

Betizu behi arrazaren karakterizazio genealogiko eta genomikoa

(Genealogical and Genomic Characterization of the Betizu Bovine Breed)

Asier Alvite Arregui*¹, Juan Altarriba Farrán², Luis Varona Aguado²

¹ Lurgintza Nekazal Kooperatiba (Azpeitia, Gipuzkoa)

² Genetika Saila, Anatomia, Enbriologia eta Animalien Genetika Saila. Albaitaritza Fakultatea (Zaragozako Unibertsitatea, Zaragoza)

LABURPENA: Ikerketa lan honen bidez, Euskal Herrikoa, hemengoa den eta galtzeko zorian dagoen betizu behi-arraza erdi basatiaren ezaguerara handitu nahi izan da. Axiom™ Bovine Genotyping v3 genotipazio-txiparekin abereen lagin adierazgarri baten azterketa genetikoa egin da. Azterketa horren helburua behi-taldearen barruan egon zitezkeen azpipopulazioak atzematea eta taldean dagoen odolkidetasun-maila aztertzea izan da. Galtzeko zorian dagoen arraza den arren, odolkidetasuna ez da espero zen bezain handia izan: batez beste % 13,4. Gaur egungo betizuen abere-azienda birpopulatu duten animalia talde nagusiekin bat egiten duten hiru azpipopulazio aurkitu dira. Ahaidetasuna zehazteko, erlazio genomikoen matrizea kalkulatu da, eta informazio molekularrak genealogikoki ezezagunak diren ahaideak argitzeko duen gaitasuna egiaztatu da. Azterketa horren emaitzek informazio garrantzitsua eman dute arraza kontserbatzeko programan erabakiak hartzeko; izan ere, depresio endogamikoa agertzea saihesten duten gurutzamenduak diseinatzeko aukera eman dezake, informazio genealogikoa ez dagoen egoera batean.

HITZ GAKOAK: Betizu, genotipazio, odolkidetasun, ahaidetasun, populazio-egitura.

ABSTRACT: The ultimate goal of this research work is to contribute to the knowledge of the native, very rustic and endangered cattle breed in the Basque Country called Betizu. A genetic analysis has been carried out on a representative sample of individuals that was genotyped with the chip Axiom™ Bovine Genotyping v3. The aim of this analysis was to detect possible subpopulations within the herd, as well as to study the degree of consanguinity present in the population. Considering that it is an endangered breed, inbreeding was not excessively high, obtaining an average of 13.4%. Three different subpopulations were detected that coincided with the main Betizus populations that have repopulated the current cattle population. The kinship was determined by calculating the matrix of genomic relations and the capacity of the molecular information to reveal kinships that were genealogically unknown was verified. The results of this analysis provided relevant information for decision making in the conservation program of the breed, since it allows to design a mating strategy to avoid inbreeding depression.

KEYWORDS: Betizu, genotyping, consanguinity, affinity, population structure.

* **Harremanetan jartzeko / Corresponding author:** Asier Alvite Arregui. Lurgintza Nekazal Kooperatiba, Azpeitia (Gipuzkoa). – asieralbite@gmail.com – https://orcid.org/0000-0002-0640-5477

Nola aipatu / How to cite: Alvite Arregui, Asier; Altarriba Farrán, Juan; Varona Aguado, Luis (2022). «Betizu behi arrazaren karakterizazio genealogiko eta genomikoa». *Ekaia*, 42, 2022, 127-138. (https://doi.org/10.1387/ekaia.22701).

Jasotze-data: 2021, apirilak 8; Onartze-data: 2021, azaroak 24.

ISSN 0214-9001 - eISSN 2444-3255 / © 2022 UPV/EHU



Lan hau Creative Commons Aitortu-EzKomertziala-LanEratorririkGabe 4.0 Nazioartekoa lizentzia baten mende dago

1. SARRERA

Lan honen bidez, betizu behi-arrazari buruzko ezagutzan sakondu nahi da. Betizu arraza desagertzeko arriskuan dagoen milaka urteko arraza bat da, Europako azken behi basatietako bat [1]. Betizuak animalia iheskorrak dira, eta Euskal Herriko mendietan irauten dute oraindik ere.

Populazio hori orografia malkartsura eta klimatologia hezera egokituta dago. Baserriko ekonomiaren giltzarria da, eta naturarekiko iraunkorra den abeltzaintza estentsiboa ahalbidetzen du. Gainera, eskualde horretako espezieen biodibertsitate zabalari eusten laguntzen dio. Hala ere, mende luzez mendi, baso eta zelaietan egon diren animalia horiek gutxitu egin dira, landa-biztanleria zahartzearen eta landa-ingurune sozioekonomiko tradizionala desagertzearen ondorioz [2]. Horregatik, beharrezkoa da arrazaren egoera hain delikatuaz ezagutaraztea, gizarteak ondare horri balioa eman diezaion eta desagertu ez dadin eta landa-sektorearen ekonomia estentsiboan eta naturan txerta dadin.

