

PUERCA ENDOGAMIA

¹ Silió, L., Fernández, A., Martín-Palomino, P., López, M.A., Benítez, R., Rodríguez, M.C., Barragán, C. y Ovilo, C.

¹Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, Ctra. A Coruña km 7,5, 28040 Madrid
E-mail: silio@inia.es

INTRODUCCIÓN

La pira experimental del CIA 'Dehesón del Encinar', compuesta por las líneas ibéricas Torbiscal y Guadyrbas, constituye un elemento de importancia para la conservación de los recursos genéticos y el conocimiento de esta raza autóctona. Por permanecer cerrada desde 1944-45 con un reducido censo, el principal reto que plantea su conservación es la ralentización del inevitable aumento del parentesco entre los reproductores y los efectos negativos de la consanguinidad sobre la viabilidad de los lechones (Fernández et al., 2002; Demontis et al., 2009). Se ha sugerido que el genotipado de cientos de marcadores genéticos permite la obtención de medidas del parentesco y consanguinidad moleculares, posible alternativa a los coeficientes genealógicos (Toro et al., 2002; Alves et al., 2008). Esta opción comienza a ser factible, al menos experimentalmente, pues diferentes tecnologías de genotipado automatizado facilitan el análisis de un gran número de individuos y SNPs a coste asequible (Rohrer et al., 2007; Ramos et al., 2007; Ballester et al., 2007).

En un trabajo previo realizado a partir de genotipos de 40.200 SNPs obtenidos con el *SNP60 BeadChip*, hemos verificado en animales de la línea Torbiscal que un panel de 192 SNPs informativos proporciona estimas de homocigosis molecular altamente correlacionadas con la esperada a partir de la genealogía (Silió et al., 2010). En el presente estudio nos planteamos la comparación del efecto de ambas medidas de endogamia sobre el crecimiento de los lechones hasta los 90 días. Los resultados pueden ser útiles para valorar la conveniencia de introducir este panel de SNPs en la gestión genética de esta línea, y de modo más general la utilidad de esta información en otras poblaciones ganaderas valiosas sin registros genealógicos fiables, o en poblaciones silvestres (Csilléry et al., 2006).

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales y datos fenotípicos. Con objeto de comparar diferencias de consanguinidad generadas en una sola generación, se obtuvieron 56 camadas nacidas de un diseño que - para cada verraco- combinaba apareamientos de máximo y mínimo parentesco (Fernández et al., 2002). Los registros de crecimiento analizados se obtuvieron en 322 marranos de ambos sexos, hijos de 28 verracos y 56 cerdas, nacidos en dos parideras sucesivas de la línea Torbiscal. Los animales se pesaron quincenalmente entre los 42 y 110 días de edad. A partir de estos registros, por regresión lineal se estimó para cada individuo su Ganancia media diaria en este período (pendiente de la regresión) y su Peso a 90 días (intercepto). Las respectivas medias de estos caracteres fueron 0,156 kg/d y 17,03 kg.

Genotipado de SNP. Inicialmente se genotiparon, mediante el *Porcine SNP60 BeadChip* (Illumina, San Diego, CA, USA), 65 muestras de ADN procedentes de siete verracos, seis cerdas cubiertas por tres de ellos y sus 52 hijos nacidos en tres camadas de parentesco máximo y tres de parentesco mínimo entre sus progenitores (Silió et al., 2010). A partir de los genotipos de 59.895 SNPs de los que sólo 40.200 son polimórficos en cerdos Ibéricos, se seleccionaron 192 SNPs con frecuencias intermedias, distribuidos por cada uno de los 18 autosomas, y teóricamente aptos para su genotipado simultáneo mediante *GoldenGate Genotyping Assay*. Este panel reducido se utilizó para el genotipado de los restantes animales, que se llevó a cabo como el de alta densidad en el Servei Veterinari de Genètica Molecular de la UAB. Sólo 168 sondas de las 192 del panel proporcionaron genotipos de SNPs con una resolución satisfactoria, lo que puede atribuirse al cambio de plataforma.

