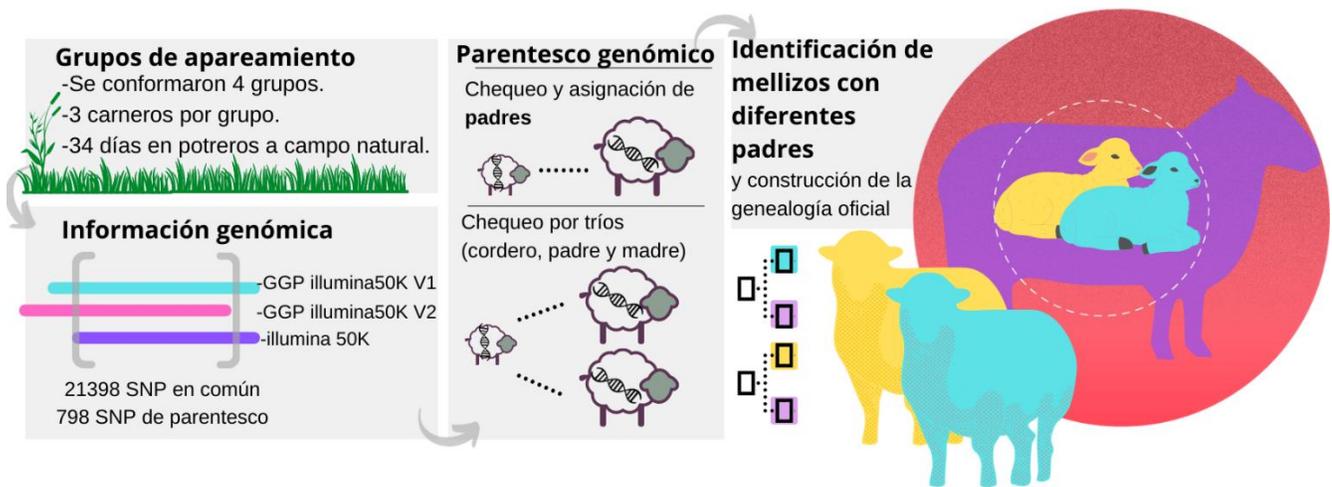
### ***Resultados y discusión***

Utilizando 798 SNP fueron asignados padres al 100% de los corderos (con  $<1\%$  conflictos mendelianos) y utilizando 21K se asignaron al 55% de los corderos, el resto (45%) corresponde a asignaciones dudosas (1-3% conflictos mendelianos según ICAR para bovinos). En cuanto a la verificación de maternidades, fueron asignadas un 98% usando 798 SNP o 21K, el error en las asignaciones de las madres fue corregido. Además, usando la genealogía verificada, se determinó el porcentaje de hijos por carnero en cada lote de monta (Tabla 1) observándose una gran heterogeneidad. Tal es el caso de carneros 5 y 10 que preñaron mayoritariamente a las hembras del grupo B y C, resultando ser los padres del 75% y 50% de los corderos de cada lote, respectivamente. Estos datos son indicio de la jerarquía que establecen los carneros en cada lote. Por otra parte, se identificaron 69 pares de mellizos, de los cuales 19 (28%) fueron engendrados por dos carneros diferentes. Estas observaciones apuntan a casos de superfecundación heteropaternal que han sido verificados utilizando información de ADN. Casos como éste, han sido reportados en humanos (Hansen y Simonses 2008, Bulbul et al., 2013), en bovinos (McClure et al., 2017) y recientemente en ovinos (Berry et al., 2020) con una incidencia del 1% y 30% para estos últimos, respectivamente. Los resultados de este trabajo muestran que la incidencia de mellizos con diferentes padres es similar a la reportada por Berry et al. (2020) en rebaños irlandeses. En algunos casos, como en las montas colectivas, los productores suelen optar por genotipificar

un individuo de la camada, inferir el padre de este individuo y asignárselo al resto de la camada; los primeros resultados de este trabajo revelan que esta estrategia no sería una buena práctica. Genotipificar a los padres y a la descendencia es crucial para la identificación de estos casos en montas colectivas y, además, permite proporcionar datos genealógicos más confiables que resultarán en estimaciones del mérito genético más precisas.

**Conclusión**

No se observaron asignaciones de parentesco dudosas cuando se utilizó la información molecular de un set de SNP de parentesco, a diferencia de cuando se usó un mayor número de SNP (21K) los casos dudosos aumentaron al 45%. La incidencia de mellizos con diferentes padres en la generación 2020 del NUG fue del 28%.



**Figura 1.** Resumen gráfico.

Tabla 1. Hijos estudiados y ovejas preñadas (número y porcentaje) según lote de monta y carnero dentro del lote.

Lote	ID Carnero	Año de nacimiento del carnero	Hijos por carnero		Ovejas preñadas por carnero	
A	Carnero 1	2015	43	42%	36	44%
	Carnero 2*	2017	14	14%	13	16%
	Carnero 3	2017	38	37%	27	33%
	Carnero 4*	2018	7	7%	5	6%
			<b>102</b>		<b>81</b>	
B	Carnero 5	2015	44	50%	36	50%
	Carnero 6	2015	18	20%	17	24%
	Carnero 7	2018	26	30%	19	26%
				<b>88</b>		<b>72</b>
C	Carnero 8	2016	13	18%	10	17%
	Carnero 9	2016	5	7%	4	7%
	Carnero 10	2017	55	75%	45	76%
				<b>73</b>		<b>59</b>
D	Carnero 11	2016	38	40%	28	36%
	Carnero 12	2017	37	39%	30	39%
	Carnero 13	2018	21	22%	19	25%
				<b>96</b>		<b>77</b>
<b>Total</b>			<b>359</b>		<b>289</b>	

\*El carnero 2 fue sustituido por el carnero 4 a los 15 días de iniciada la encarnera.

**Palabras Claves:** superfecundación heteropaternal ; parentesco; genómica ovina

**Literatura citada**

Aguilar,2014. [seekParentF90]. Retrieved August 20, 2021, <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?Id=readme.seekparentf90>

Berry et al.,2020. Heteropaternal superfecundation frequently occurs in multiple-bearing mob-mated sheep. *Animal Genetics*, 51(4), 579–583.

Bulbul et al.,2013. Heteropaternal Superfecundation: A Case Report in Turkey. *Journal of Fertilization*.01(03).

Ciappesoni et al.,2016. SNP Assisted Breeding for Sheep extensive systems: Utopia or Reality. PAG XXV.

Macedo et al.,2014. New Parentage Testing SNP Panel for Commercial Breeds. Proceedings of 10th Congress of Genetics Applied to Livestock Production.

McClure et al.,2017. Rate of bovine heteropaternal superfecundation in the Irish National Herd: twins with different sires. *Animal Genetics*, 48(6), 721–723.

Van Vleck, 1970. Misidentification and sire evaluation. *J. Dairy. Sci.*, 53 pp.1697-1702

Wenk et al.,1992. How frequent is heteropaternal superfecundation? *Acta Geneticae Medicae*, 41(1), 43–47.

Wiggans et al.,2010. Selection and management of DNA markers for use in genomic evaluation. *Journal of Dairy Science*, 93(5), 2287–2292.