

IMPACTO DE LA DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA SOBRE CARACTERES DE PRODUCCIÓN LECHERA EN LA RAZA OVINA MANCHEGA

Rubio-Juan^{1*}, A., Ramón², M., Carabaño², M.J., Fernández³, M.R. y Díaz², C.

¹ IRIAF, Av. Del Vino s/n, 13300 Valdepeñas, Spain; ² INIA-CSIC, Ctra. de la Coruña,

Km 7,5, 28040 Madrid, Spain; ³ SaBio IREC, Albacete, Spain

*arjuan@jccm.es

INTRODUCCIÓN

En los programas de mejora genética, el uso recurrente de un número reducido de machos mejorantes favorece el incremento de la consanguinidad y, con ello, el riesgo de que aparezcan fenómenos de depresión consanguínea. El presente trabajo busca: 1) evaluar el nivel de consanguinidad (F) de la raza Manchega en función de varios estimadores basados en información genealógica y genómica; y 2) monitorear la existencia de posibles efectos de depresión consanguínea en caracteres productivos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 8,5 millones de registros del control lechero oficial de la raza Manchega y 967.000 datos de genealogía de la variedad blanca, con 9.253 animales genotipados (chip de 50K de Thermofisher). Primero, se estimó el coeficiente de consanguinidad a partir de la información genealógica (F_{PED}). Para ello se utilizó el software inbupgf90 (Misztal *et al.*, 2002). Posteriormente, se utilizó la información genómica a partir de 39.215 SNPs autosómicos. Se obtuvieron 5 estimas de consanguinidad, F_{HOM} , F_{ROH} y F_{LH} , que se centran en la proporción de genotipos, segmentos de homocigosis y desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg, y F_{VR2} , F_{YAN} , que se obtienen a partir la respectiva matriz de relaciones genómicas. Los softwares utilizados fueron Plink (F_{LH}) (Purcell *et al.*, 2007) y GCTA (F_{VR2} , F_{HOM} , F_{YAN}) (Yang *et al.*, 2011). Así mismo, las regiones de homocigosis (ROH) se detectaron utilizando el paquete de R detectRUNs (Biscarini *et al.*, 2019). Para estimar el efecto de la depresión consanguínea en la producción de leche se usó el modelo $y = Xb_1 + Fb_2 + a + pe + e$; donde Xb recoge los efectos fijos usados en la valoración genética de la raza (rebaño-día de control, parto-edad, número de corderos nacidos vivos y estado de lactación); F es el vector de coeficientes de consanguinidad; b_2 es el coeficiente de regresión del carácter sobre la consanguinidad, y a, pe y e son los efectos aleatorios aditivo, ambiente permanente y residual. Para los análisis se utilizó blupf90+ (Misztal *et al.*, 2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias de los estimadores de consanguinidad en esta población oscilaron entre un -0,006 para F_{VR2} y 0,057 para F_{ROH} . Las mayores correlaciones entre los estimadores de consanguinidad se observaron entre F_{ROH} y F_{LH} (0,96), F_{YAN} y F_{LH} (0,92), y F_{YAN} y F_{ROH} (0,90). Asimismo, la correlación entre F_{PED} con los estimadores moleculares varió entre 0,74 para F_{YAN} y 0,81 para F_{ROH} . Sin embargo, los estimadores F_{VR2} y F_{HOM} solamente correlacionaban con el resto entre un 0,22 (F_{VR2} - F_{LH}) y un 0,64 (F_{HOM} - F_{LH}), siendo la correlación entre F_{VR2} y F_{HOM} negativa. Los coeficientes de regresión entre los estimadores de consanguinidad y los caracteres productivos fueron todos negativos y significativamente distintos de cero. Las pérdidas de producción de leche diaria generadas ante un incremento de un 10% de consanguinidad oscilan entre 6,33 (F_{YAN}) y un 7% (F_{ROH}) sobre la media del carácter (1.330 g/día), dependiendo del estimador. Para los caracteres % de grasa y proteína estos tres estimadores se comportaron de una forma similar. El incremento de un 10% de la consanguinidad supuso una pérdida de un 5,4% con F_{PED} , 4,6% con F_{ROH} y 4,2% con F_{YAN} respecto a la media del % de grasa (7,29) y, de un 4,1, 3,2 y 2,9% respecto a la media del % de proteína (5,82).

CONCLUSIÓN

Se ha detectado depresión consanguínea en la población genotipada de Manchega. Un aumento de los niveles de consanguinidad podría resultar en pérdidas productivas no despreciables. La consanguinidad estimada a partir del pedigrí mostró una alta correlación con algunos de los estimadores genómicos considerados más fiables, como F_{ROH} , así como con F_{YAN} y F_{LH} .

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Biscarini F. *et al.* 2019. detectRUNS • Cesarani A. *et al.* 2022. 140(1): 28-38 • Chang, C.C. *et al.*, 2015. GigaScience 4(1): 7. • Doekes H.P. *et al.* 2021.12(6): 926 • Misztal, I. *et al.* 2002. BLUPF90 • Yang, J. *et al.* 2011. GCTA. 88(1): 76-82.

Agradecimientos: AGRAMA por los datos fenotípicos, genealógicos y genotípicos. Proyecto Regional SBPLY/17/180501/000369.