Bestalde, betizua kontserbatzeko ahaleginetan aritu diren pertsonak ikertzen eta informazioa biltzen egindako lanari esker, gaur egun oinarri baliotsua dugu. Lan honen bidez, orain arteko genetikako ezagutza eguneratu, osatu eta zabaldu nahi da.

Betizu populazioaren azterketa genetikaren aurrekari bakarrenetakoa, lan hau egin arte, Fernando Rendok bere doktorego-tesirako egindako ikerketa-lana da [3]. Lan horretan, Euskal Autonomia Erkidegoko eta Nafarroako ardi-, behi- eta zaldi-arraza autoktonoen populazioen genetikari buruzko azterlana egin zuen. Betizu arrazarekin lortutako emaitzei dago-kenez, arrazaren egitura genetikoa eta harreman filogenetikoak aztertu zituen, markatzaile mikrosatelitak [4] erabiliz. Ikerketaren ondorioen arabera, betizu arrazak, 250 abelburu inguru izan arren, aldakortasun genetikoa handia ageri zuen. Bestalde, piriniotar behi-arraza betizutik genetikoki hasieran espero baino urrutiago zegoela ikusi zuen. Azkenik, arrazaren gehiengoaren jatorria ia mestizajerik gabe iraun zuten talde gutxi batzuetan zegoen, eta, beraz, betizu arrazak odolkidetasun handia eduki behar zuela ondorioztatu zuen.

GRAL honetarako egin dugun azterketan, betizu indibiduen lagin espezifikoko baten bidez, azterketa genetikoa eguneratu da. Horretarako, genotipazio-txipek eskaintzen duten informazio molekular masiboa erabili da, populazioen genetikaz-azterketa ugari egiteko aukera ematen baitu. Horien artean, egitura genetikoen eta taldeen arteko erlazioen azterketa zehatzagoa egiteko aukera ematen du [5], homozigosi-eskualdeak identifikatzeko eta aztertze (ROH-Runs of homocigosity), odolkidetasuna aztertze [6, 7] eta elkarte-azterketak egiteko genoma osoan (Genome-wide Association —GWAS—) [8]. Egitura genetikoa eta homozigosi-eskual-

deak aztertzeke, genotipazioetako informazioa besterik ez da behar; elkar-tze eta hautespen genomikoko azterketek, berriz, informazio fenotipikoa duen datu-base bat ere behar dute, eta, beraz, ezin izan dira lan honetan az-tertu.

Azterketa horren emaitzek informazio garrantzitsua ematen dute arra-zaren kontserbazio-programan erabakiak hartzeko. Izan ere, beste informa-ziorik ez dagoenez, depresio endogamikoa agertzea saihestuko duten guru-tzamenduak diseinatzea ahalbidetzen du.

2. HELBURUAK

Lan honen helburu nagusia arrazari buruzko informazio genetikoak lor-tzea da, nukleotido bakar baten polimorfismoak atzemanek (SNP), betizuen biziraupenean eta kontserbazioan laguntzeko. Azterketa genetikoari esker, populazioaren barruan egon daitezkeen azpipopulazioak (edo enborrak) hauteman, haien arbasoen berri eduki eta odolkidetasun-maila aztertu ahal izango da, genotipazio-txipak emandako informaziotik abiatuta.

3. MATERIALAK ETA METODOAK

Helburuari ekiteko, 2020. urtera bitartean Gipuzkoako Betizu Elkartekoak diren eta Aiako Parke Naturelean bazkatzen duten behi-taldeko lagin baten azterketa genetikoak egin dugu. Taldea Euskal Herriko Betizu talde nagusietako abelburuekin eratu zen bere garaietan. Azterketa egiteko, Aiako taldeko 37 indibiduoek izan ziren atera zitzaizkien.

Gainera, animalia horiei buruzko informazio genealogikoa erregistratu da (arbaso bat falta da azterturiko animalien erdietan —28 behi ama eta 14 zezen aita identifikatu dira—), eta haien arteko ahaidetasun genealogi-koaren matrizea egin da. Jatorrizko ustiatagia eta bakoitzaren jaioteguna ere erregistratu dira.

