

ANÁLISIS MULTIVARIANTE DE COEFICIENTES ESPECÍFICOS DE DEPRESIÓN ENDOGÁMICA ASOCIADOS A FUNDADORES

Varona, L., Moreno, C. y Altarriba, J.

Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Facultad de Veterinaria. 50013.

Zaragoza.lvarona@unizar.es

INTRODUCCIÓN

La consanguinidad se define como la probabilidad de identidad por descendencia en locus autosómico causada por el apareamiento de individuos emparentados (Wright, 1922, Malecot, 1948). La consanguinidad ha sido frecuentemente asociada a modificaciones en la media y en la varianza de los caracteres cuantitativos tanto en poblaciones naturales como experimentales (Charlesworth y Charlesworth, 1987, Keller y Waller, 2002).

Recientemente, algunos estudios han propuesto modelizar la depresión endogámica mediante coeficientes parciales asociados a los individuos fundadores (Lacy et al., 1996). Esta aproximación permite asociar efectos de la depresión endogámica específicos y sus asunciones han sido confirmadas en diversos caracteres de porcino (Rodríguez et al., 1998, Casellas et al., 2008), ovino (Casellas et al., 2008), vacuno de leche (Gulisija et al., 2006) y vacuno de carne (Carolino y Gama, 2008).

Cuando el número de fundadores es elevado, los efectos específicos de depresión endogámica pueden ser modelizados mediante distribuciones paramétricas (Casellas et al., 2008), que facilitan su expansión a un ámbito multivariante. El objetivo de este trabajo es definir un modelo multivariante de análisis de coeficientes específicos de depresión endogámica y presentar los resultados de su aplicación a seis caracteres productivos de la raza bovina Pirenaica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este trabajo se han utilizado datos de peso al nacimiento (PN), peso a los 120 días (P120) y peso a los 210 días (P210), proporcionados por CONASPI- Confederación Nacional de Asociaciones de Vacuno Pirenaico, y Peso de la canal fría (PC), Conformación (CONF), Cobertura Grasa (CG), procedentes del Sistema Nacional de Identificación y Movimiento de Ganado Bovino (SIMOGAN). Una descripción más amplia de los mismos puede encontrarse en Altarriba et al. (2009).

Los coeficientes de consanguinidades parciales y totales fueron calculados mediante el programa ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005). La consanguinidad total para el *iesimo*

individuo (F_i) se subdividió mediante $F_i = \sum_{j=1}^f F_{ij}$, donde F_{ij} es la probabilidad de identidad

por descendencia atribuida al *jesimo* fundador en el *iesimo* individuo. Además, f es el número de fundadores. Para el estudio se seleccionaron los 150 fundadores más representados en la población actual.

El modelo estadístico de análisis fue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \sum_{i=1,150} \mathbf{F}_i \mathbf{c}_i + \mathbf{F}_R \mathbf{c}_R + \mathbf{e}$$

Donde $\mathbf{y}$ es el vector de datos fenotípicos (PN, P120, P210, PC, CONF y CG), $\mathbf{b}$ es el vector de efectos sistemáticos (estación, año, sexo, rebaño y covariada con la edad), $\mathbf{u}$ es el vector de valores mejorantes y $\mathbf{e}$ es el vector de residuos. $\mathbf{F}_i$ es el coeficiente de consanguinidad parcia y $\mathbf{F}_R$ es el coeficiente de consanguinidad residual,

$$\mathbf{F}_R = \mathbf{F} - \sum_{i=1,150} \mathbf{F}_i$$

Además, $\mathbf{c}_i$ es el efectos de depresión consanguínea asociado al individuo i , y $\mathbf{c}_R$ es el efecto de depresión endogámica residual y $\mathbf{X}$ y $\mathbf{Z}$ son las matrices de indidencia que ligan los efectos sistemáticos, genéticos aditivos y rebaño con el vector de datos.

El modelo se analizó mediante un análisis bayesiano utilizando muestro de Gibbs. Se asumieron las siguientes distribuciones a-priori para los efectos rebaño, genéticos aditivos y de depresión endogámica:

$$\mathbf{u} \sim N(0, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}) \quad \mathbf{c} \sim N(\mathbf{m}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{D}) \quad \mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R})$$

Donde **G**, **D** y **R** son las matrices de varianzas y covarianzas entre efectos genéticos aditivos, rebaños, de depresiones endogámicas asociadas a los fundadores y residuales, respectivamente. Además **m** es el vector de las media de la depresión endogámica. Las distribuciones a-priori para **G**, **D**, **R**, **m** y **b** fueron uniformes. En al análisis se realizaron 225,000 iteraciones y se descartaron las 25,000 primeras.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias y desviaciones típicas posteriores para los componentes de varianza y las correlaciones genéticas aditivas y de depresión endogámica se presentan en las tablas 2 y 3, respectivamente. Los resultados obtenidos se localizan en el rango de valores habitual en la bibliografía, tanto en esta población (Altarriba et al., 2009), como en otras poblaciones (Rios-Utrera y Van Vleck, 2004).

