

## SELECCIÓN GENÓMICA EN CONEJOS MEDIANTE IMPUTACIÓN DE GENOTIPOS

Mancin<sup>1</sup>, E., Sosa-Madrid<sup>2</sup>, B.S., Blasco<sup>2</sup>, A. e Ibáñez-Escriche<sup>2</sup>, N.

<sup>1</sup>Departamento de Agronomía, Alimentación, Recursos Naturales, Animales, y Ambiente (DAFNAE), Università Degli Studi di Padova, viale dell'Università 16, 35020 Legnaro (PD), Italia. <sup>2</sup>Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València, 46022 València, España; noeibes@dca.upv.es

### INTRODUCCIÓN

La industria de producción de carne de conejo se enfrenta a nuevos retos en los sistemas de producción, impulsando a investigar métodos de mejora genética, como la selección genómica, utilizados en especies como el vacuno de leche, el cerdo y los pollos (Meuwissen *et al.*, 2016). Los costos de genotipado son aún la mayor limitación para la implementación de la selección genómica en la industria del conejo, ya que un gran número de marcadores genéticos son necesarios para mejorar la precisión de las estimas de los valores mejorantes (Blasco y Pena, 2018). Una alternativa es el uso de paneles de baja densidad de marcadores genéticos en los animales candidatos o incluso en madres, imputando los marcadores ausentes de un panel de genotipado de mayor densidad (Meuwissen *et al.*, 2016). El objetivo de este estudio fue averiguar las mejores estrategias de imputación para implementar la selección genómica en los programas de mejora de conejo de carne.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Un proceso de selección por tamaño de camada en conejos fue simulado utilizando el programa *AlphaSim* (Faux, 2016). Las características de la simulación incluyeron 20 cromosomas, 44 QTNs por cromosoma, 20 generaciones de selección mediante BLUP y dos generaciones de selección mediante GBLUP. Las simulaciones se replicaron 36 veces. Cinco escenarios de imputación fueron evaluados, representando diferentes combinaciones de estrategias de genotipado. En estos escenarios, los ascendientes y la progenie fueron genotipados con una combinación de tres paneles con diferente densidad: 200,000 (HD); 6,000 (MD); y 600 (LD) SNPs. La imputación se realizó con el programa *AlphaImpute* (Hickey *et al.*, 2012). La precisión de la imputación (PI) y la precisión de la predicción genómica (PPG) se calcularon a través de correlaciones de Pearson entre el verdadero valor y el estimado; además se calculó la respuesta a la selección genómica y el porcentaje de candidatos seleccionados correctamente. Estos parámetros fueron utilizados para comparar los diferentes escenarios versus la típica selección mediante BLUP.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El escenario 1 (S1) presentó la mayor PI (0.99) y también la mayor PPG (0.26). S1 implica genotipar todos los ascendientes en HD y la progenie en MD. No obstante, S1 sería el escenario con mayor coste económico entre todos los presentados en este estudio. Los resultados en S1 están en la misma línea que los resultados en vacuno lechero (Weigel *et al.*, 2010), cerdos (Cleveland y Hickey, 2013) y salmón atlántico (Tsai *et al.*, 2017), genotipando ascendientes en HD. Por otro lado, escenarios con bajo coste de genotipado mostraron menores PI; un ejemplo es S4 en el que las hembras ascendientes y la progenie son genotipados en LD (0.86). En términos de PPG, los escenarios S2, S3 y S5 mostraron diferencias insignificantes. Sin embargo, S5, dado su menor precio, sería la opción más viable, con un PI de 0.90 y un PPG de 0.23. No obstante, los valores de PPG variaron entre simulaciones, sugiriendo que este parámetro depende principalmente de las distribuciones de los QTNs y SNPs a lo largo del genoma.

### CONCLUSIÓN

Las estrategias de imputación son viables para implementar la selección genómica en conejo, particularmente en el escenario S5, donde los machos ascendientes son genotipados con HD, las madres con MD, la progenie con LD y las abuelas no son genotipadas.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blasco, A. y Pena, R.N. 2018. En *Animal Biotechnology* 2: 61-80
- Cleveland, M.A. y Hickey, J.M. 2013. *J. Anim. Sci.* 91: 3583-3592.
- Faux, A.-M., Gorjanc, G., Gaynor, R.C. *et al.* 2016. *Plant Genome* 9.
- Hickey, J.M., Kinghorn, B.P., Tier, B. *et al.* 2012. *Genet. Sel. Evol.* 44: 9.
- Meuwissen, T., Hayes, B. & Goddard, M. 2016. *Anim. Front.* 6: 6-14.
- Tsai, H., Matika, O., Edwards, S.M. *et al.* 2017. *G3 Genes, Genomes, Genet.* 7: 1377-1383.
- Weigel, K.A., de los Campos, G., Vázquez, A.I. *et al.* 2010. *J. Dairy Sci.* 93: 5423-5435.