Behi-taldetik lortutako laginekin genotipazioak Axiom™ Bovine Ge-notyping v3 txiparen bidez egin dira (63.988 SNP markatzaile ditu). SNPak (*Single Nucleotide Polymorphisms*) nukleotido bakar baten poli-morfismoak dira, eta DNA sekuentziako base purikoan edo pirimidinikoan (adenina, timina, zitosina edo guanina) gertatzen den aldaketa da, hau da, base bat DNA zati baten genomaren posizio jakin batean aldatzen da. Ge-notipazio txipek sortzen duten informazioa norbanakoen balio hobetzailea auresateko [9] eta dibertsitate genetikoaren [5] eta odolkidetasunaren [6] azterketak egiteko erabil daiteke. Analisiak Lugon dagoen Xenética Fontao S.A. enpresak egin ditu. Genotipazioa lortu ondoren, iragazte bat egin da PLINK programa informatikoaren bidez [10], markatzaileak gutxienez in-

dibiduen % 95etan genotipatu direla ziurtatzeko. Iragazte-prozesu horren ondorioz 58.147 SNP markatzailerren informazioarekin gelditu gara; izan ere, txip horiek Holstein, Angus eta antzeko arrazetarako diseinatu dira, eta, beraz, ez dira betizuarentzat espezifikoekin. Lortutako markatzaileretatik, DNA mitokondrialean, X eta Y kromosometan eta aurkitu gabekoetan (1.391) daudenak baztertu egin dira. 56.766 geratu dira, eta horietatik 392 bi aldiz agertu dira.

Aztertutako genomak 2,5 G base-bikote ditu (kromosoma bakoitzaren lehen eta azken SNPen arteko distantzia hartuta), behi-genomaren 2,87 G-tik. SNPen arteko batez besteko distantzia 44,1 mila base-parekoa da.

Genotipazio-txipak emandako informazioari esker odolkidetasuna (homozigosi-blokeen detekzioa), populazioaren egitura eta ahaidetasuna aztertu dira:

1. Homozigosi-blokeen detekzioa DETECT_RUNS [11] pakete informatikoaren bidez. Lehenik eta behin, DETECT_RUNS paketeko *ConsecutiveRUNS* funtzioa erabili da norbanako bakoitzean SNP markatzaileak homozigosian bakarrik dituzten genoma-eskualdeak identifikatzeko. Ondoren, odolkidetasunaren kalkulua egin da, homozigosi-eskualde horietako genomaren tamaina haren luzera osoarekin alderatuz [12].
2. Egitura genetikoaren azterketa ADMIXTURE programaren bidez [13], aztertutako laginean egon daitezkeen azpipopulazioak detektatzeko. Programak egiantza maximoko prozedura erabiltzen du indibiduo bakoitzari azpipopulazio jakin bateko kide izateko probabilitatea esleitzeko. Prozedurak aurrez azpipopulazioen kopurua zehaztea eskatzen du. Zehazki, 1., 2., 3., 4. eta 5. azpipopulazioekin egin dira analisiak. Doikuntzak baliozkotze gurutzatuaren bidez konparatu dira.
3. Analizatutako banakoen ahaidetasun genomikoaren matrizea kalkulatzeko, *AGHmatrix* pakete informatikoaren bidez [14]. Pakete horrek VanRadenen algoritmoa (2008) [15] erabiltzen du genotipatutako norbanakoen arteko erlazio genomikoen matrizea kalkulatzeko. Tresna horren bidez, filiazio-mailari buruzko informazioa lortzen dugu, norbanako bakoitzak besteekin duen harremana erakusten diguna. Horrela, haien arteko antzekotasun genetikoak zehaztu dezakegu, eta zein familiatatik datozen jakin.

4. EMAITZAK ETA EZTABAIDA

Esan bezala, azterketa genetiko eta genomikoa egiteko, 37 betizuren laginak erabili dira, eta arraza baten biziraupenean eragin handiena duten

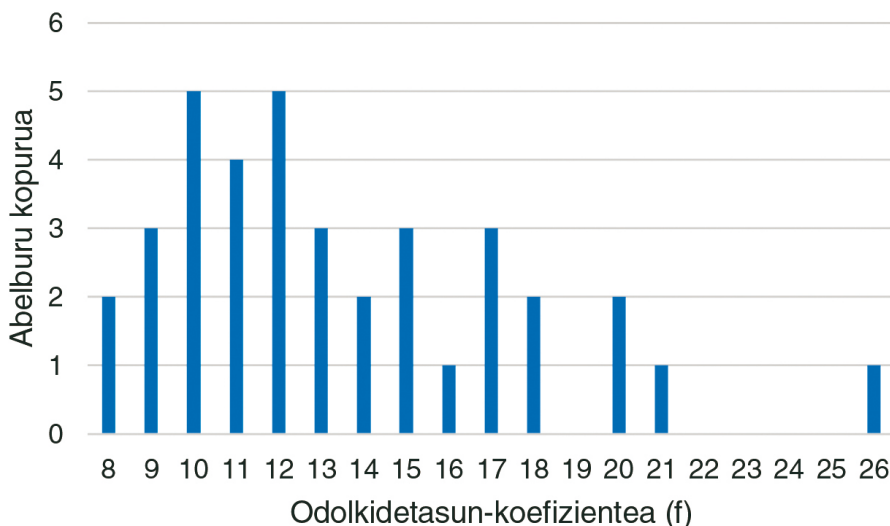
hiru elementu aztertu ditugu: odolkidetasuna, populazioaren egitura eta ahaidetasuna.