Las correlaciones entre depresiones endogámicas fueron del mismo signo que las correlaciones genética aditivas, aunque en algunos casos las distribuciones de probabilidad posterior fueron claramente diferentes (PN y P210). Este resultado prueba los genes que regulan la correlación genética aditiva y la correlación entre depresiones consanguíneas no son los mismos, o, al menos, operan de manera diferente.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Altarriba, J., Yague, G., Moreno, C. & Varona, L. 2009. Exploring possibilities of the traceability data for genetic improvement in the Pirenaica Beef Cattle Breed. *Lives. Sci.* (Submitted).
- Carolino, N. & Gama, L. T. 2008. Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genet. Sel. Evol.* 40: 511-527.
- Casellas, J., Piedrafita, J., Caja, G. & Varona, L. 2009. Bayesian analysis of founder-specific inbreeding depression on birth weight in Ripollesa lambs. *J. Anim. Sci.* 87:72-79.
- Casellas, J., Varona, L., Ibañez-Escriche, N., Quintanilla, R. & Noguera, J. L. 2008. Skew distribution of founder-specific inbreeding depression effects on the longevity of Landrace sows. *Genetics Research* 90:499-508.
- Charlesworth, D. & Charlesworth, B. 1987. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. *Annual Review of Ecology and Systematics.* 18:237-268.
- Gulisija, D., Gianola, D., Weigel, K. A. & Toro, M. A. 2006. Between-founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Lives. Prod. Sci.* 104:244-253.
- Gutiérrez, J. P. & Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:172-176.
- Keller, L. F. & Waller, D. M. 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends in Ecology and Evolution.* 17:230-241.
- Lacy, R. C., Alaks, G. & Walsh, A. 1996. Hierarchical analysis of inbreed depression in *Peromyscus polionotus*. *Evolution* 50:2187-2000.
- Malécot, G. 1948. *Les Mathématiques de l'Heredité*. Paris:Masson.
- Rios-Utrera, A. & Van-Vleck, L. D. 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genet. Mol. Res.* 3:380-394.
- Rodríguez, J., Toro M. A., Rodríguez, M. C. & Silió, L. 1998. Effect of founder allele survival and inbreeding depression on litter size in closed line of Large White pigs. *Animal Science* 67:573-582.
- Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist* 56:330-338.

Tabla 1. Medias y desviaciones típicas posteriores para los componentes de varianza y la depresión endogámica media para PN, P120, P210, PC, CONF y CG

	PN	P120	P210	PC	CONF	CG
σ_a^2	7.19 (0.21)	338.87 (14.70)	686.07 (38.26)	445.88 (30.84)	0.044 (0.004)	0.028 (0.003)
$\sigma_d^{2\ 1}$	1.69 (0.64)	111.78 (44.64)	414.04 (200.03)	125.57 (52.43)	0.016 (0.010)	0.010 (0.007)
σ_e^2	14.05 (0.16)	629.60 (11.24)	1283.91 (30.44)	839.36 (23.43)	0.112 (0.003)	0.127 (0.003)
Media ¹	-0.31 (0.15)	-2.67 (1.27)	-4.91 (2.43)	-6.24 (1.53)	0.008 (0.018)	-0.028 (0.016)

¹ La media y la varianza de los efectos de depresión endogámica están referidos a $f=0.10$

Tabla 2. Medias y desviaciones típicas posteriores para las correlaciones genéticas aditivas (sobre la diagonal) y de depresión consanguínea (bajo la diagonal) para PN, P120, P210, PC, CONF y COL.

	PN	P120	P210	PC	CONF	CG
PN	-	0.30 (0.02)	0.26 (0.03)	0.51 (0.03)	0.11 (0.05)	-0.06 (0.06)
P120	0.46 (0.23)	-	0.80 (0.02)	0.43 (0.04)	-0.10 (0.05)	0.09 (0.06)
P210	0.64 (0.20)	0.74 (0.16)	-	0.54 (0.04)	-0.09 (0.06)	0.20 (0.06)
PC	0.32 (0.34)	0.18 (0.31)	0.22 (0.33)	-	0.40 (0.05)	-0.12 (0.07)
CONF	0.09 (0.35)	0.02 (0.35)	0.27 (0.35)	0.35 (0.31)	-	-0.24 (0.07)
CG	0.07 (0.42)	0.05 (0.39)	0.04 (0.40)	0.18 (0.39)	-0.35 (0.39)	-

CORRELATION BETWEEN FOUNDER SPECIFIC INBREEDING DEPRESSION EFFECTS IN BEEF CATTLE.

ABSTRACT: Inbreeding has been associated with reduction of fitness. Recently, some studies detect founder-specific variability in terms of inbreeding depression, which has been modeled with parametric distributions. This study expands the parametric modelization of founder specific inbreeding depression to a multivariate framework and applied the proposed procedure to six traits of the Pirenaica beef cattle breed.

Keywords: Inbreeding, Multivariate Analysis, Beef cattle.