

## ANÁLISIS GENÓMICO DE LA DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA PARA TAMAÑO DE CAMADA EN DOS ESTIRPES DEL CERDO IBÉRICO

Hervás-Rivero<sup>1\*</sup>, C., Shiri<sup>1</sup>, H., López-Carbonell<sup>1</sup>, D., Casellas<sup>2</sup>, J., Ibáñez-Escriche<sup>3</sup>, N., Hernández<sup>3</sup>, P., Negro<sup>4</sup>, S. y Varona<sup>1</sup>, L.

<sup>1</sup>Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013. Zaragoza.  
<sup>2</sup>Universitat Politècnica de València. 46071. Valencia. <sup>3</sup>Universitat Autònoma de Barcelona. 08193. Barcelona. <sup>4</sup>INGA FOOD S.A. 06200 Almodóvar del Campo.  
\*chervasriv@gmail.com

### INTRODUCCIÓN

La consecuencia más importante de la consanguinidad en el fenotipo de las poblaciones ganadera es la depresión consanguínea (Leroy, 2014). Teóricamente, la depresión consanguínea es causada por dos mecanismos genéticos, el impacto de las mutaciones recesivas y la eliminación de las contribuciones de sobredominancia (Charlesworth y Willis, 2009). Se espera que la depresión endogámica tenga un efecto más importante en los caracteres relacionados con la *fitness*, como el tamaño de la camada de cerdos. El desarrollo de dispositivos de genotipado masivos ha abierto una nueva herramienta valiosa para desentrañar la arquitectura genómica de la depresión endogámica. Varios estudios (Pryce *et al.*, 2014; Saura *et al.*, 2015) han sugerido que el determinismo genético de la depresión consanguínea es heterogéneo a lo largo del genoma. En este sentido, Howard *et al.* (2017) han propuesto un procedimiento para asociar regiones genómicas con la depresión endogámica mediante el desarrollo de modelos mixtos que incluyen un efecto sistemático de acuerdo a la presencia o no de una determinada región del genoma dentro de un ROH (Segmento de homocigosidad).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos utilizados en este trabajo consistieron en 2.167 datos de tamaño de camada (nacidos vivos y nacidos totales) procedentes de 367 hembras de la estirpe Entrepelado y 2.101 datos de 345 hembras de las estirpes Retinto. Todas ellas se genotiparon con el Geneseek GGP PorcineHD 70 K. Después de un filtrado standard se utilizaron 35.190 marcadores SNP autosómicos. Los datos fueron analizados mediante el programa *Unfavorable Haplotype Finder* (Howard *et al.*, 2017) que implementó un modelo mixto para cada ROH, que incluyó los efectos orden de parto y rebaño-año-estación como hijos y los efectos genéticos aditivos y los efectos permanentes asociados a la cerda como aleatorios.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis identificó 6.172 y 6.572 ROH compartidos por al menos el 5 % de los individuos y con más de 20 marcadores SNP en las variedades Entrepelado y Retinto, respectivamente. La media de los efectos asociados a los ROH fue ligeramente negativa, ya que osciló entre -0,048 lechones para Nacidos Vivos en Retinto hasta -0,070 lechones para Nacidos Vivos en Entrepelado. El número de ROH que mostró un nivel de significación nominal ( $p < 0,05$ ) fue del 8 % para la reducción del fenotipo y del 4 % para su incremento. De entre estas regiones, aquellas que presentaron un FDR (False Discovery Rate) inferior a 0,50 se localizaron en los cromosomas SSC6, SSC8, SSC10, SSC12, SSC15 y contienen algunos genes potencialmente interesantes como *SSP1*, *USP16*, *COX10*, *INHA*, *EPHA4*, *MON1B* y *ADAMTS18*.

### CONCLUSIÓN

Los resultados del estudio confirmaron la presencia de depresión endogámica para tamaño de camada en las poblaciones Retinto y Entrepelado y permitieron detectar regiones del genoma asociadas con ella.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Charlesworth, D. y Willis J.H. 2009. *Nat. Rev. Genet.* 10: 783-796. • Howard, J.T., *et al.* 2017. *J. Dairy Sci.* 100: 6009-6024. • Leroy, G. 2014. *Anim. Genet.* 45: 618-628. • Pryce, J.E., *et al.* 2014. *Genet. Sel. Evol.* 46: 71 • Saura, M., *et al.* 2015. *Genet. Sel. Evol.* 47: 1.

**Agradecimientos:** El trabajo fue financiado parcialmente por los proyectos IDI-20170304(CDTI) y CGL2016-80155-R (MINECO) y PID2020-114705RB-I00 (MINECO). H. Srihi está financiación del programa de investigación e innovación H2020 de la Unión Europea en el marco de una subvención Marie Skłodowska-Curie (H2020-G.A. 801586).