4.1. Odolkidetasuna eta ROH

«Materialak eta metodoak» atalean deskribatutako datuen arazketen ondoren, DETECT_RUNS programaren bidez homozigosi-eskualdeak aztertzeak banako bakoitzarentzat 272-398 eskualde (ROH) identifikatzeko aukera eman du, *consecutiveRUNS* funtzioaren bidez. Eskualde horiek genomaren luzera osoarekiko duten genomaren luzerak odolkidetasunaren zenbatespena ematen du [16] eta DETECT_RUNS programaren *Frohinbreeding* aukeraren bidez kalkulatu da. Aztertutako indibiduen kasuan, balio hori guztizkoaren % 7tik % 26ra bitartekoa izan da.

Lehenengo irudian (1. irudia) ikus daitekeen bezala, behi-taldeko odolkidetasunaren azterketak erakusten duenez, indibiduen % 13k (37tik 5ek) % 8 eta % 9 arteko odolkidetasuna du, eta % 38k (37tik 14k) % 10 eta % 12 artekoa. Gehiengoaren taldean, norbanakoen % 46ri dagokionez, odolkidetasuna % 12 eta % 21 artekoa da. Azkenik, banakoen % 1ek % 26ko odolkidetasuna du. Zehazki, lortutako balioen batezbestekoa 0,134 izan da, eta desbideratze tipikoa, berriz, 0,041.

Azpimarratzekoa da, galtzeko zorian dagoen arraza izanik eta, beraz, indibiduo kopuru txikia izanik (1.000 inguru), batz besteko odolkidetasuna ez dagoela balio arriskutsuetan. % 25etik gorako balioak kezagarriak izan litezke arrazaren biziraupenerako.



1. irudia. Banakako odolkidetasun-koefizienteen banaketa (%).

Kontuan hartu behar da zer-nolako garrantzia duen odolkidetasuna kontrolatzeak kontserbazio-programetan, depresio endogamikoak saihesteko [17]. Balio altuek egoera hori gertatzeko aukera handiagoa ekarriko lukete [18]. Hori saihesteko, hazitarako animaliak txandakatzea eta alde aurretik estalketak planifikatzea gomendatzen da, emeak estaliko dituen zezenarekiko genetikoki hurbiltasun handiegia duten emeak taldetik kenduz.

4.2. Populazioaren egitura

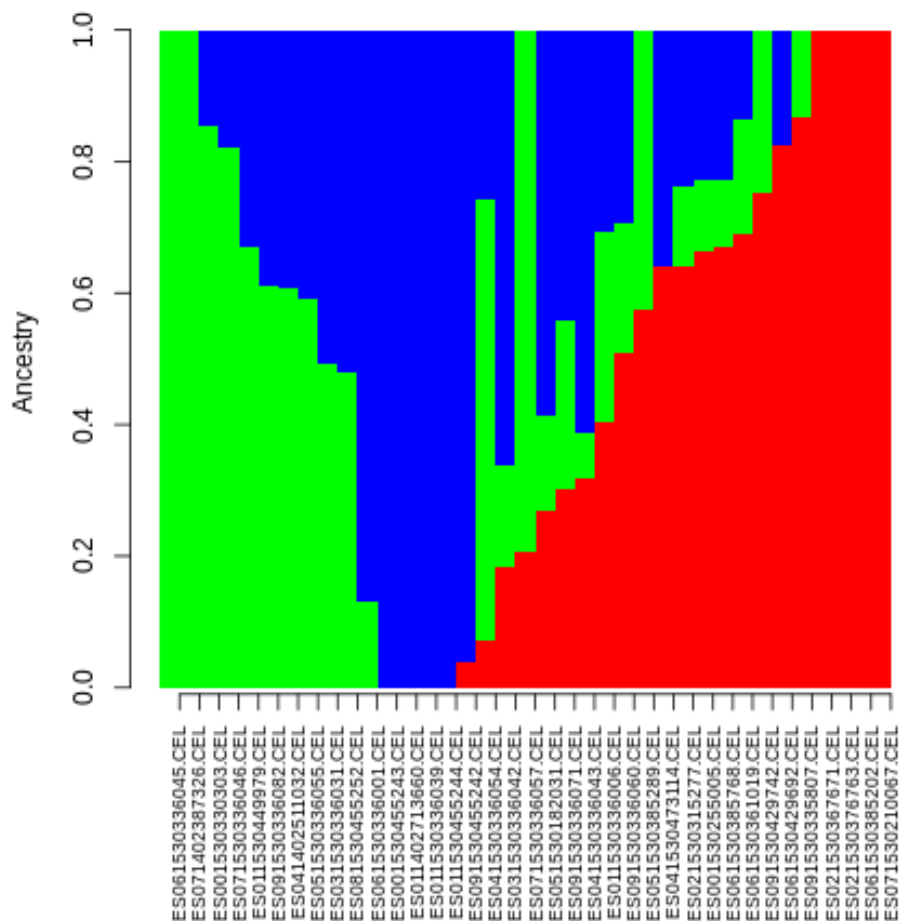
Populazioaren egiturak behi-talde horretan egon daitezkeen enbor, jatorri edo azpipopulazio ezberdinak azaltzen dut [19]. Aztertutako lagineko populazioaren egituraren analisiaren emaitzak ADMIXTURE programaren bidez lortu dira [13], 5 talde edo azpi-populazio dituzten kasuetan oinarrituta. Horien ezaugarriak 1. taulan jaso dira.