Análisis estadísticos. Para el cálculo de los coeficientes de consanguinidad genealógicos (F_G) se utilizó la genealogía completa, con 26,5 generaciones y 1.895 tríos animal, padre y madre. Los coeficientes de consanguinidad molecular fueron calculados como la proporción de SNPs homocigotos (idénticos por estado). A partir de los valores individuales de heterocigosidad por estado ($1 - F_{168SNP}$) y por ascendencia ($1 - F_G$), se estimó por regresión el valor de la heterocigosidad en la población fundacional ($1 - \sum p^2$), dada la relación ($1 - F_{168SNP}$) = $(1 - \sum p^2) (1 - F_G)$. Asumiendo el valor estimado de este parámetro, la expresión $F_{G/168SNP} = (F_{168SNP} - \sum p^2) / (1 - \sum p^2)$ permite inferir valores de consanguinidad genealógica

de la homocigosis molecular (Alves et al., 2008). Los efectos sobre el crecimiento diario (GMD, kg/d) y el peso a 90 días (Peso_{90d}, kg) de las diferentes medidas de consanguinidad consideradas se estimaron mediante un modelo animal bivariado, en el que, además de los efectos poligénicos y los del ambiente común de camada, se incluyeron: el sexo y la paridera, y como variable regresora el correspondiente coeficiente de consanguinidad (F_G , F_{168SNP} o $F_{G/168SNP}$). El análisis se realizó utilizando un procedimiento bayesiano mediante muestreo de Gibbs con el programa TM (Legarra et al., 2009).

Tabla 1. Media, desviación típica (SD) y rango de los coeficientes de consanguinidad genealógica (F_G), de homocigosis molecular (F_{168SNP}) y genealógica inferido de la molecular ($F_{G/168SNP}$) en 322 animales nacidos de apareamientos de máximo y mínimo parentesco

Consanguinidad	Máximo parentesco (n = 162)			Mínimo parentesco (n = 160)		
	Media	SD	Rango	Media	SD	Rango
F_G	0,353	0,042	0,269 / 0,386	0,175	0,005	0,168 / 0,188
F_{168SNP}	0,604	0,055	0,458 / 0,738	0,501	0,042	0,405 / 0,617
$F_{G/168SNP}$	0,319	0,095	0,069 / 0,550	0,142	0,072	-0,023 / 0,341

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los principales estadísticos de los coeficientes de consanguinidad molecular calculados con los 168 SNPs correctamente genotipados (F_{168SNP}) se presentan en la Tabla 1, junto con los coeficientes de consanguinidad genealógica calculados del pedigrí (F_G). Conforme a lo esperado los primeros son superiores a los segundos, debido a que el valor estimado de la heterocigosidad por estado de la población fundacional (0,582) difiere claramente de uno. Los estadísticos de los coeficientes de consanguinidad genealógica inferidos de los SNPs genotipados ($F_{G/168SNP}$) muestran una elevada dispersión, que incluye valores negativos como es usual en este tipo de estimadores (Toro et al., 2002). Debido al fallo de genotipado de un 12,5 % de los SNPs, la correlación entre F_G y F_{168SNP} es algo inferior ($r = 0,762$) a la obtenida para el panel completo de 192 SNPs ($r = 0,845$) (Silió et al., 2010). El mismo valor de correlación ($r = 0,762$) se obtiene si sólo se consideran para el cálculo de F_G las cinco últimas generaciones.

La media y desviación típica de las distribuciones marginales posteriores de los efectos de los tres coeficientes de consanguinidad (b) sobre los caracteres analizados se muestran en la Tabla 2. Los valores de la probabilidad de que los efectos sobre GMD sean positivos [Probabilidad Posterior ($b > 0$)] son de cuarenta a setenta veces inferiores a los de la probabilidad de ser negativos. Si se expresa la depresión consanguínea como la reducción porcentual de la media de GMD debida a un 10% de aumento de F , los efectos estimados a partir de F_G , F_{168SNP} y $F_{G/168SNP}$ equivalen a -3,78, -3,91 y -2,24%, respectivamente. Los resultados relativos a Peso_{90d} ofrecen una mayor incertidumbre. En este caso, los efectos de depresión consanguínea estimados a partir de los mismos coeficientes equivalen a -0,85, -1,21 y -0,71% de la media de Peso_{90d}, respectivamente. La probabilidad de que estos efectos sean positivos es sólo de tres a cuatro veces inferior a la de que sean negativos.

Tabla 2. Principales estadísticos de las distribuciones marginales posteriores de los efectos sobre Ganancia media diaria (GMD) y Peso a 90 días (Peso_{90d}) de tres diferentes coeficientes de consanguinidad: genealógico (b_{FG}), molecular ($b_{F168SNP}$) y genealógico inferido de la información molecular ($b_{FG/168SNP}$)

Carácter / Efecto de consanguinidad (b)	Media Posterior de b	Desviación Típica Posterior de b	Probabilidad Posterior ($b > 0$)
GMD, kg/d			
b_{FG}	- 0,059	0,027	0,014
$b_{F168SNP}$	- 0,061	0,030	0,022
$b_{FG/168SNP}$	- 0,035	0,017	0,024
Peso _{90d} , kg			
b_{FG}	- 1,448	2,129	0,248
$b_{F168SNP}$	- 2,061	2,342	0,188
$b_{FG/168SNP}$	- 1,213	1,368	0,186

