

CORRELACIONES GENÉTICAS ADITIVAS Y DOMINANTES PARA TAMAÑO DE CAMADA ENTRE LAS ESTIRPES ENTREPelado Y RETINTO Y SU CRUCE

Srihi¹, H., Noguera², J.L., Topayan³, V., Martín-de-Hijas⁴, M., Ibañez-Escriche³, N., Casellas⁴, J., Vázquez-Gómez⁴, M., Martínez-Castillero¹, M., Rosas⁵, J.P. y Varona¹, L.

¹Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013. Zaragoza. ²Genètica i Milllora Animal, IRTA, 25198 Lleida. ³Universitat Politècnica de València. 46071. València. ⁴Universitat Autònoma de Barcelona. 08193. Barcelona. ⁵INGA FOOD S.A. 06200 Almendralejo; houssemsrihi@posta.unizar.es

INTRODUCCIÓN

La empresa INGA FOOD S.A. produce una cerda híbrida denominada CASTÚA mediante el cruce entre las estirpes Retinto y Entrepelado de cerdo ibérico (Noguera *et al.*, 2019). La selección para tamaño de camada se efectúa utilizando los datos fenotípicos generados en las poblaciones puras. El éxito de esta estrategia requiere que las correlaciones genéticas entre las poblaciones pura y cruzadas sean elevadas (Wientjes y Calus, 2017). Además, la posible existencia de variabilidad genética dominante puede permitir incrementar la precisión y diseñar una estrategia de apareamiento. Por este motivo, el objetivo de este trabajo es estimar las varianzas y las correlaciones genéticas aditivas y dominantes entre las poblaciones puras y la población cruzada para el tamaño de camada.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 2394 datos de la población Entrepelado, 2350 de la población Retinto y 2220 de la población cruzada, que correspondieron a 373, 362 y 582 cerdas, respectivamente. Se utilizó un modelo multivariante similar al presentado por Vitezica *et al.* (2016) que incluyó los efectos sistemáticos orden de parto, estirpe del macho y rebaño-año-estación, además de los efectos genéticos aditivos y dominantes y del residuo. La distribución de los efectos genéticos aditivos y dominantes se asumió normal multivariante con media 0 y con la matriz de covarianzas genómicas calculadas a partir de 57,585 marcadores SNP incluidos en el *chip GeneSeek® GGP Porcine70K HDchip*. Las matrices genómicas se calcularon siguiendo el procedimiento descrito por Vitezica *et al.* (2013) y el análisis se efectuó mediante el paquete informático airemlf90 (Miszta *et al.*, 2020).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del análisis permitieron detectar la heterogeneidad de varianzas aditivas y de dominancia entre las poblaciones puras y cruzadas que oscilaron entre 0.15 y 0.80 para la varianza aditiva y entre 0.13 y 0.27 para la varianza de dominancia. El cociente entre las varianzas de dominancia y aditivas fue de 0.54 en Entrepelado, 0.25 en Retinto y 0.92 en la población cruzada. Las correlaciones genéticas aditivas fueron positivas y oscilaron entre 0.75 y 0.91. Por el contrario, las correlaciones genéticas dominantes fueron cercanas a 0.

CONCLUSIÓN

Los resultados nos indican que existe una correlación alta y positiva entre los efectos genéticos aditivos de las poblaciones puras y cruzadas que permiten que la selección en las poblaciones puras tenga repercusiones positivas en el rendimiento de la población cruzada. Además, se ha puesto de manifiesto que un porcentaje relevante de la varianza genética tiene causas dominantes.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Noguera *et al.* 2019. *Animal* 12: 2765. • Vitezica *et al.* 2013. *Genetics* 195: 1223. • Vitezica *et al.* 2016. *Genet. Sel. Evol.* 48: 1. • Wientjes y Calus, 2017. *J. Anim. Sci.* 95: 3467

Agradecimientos: El trabajo fue financiado parcialmente por los proyectos IDI-20170304(CDTI) y CGL2016-80155-R (MINECO). H. Srihi está financiado por la beca IBERUS TALENT (H2020-G.A. 801586).