1. taula. Egiantzaren eta baliozkotze gurutzatuen logaritmoa azpipopulazio kopuruen arabera.

Jatorri kopurua	Egiantza	Baliozkotze gurutzatua
1	-1490845.86	0.41831
2	-1423911.46	0.41485
3	-1370619.315	0.41137
4	-1328799.864	0.43205
5	-1281163.650	0.43704

1. taulan ikus daiteke egiantzaren logaritmoa handitu egiten dela azpipopulazioen kopurua handitu ahala. Hala ere, balioztatze gurutzatuaren emaitzak doikuntza onena duen eredu 3 jatorrikoa dela erakusten du. Balioztatze gurutzatua edo *cross-validation* teknika analisi estatistiko baten emaitzak ebaluatzeko eta entrenamenduko eta probako datuen arteko zati-ketarekiko independenteak direla bermatzeko erabiltzen da. Partizioen gaineko ebaluazio neurrietatik lortutako batez besteko aritmetikoa errepikatu eta kalkulatu behar da. Aurresatea helburu duten inguruneetan erabiltzen da, eta praktikan gauzatuko den eredu baten zehaztasuna zenbatestea bilatzen du.

Premisa hori kontuan hartuta, 2. irudian indibiduoak azpipopulazio horiei esleituta ageri dira.



2. irudia. Indibiduo bakoitzaren osaeraren irudikapena, hiru azpipopulazioen (koloreak) arabera (1. taula).

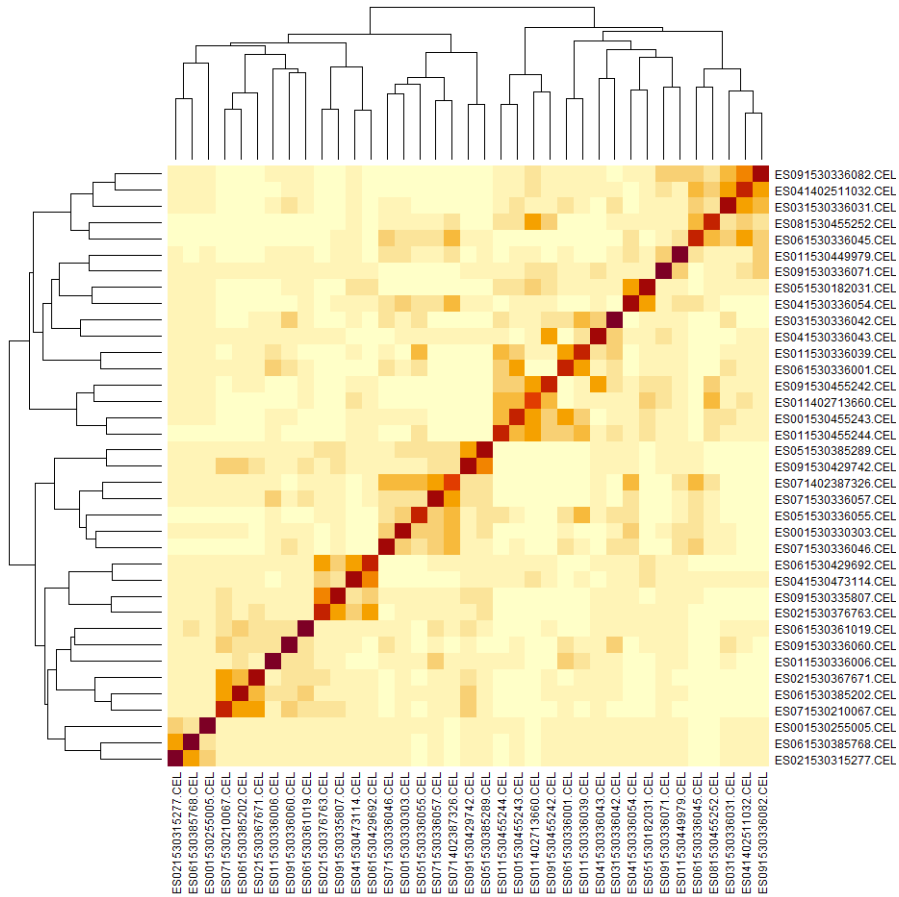
2. irudian, populazio bakoitzak animalia bakoitzaren osaera genetikoa zer parte duen ikus daiteke. Azpipopulazio horiek bat datoz behitalde nagusiekin, eta betizu gehienak birpopulatzeko balio izan zutenekin (Goizueta-Arano-Leitzalarrea, Aralar eta Bizkaikoak, esaterako). Grafikoak jatorri genetiko gorri, berde edo urdineko indibiduo bakoitzean metatutako ehunekoa adierazten du, betiere % 100 batzeraino. Adibidez, guztiz berdeak diren 6.045¹ eta 7.326 animaliak jatorri bakarrekoak dira;

