

EFFECTOS MUTACIONALES QUE CONTRIBUYEN A LA VARIANZA GENÉTICA A LO LARGO DEL TIEMPO EN LOS PROGRAMAS DE MEJORA DE POLLOS BROILERS

Sosa-Madrid^{1,2,*}, B.S., Maniatis³, G., Ibáñez-Escriche², N. y Kranis¹, A.

¹The Roslin Institute and Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh, EH25 9RG, Midlothian, UK. ²Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València, 46022 València, España. ³Aviagen Ltd., Newbridge, Midlothian, EH28 8SZ, UK
*v1bsosa@exseed.ed.ac.uk

INTRODUCCIÓN

La teoría genética determina que la varianza genética disminuye con el tiempo bajo una selección intensa (Hill, 2016). Por ejemplo, en los programas de mejora de broilers se espera que la pérdida de variación genética disminuya las ganancias genéticas en la selección a largo plazo para el peso corporal. Sin embargo, un estudio de los componentes de la varianza mostró pequeñas fluctuaciones de la varianza genética con el tiempo (Sosa-Madrid *et al.*, 2022). El conocido experimento de pollos seleccionados divergentemente por peso corporal a las 8 semanas también mostró resultados en la misma línea (Sheng *et al.*, 2015). Las evaluaciones genéticas comúnmente dejan fuera de los modelos a los efectos no aditivos y de mutación; por lo tanto, la variación genética en las poblaciones actuales no incluye las contribuciones de esos efectos. La presencia de mutaciones a lo largo del genoma es un fenómeno biológico que ha sido muy poco explorado y analizado en la mejora de animales (Casellas *et al.*, 2010). Las mutaciones son fuentes de variación poligénica porque aportan al azar nuevos alelos a la composición genética de los caracteres (Wray, 1990). Por tanto, el objetivo de este trabajo fue explorar la contribución de la mutación en el mantenimiento de la variación genética en una población seleccionada de pollos broilers.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los análisis se realizaron con una población de líneas maternas de pollos. Los datos analizados correspondieron a 16 años de selección (1999-2014) con 1.140.541 registros de peso corporal a los 35 días y un pedigrí de 1.142.784 animales. En los análisis se utilizaron dos modelos Bayesianos, con o sin efectos mutacionales (Mut). Ambos modelos incluyeron un efecto fijo (un clúster de estación, sexo y otros efectos) y los efectos aleatorios genéticos aditivos (Add), ambientales permanentes maternos (MPE) y residuales (Res). La matriz de relaciones de Wray se calculó para modelar los efectos mutacionales (Wray, 1990). Las estimaciones de los componentes de la varianza también se calcularon a lo largo del tiempo (un período de 3 meses), utilizando inferencia Bayesiana (Sorensen *et al.*, 2001).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La media posterior para cada una de las varianzas, así como su mayor densidad posterior (HPD) al 95 % (entre corchetes) en el modelo que incluye mutaciones fueron 100,96 [95,91, 105,60] para Add, 0,71 [0,56, 0,85] para Mut, 10,28 [9,74, 10,78] para MP, y 147,54 [145,40, 150,00] para Res. En el modelo sin mutaciones, las medias de la varianza y HPD fueron 109,17 [105,00, 113,50] para Add, 10,47 [9,97, 10,99] para MPE, y 149,15 [147,10, 151,20] para Res. Las tendencias genéticas fueron similares en ambos modelos, así como la heredabilidad aditiva, 0,39 [0,37, 0,40]. La heredabilidad mutacional fue pequeña, 0,0027 [0,0021, 0,0033]. Sin embargo, su contribución en la varianza aditiva a lo largo de la selección fue de hasta un 18 %. Estos resultados concuerdan con estudios de estimaciones de varianza en broilers (Sosa-Madrid *et al.*, 2022) y ovinos (Casellas *et al.*, 2010).

CONCLUSIÓN

El modelo que incluye los efectos mutacionales explica mejor el mantenimiento de la variación genética del peso corporal en pollos broilers, aunque su contribución es pequeña al inicio de la selección. No obstante, sus efectos son esenciales para asegurar la variación genética en una selección a largo plazo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Casellas, J., Caja, G., & Piedrafita, J. 2010. *J. of Anim. Sci.* 88(4): 1248-1255 • Hill, W. G. 2016. *Gene.* 202(3): 877-881. • Sheng, Z., *et al.* 2015. *Geno. Biol.* 16(1): 1-12. • Sorensen, D., Fernando, R., & Gianola, D. 2001). *Gene. Res.* 77(1): 83-94. • Sosa-Madrid, B. S., Maniatis, G., Avendaño, S., & Kranis, A. 2022. 73th Annual Meeting of the EAAP, 597. • Wray, N. R. (1990). *Biometrics.* 46(1): 177.

Agradecimientos: The authors thank Aviagen Ltd. for providing the chicken database. Sosa-Madrid was supported by Next Generation EU funds via Margarita Salas grant 2021.