

EVALUACIÓN BAJO LA HIPÓTESIS DE HERENCIA MIXTA; USO DE INFORMACIÓN DE QTLs EN LA PREDICCIÓN DE VALORES GENÉTICOS POLIGÉNICOS

J.A. Baro*, C.E. Carleos**, R. Pong-Wong***, R. Álvarez*

* Unidad de Mejora Genética, Pricipado de Asturias, España

** Departamento de Estadística, Universidad de Oviedo, España

*** Genetics and Biometry Unit, Roslin Institute

Introducción

Para la estimación de valores genéticos aditivos se recurre a las ecuaciones del modelo mixto con datos fenotípicos de los animales y sus parientes. De hecho, es el método de rigor para la identificación de los individuos con el mayor mérito genético en casi todos los programas de mejora genética, y para la monitorización de la respuesta a la selección.

La superación de las asunciones del modelo infinitesimal para incorporar información sobre QTLs en la selección (herencia mixta) requiere la estimación conjunta de los valores de genéticos aditivos individuales y de los alelos del QTL.

Material y métodos

Los efectos de los distintos genotipos de un QTL se estiman a menudo mediante Mínimos Cuadrados Ordinarios (OLS). Cuando algunos de los animales están emparentados, el hecho de que se compartan alelos en loci distintos introduce correlaciones entre los residuales que no se tienen en cuenta en OLS. Similarmente, la estimación de valores genéticos aditivos mediante el mode-

lo mixto e ignorando el genotipo para el QTL puede llevar a estimas sesgadas debido al empleo de asunciones incorrectas sobre el compartimiento de alelos del QTL.

Se presentan resultados para un programa informático (PONG-WONG Y WOOLLIAMS, 1996) que tiene en cuenta la segregación mendeliana de genes de efecto discreto de incidencia conocida y de un fondo poligénico. Dicho procedimiento estima conjuntamente el efecto de los genotipos del QTL y los valores poligénicos aditivos mediante muestreo de Gibbs usando estimas probabilísticas de la matriz de incidencia del QTL y es por tanto aplicable a datos con observaciones faltantes para los genotipos del QTL, lo que es casi inevitable en un programa de mejora genética.

Resultados

Se utilizó un conjunto de más de 2000 registros de varias medidas zoométricas y pesos obtenidos de la estación de testaje de la raza Asturiana de los Valles con 210 animales genotipados para el gen de la hipertrofia muscular (mh). Se obtuvieron estimaciones de heredabilidad del fondo infinitesimal, cuando se incluía el QTL en el modelo

Cuadro 1

	$h^2_{(MIX INF)}$	a	d
Peso	.287 .215	-30.1	2.79 ^{NS}
Altura	.142 .257	-2.22	-.84 ^{NS}
Longitud	.354 .368	-3.06	-2.90 ^{NS}
Ancas	.502 .478	2.18	-.45 ^{NS}
Peso	.011 .002	-.25 ^{NS}	-.44 ^{NS}
Torax	.234 .157	2.26	-1.16 ^{NS}
Testículos	.206 .263	-1.78	-.94 ^{NS}

(NS) no significativamente distinto de cero al nivel 95%.

Cuadro 2

	Peso	Altura	Longitud	Ancas	Pecho	Torax	Testículos
Correlación	.91	.82	.63	.98	.81	.96	.38

(MIX) o se ignoraba (INF), y para la aditividad y dominancia del QTL.

Se estudiaron los cambios en la correlación de Spearman entre el rango obtenido siguiendo el modelo infinitesimal o el modelo de herencia mixta, cuando se seleccionaban los 50 mejores animales de los genotipados.

Conclusiones

Se encontró que el alelo mh reduce el peso y el tamaño corporal en altura y longitud, así como el tamaño de los testículos, pero incrementa el diámetro torácico y la anchura de ancas. Su efecto dominante no es en ningún caso significativo. Dado el pequeño número de conexiones existentes en el pedigree, no se pudieron extraer conclusiones definitivas sobre la partición de la varianza genética, aunque la segregación del alelo parece ser responsable de toda la variabilidad observada en el tamaño testicular

Se observaron diferencias notables para algunas variables en el ranking de los animales cuando se ordenaban por el valor obtenido aplicando un modelo que incluye o no el efecto del gen mayor.

Agradecimientos

Este trabajo se desarrolló en el marco del proyecto FEDER 1fd97-0042. Agradecemos a la Asociación de ganaderos ASEAVA su colaboración.

Bibliografía

- HOFER A, KENNEDY B.W., 1993. Genetic evaluation for a quantitative trait controlled by polygenes and a major locus with genotypes not or only partially known, *Genet. Sel. Evol.* 25, 537-555.
- PONG-WONG, R., WOOLLIAMS, J.A., 1996. Estimating major gene effects with partial information using Gibbs sampling, *TAG* 93:1090-1097.