¹ 4 digituak hausnarkariek daramatzaten banakako identifikazio-dokumentuko 12 zenbakietatik azken 4 zenbakiei dagozkie.

hau da, haien arbasoak populazio beretik ekarri ziren. 6.045 indibidua 3.660rekin gurutzatu ondoren (azken hori urdina da eta beste azpipopulazio batetik dator), 5.252 jaiotzen, % 50 kolore berdearekin eta urdinarekin. 1.032, 6.082 eta 6.031 indibidua elkarren artean ahaidetuta dauden animaliak dira, eta hirurak bi azpipopulazioaren arteko gurutzamendutik datoz: berdea eta urdina.

4.3. Indibiduen arteko ahaidetasuna

Esan bezala, norbanako bakoitzak gainerakoekin duen ahaidetasun-mailari buruzko informazioa «AGHmatrix» paketearekin aztertu da. Lortutako emaitzak 3. irudian ageri dira.



3. irudia. Aztertutako indibiduo-bikoteen arteko ahaidetasunen irudikapen eskematikoa.

Irudian kolore ilunago batez nabarmentzen diren indibiduoek euren artean antzekotasun genetiko handiagoa dute, familia berekoak izanik. Adibidez, irudian 6.082 animalia 1.032ren semea eta 6.031ren haurriderdia dela ikus daiteke, eta irudian lotura estua dutela agertzen da. 3. irudiko dendrograman ikus daitekeen moduan, genetikoki urrunen dauden indibiduoak kolore argiagoarekin agertzen dira. Begi hutsez, 4 familia edo nukleo nagusi eta beste hainbeste txikiago identifikatzen direla esan genezake.

2. taulan, banakoen arteko ahaidetasun genomiko handienak ageri dira. Nabarmentzekoa da animali batzuen arteko ahaidetasuna anai-arreben edo seme-alaba-gurasoaren artekoa (0,5) eta haurriderdien (0,25) artekoko baina handiagoa dela.

2. taula. Banakoen arteko ahaidetasun-zenbakitzaile altuenak.

Ahaidetasuna	Indibiduoak	
0.529	ES041402511032	ES091530336082
0.504	ES021530376763	ES091530335807
0.457	ES021530376763	ES061530429692
0.456	ES011402713660	ES091530455242
0.450	ES021530315277	ES061530385768
0.442	ES031530336031	ES041402511032
0.441	ES011402713660	ES011530455244
0.438	ES001530455243	ES011402713660
0.435	ES041530336043	ES091530455242
0.434	ES021530367671	ES071530210067
0.416	ES011402713660	ES081530455252
0.399	ES001530455243	ES061530336001
0.390	ES011530336039	ES061530336001
0.368	ES011530336039	ES011530455244
0.366	ES041402511032	ES061530336045
0.325	ES001530330303	ES071402387326
0.319	ES011530336039	ES051530336055
0.311	ES001530455243	ES011530455244
0.263	ES021530367671	ES061530385202
0.260	ES031530336031	ES091530336082
0.254	ES011530336039	ES031530336042
0.221	ES011530336006	ES071530336057
0.217	ES011402713660	ES051530182031
0.207	ES041402511032	ES081530455252
0.207	ES011530336006	ES061530336001

Azkenik, populazioaren egituraren, ahaidetasun-matrizearen eta ohiko moduan egiten den ahaidetasun genealogikotik lortutako informazioaren artean korrelazioa dagoela egiaztatu dugu.