El examen de estos resultados sugiere que los efectos de la consanguinidad esperada (genealógica) no presentan diferencias con los de la consanguinidad realizada (molecular). La menor magnitud y mayor incertidumbre de los efectos sobre $Peso_{90d}$ pueden atribuirse a la dependencia de este carácter de algunos factores (genotipo maternal) no considerados en el modelo. Todos los efectos de los valores transformados de la consanguinidad molecular a la escala genealógica ($F_{G/168SNP}$) son inferiores a los de los otros coeficientes. Debe notarse que, en una población cerrada, sólo los apareamientos recientes contribuyen a la dispersión del parentesco y consanguinidad resultante siendo uniforme la contribución a éstos de los apareamientos antiguos (Wray y Thompson, 1990; Toro et al., 2002).

En poblaciones ganaderas, como la piara de 'El Dehesón del Encinar', en que se dispone de información genealógica profunda y fiable, la utilización de coeficientes de consanguinidad molecular, no aporta información adicional relevante en cuanto a la predicción de la depresión consanguínea aun cuando estén basados en un alto número de genotipos. Sin embargo, en otras poblaciones los coeficientes de consanguinidad basados en un número no inferior a 150 SNPs informativos podrían sustituir eficazmente a coeficientes basados en genealogías de muy limitada profundidad o calidad cuestionable. En todo caso, el factor crítico en estos estudios es la dispersión de la consanguinidad (parentesco) en la población objeto de estudio, muy relacionada con los sistemas de apareamiento y la tasa reproductiva de cada especie doméstica o silvestre (Toro et al., 2002; Csilléry et al., 2006).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, E., Barragán, C. & Toro, M.A. 2008. Span. J. Agric. Res. 6(2): 248-251.
- Ballester et al. 2007. Anim. Genet. 38: 662-666.
- Csilléry et al. 2006. Genetics 173: 2091-2101.
- Fernández, A., Rodríguez, J., Toro, M.A., Rodríguez, M.C. & Silió, L. 2002. J. Anim. Sci. 80: 2267-2275.
- Legarra, A., Varona, L. & López de Maturana, E. 2008. TM Threshold Model.
- Ramos et al. 2009. Plos One 4(8): e6524.
- Rohrer et al. 2007. Anim. Genet. 38: 253-258.
- Silió, L., Fernández, A., Mercadé, A., Martín-Palomino, P., López, M.A., Rodríguez, J. & Ovilo, C. 2010. 9th WCGALP, Leipzig, Alemania, 1-6 Agosto 2010, Paper 0480.
- Toro, M.A., Barragán, C., Rodríguez, J., Rodríguez, M.C. & Silió, L. 2002. Conserv. Genet., 3: 309-320.
- Wray, N.R. & Thompson, R. 1990. Genet. Res. 55: 41-54.

Agradecimientos: Este trabajo está enmarcado en el proyecto de investigación RZ2008-00026-00. Agradecemos la colaboración de Jaime Rodríguez y del personal del CIA 'Dehesón del Encinar' (Oropesa, Toledo), así como la asistencia técnica de Fabián García, Yolanda Núñez y Judit Salces (INIA) y Anna Mercadé (UAB).

PIG ENDOGAMY

ABSTRACT: The use of markers-derived metrics has been suggested to infer relative inbreeding from the homozygosity of markers. Automated genotyping systems yield accurate genotypes of multiple SNPs which are useful markers for this goal. In the present study, 322 pigs of the Torbiscal closed strain of Iberian pigs have been genotyped for 192 selected SNPs, using the *GoldenGate Genotyping Assay*. The animals proceed from 56 litters born from minimum or maximum coancestry matings. Inbreeding coefficients were calculated from the complete pedigree (F_G), the molecular homozygosity of 168 available SNP genotypes (F_{168SNP}) or inferred from the molecular homozygosity ($F_{G/168SNP}$). Weight at 90 days and daily gain data were available for each pig. The effects on growth performance of these coefficients were analyzed in a Bayesian framework via Gibbs sampling. Inbreeding depression, expressed as the performance decrease relative to the mean, per 10% of increase of each inbreeding coefficient, was -0.85, -1.21 and -0.71% for weight at 90d, and -3.78, -3.91 and -2.24% for daily gain, respectively. In absence of good quality pedigree, inbreeding effects could be predicted using marker-based coefficients.

Keywords: Iberian pig, inbreeding depression, marker based inbreeding.