Alde horretatik, populazioaren egitura aztertzean, 6.045 eta 7.326 indibiduoak enbor berekoak balira bezala agertzen dira 2. irudian. Indibiduo horiek ahaidetasun-matrizean aztertuz gero, kolore ilunagoa ikusiko dugu bien lotura-puntuan. Bestalde, populazioaren egitura irudian ikusten denez, 6.082 indibiduoak (berde-urdina) ez du zerikusirik 0067rekin (gorria); eta gauza bera ziurta dezakegu, ahaidetasun-matrizean alderatuz gero.

Ahaidetasun-matrizean adibide gisa erabili diren animaliekin ere korrelazio hori egiazta daiteke. Irudi horretan eta aurrerago, ahaidetasun altuenen taulan, 6.082, 6.031 eta 1.032 indibiduoak ageri dira ahaidetasun-matrizean hertsiki lotuak eta 0,44ko eta 0,52ko ahaidetasunarekin. Hiru indibiduo horiek berdez agertzen dira 2. irudian, eta, azkenik, ahaidetasun genealogikoaren bidez, genetikoki oso lotuta daudela egiazta daiteke. Hala, 6.082 indibiduoak 1.032ren semea da, eta 6.031ren haurriderdia.

Hala ere, harreman horiek ez dira animalia guztiekin gertatu, eskura dagoen informazio genealogiko eskasak ez baitu ahalbidetu ahaidetasun genealogikoak behar bezain zehatz kalkulatzeko animalia guztietan. Beraz, genealogikoki ezezagunak ziren ahaidetasun batzuk argitu dira, eta horrek bai ahaidetasun genomikoaren matrizea eta bai populazioaren egituraren azterketa erabilgarriak direla erakusten du, informazio erabilgarria, egiazkoa eta antolatua eskaintzeko orduan.

5. ONDORIOAK

Lan horretatik ateratako ondorioak planteatutako helburuarekin bat datozen hiru ataletan banatzen dira:

- I. Betizuen 3 talde nagusiekin bat egiten duten 3 jatorri daudela antzematea.
- II. Galtzeko zorian dagoen arraza dela kontuan izanik, arrazaren bizi-raupenerako oraindik arriskutsua ez den batez besteko odolkidetasun genomikoa zenbatatea. Betiere gomendagarria litzateke estalketen plana ezartzea.
- III. Informazio molekularrak genealogikoki ezezagunak ziren ahaide-tasun-erlazioak argitzeko duen gaitasuna egiaztatzea.

6. ESKER ONAK

Eskerrak eman nahi dizkizuet nire ondoan modu batera edo bestera egon zareten guztiei, Luis Varona eta Juan Altarriba irakasleei, Eva Ugarte, Jose Mari Plazaola, Antonio Ibarburen eta Arantzazu Martiarenari eta, nola ez, betizu arrazaren abeltzainei.

BIBLIOGRAFIA

- [1] NAPAL LECUMBERRI, S. eta PÉREZ DE MUNIAIN ORTIGOSA, A. 2005. *Las Betizas de Navarra. Las últimas vacas salvajes de Europa* (2. edizioa). Editorial Evidencia Médica. Iruñea.
- [2] ALTARRIBA FARRÁN, J. 2019. «Importancia de la cría animal en raza pura». *Oye-closed*. Ikusgai: <http://oye-closed.chil.me/post/importancia-de-la-cria-animal-en-raza-pura-juan-altarriba-244018> [Kontsultatua: 2020-03-25].
- [3] RENDO FORNET, F. 2010. *Genética Poblacional y Forense en Razas Ovinas, Bovinas y Equinas Locales del País Vasco y Navarra*. Doktorego-tesia. Euskal Herriko Unibertsitatea. EAE Editorial Academia Española.
- [4] RENDO, F., IRIONDO, M., JUGO, B. M., AGUIRRE, A., MAZON, L. I., VICARIO, A., GOMEZ, M. eta ESTONBA, A. 2004. «Analysis of the genetic structure of endangered bovine breeds from the Western Pyrenees using DNA microsatellite markers». *Biochemical Resources*, **42**, 99-108. DOI: 10.1023/b:bigi.0000020465.62447.00.
- [5] PETER, B. M. 2016. «Admixture, Population Structure, and F-Statistics». *Genetics* **202(4)**, 1485-1501. DOI: 10.1534/genetics.115.183913
- [6] PERIPOLI, E., MUNARI, D. P., SILVIA, M. V. G. B., LIMA, A. L. F., IRGANG, R. eta BALDI, F. 2016. «Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock». *Animal genetics, Immunogenetics, Molecular Genetics and Functional Genomics*, **48**, 255-271. DOI: 10.1111/age.12526
- [7] LUIGI, M. G., CARDOSO, T. F., MARTÍNEZ, A., PONS, A., BERMEJO, L. A., JORDANA, J., DELGADO, J. V., ADÁN, S., UGARTE, E. ARRANZ, J. J., CALVO, J. H., CASELLAS, J. eta AMILLS, M. 2018. «Identificación de regiones comunes de homocigosidad en cabras y ovejas». XIX Reunión Nacional De Mejora Genética Animal. León. 2018ko ekainak 14-15.
- [8] TAM, V., PATEL, N., TURCOTTE, M., BOSSE, Y., PARE, G., MEYRE, D. (2019). «Benefits and limitations of genome-wide association studies». *Nature Reviews Genetics* **20**, 467-484.
- [9] MEUWISSEN, T. H., HAYES, B. J., GODDARD, M. E. 2001. «Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps». *Genetics*, **157**, 1819-1829.
- [10] PURCELL, S., NEALE, B., TODD-BROWN, K., THOMAS, L., FERREIRA, M. A. R., BENDER, D., MALLER, J., SKLAR, P., DE BAKKER, P. I. W., DALY, M. J., SHAN, P. C. 2007. «PLINK: a tool set for whole-genome association and population based linkage analyses». *American journal of human genetics*, **81(3)**, 559-575. DOI: 10.1086/519795.
- [11] BISCARINI, F., COZZI, P., GASPA, G. eta MARRAS, G. 2019. «Detect Runs of Homozygosity and Runs of Heterozygosity in Diploid Genomes». Ikusgai: <https://github.com/bioinformatics-ptp/detectRUNS/tree/master/detectRUNS> [Kontsultatua: 20-04-2020].
- [12] CEBALLOS, F., JOSHI, P., CLARK, D., RAMSAY, M. eta WILSON, J. 2018. «Runs of homozygosity: windows into population history and trait architec-

- ture». *Nature Review Genetics*, **19**, 220-234. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrg.2017.109>.
- [13] ALEXANDER, D. H., NOVEMBRE, J., LANGE, K. 2009. «Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals». *Genome Research*, **19**, 1655-1664. DOI: [10.1101/gr.094052.109](https://doi.org/10.1101/gr.094052.109).
- [14] AMADEU, R. R., CELLON, C., OLMSTEAD, J. W., GARCÍA, A. A., RESENDE, M. F., MUÑOZ, P. R. 2016. «AGH matrix: R package to construct relationship matrices for autotetraploid and diploid species: a blueberry example». *Plant Genome* **9**(3). DOI: [10.3835/plantgenome2016.01.0009](https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.01.0009). PMID: 27902800.
- [15] VANRADEN, P. M. (2008). «Efficient Methods to Compute Genomic Predictions». *Journal of Dairy Science*. **91**, 4414-4423. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>
- [16] GOSZCZYNSKI, D., MOLINA, A., TERÁN, E., MORALES-DURAND, H., ROSS, P., CHENG, H., GIOVAMBATTISTA, G. eta DEMYDA-PEYRÁS, S. 2018. «Runs of homozygosity in a selected cattle population with extremely inbred bulls: Descriptive and functional analyses revealed highly variable patterns». *Plos one*. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0200069>.
- [17] UGARTE SAGASTIZABAL, E. 2010. «Programas de mejora genética en ovino lechero: ejemplo del programa de la Latxa». Arkauti (Gasteiz): NEIKER A.B. (Nekazaritza Ikerketa eta Garapenerako Euskal Erakundea).
- [18] SAURA, M., FERNÁNDEZ, A., VARONA, L., FERNÁNDEZ, A. I., DE CARA, M. A., BARRAGÁN, C. eta VILLANUEVA, B. 2015. «Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genomic-wide data». *Genetic Selection Evolution*, **47**(1), 1. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-014-0081-5>.
- [19] MARTÍN-BURRIEL, I., RODELLAR, C., LENSTRA, J. A., SANZ, A., CONS, C., OSTA, R., RETA, M., DE ARGÜELLO, S., SANZ, A. eta ZARAGOZA, P. 2007. «Genetic Diversity and Relationships of Endangered Spanish Cattle Breeds». *Journal of Heredity*, **98**, 687-691. <https://doi.org/10.1093/jhered/esm096>