

ESTRUCTURA GENÓMICA DE LA DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA PARA PRODUCCIÓN DE LECHE EN LA RAZA BOVINA RENDENA

Hervás-Rivero^{1,2*}, C., Gomez Proto³, G., Mancin³, E., López-Carbonell¹, D., Sánchez-Díaz¹, M., Mantovani³, R. y Varona¹, L.

¹Departamento de Anatomía, Embriología y Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, C. Miguel Servet, 177, 50013 Zaragoza; ²Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), 28040 Madrid; ³DAFNAE, Universidad de Padua, Viale dell'Università, 16, 35020 Legnaro, Italia
*chervas@unizar.es

INTRODUCCIÓN

La consanguinidad puede influir negativamente en rasgos productivos importantes (Charlesworth y Willis, 2009), como la producción de leche. Tradicionalmente, esta depresión consanguínea se ha evaluado a partir de la información genealógica. Sin embargo, a partir de datos genómicos se pueden identificar segmentos de homocigosidad (ROH) que, en función de su tamaño, permiten cuantificar la antigüedad de la consanguinidad. La depresión consanguínea se atribuye a fenómenos de dominancia y sobredominancia (Charlesworth y Willis, 2009) en los genes causales de la variabilidad genética. Por lo tanto, su estructura genómica y los efectos asociados pueden ser heterogéneos a lo largo del genoma.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 27.272 registros de producción de leche en Kg procedentes de 1.804 vacas de raza italiana Rendena. Además, se dispuso del genotipado de 119.706 SNPs repartidos de manera homogénea a lo largo del genoma para todos los animales. El análisis estadístico utilizado fue un modelo lineal mixto que, además de los efectos sistemáticos y genéticos habituales, incluyó un efecto asociado a una norma de reacción con la consanguinidad (F_{ROH}). La distribución estadística de este efecto se asumió normal multivariante con una matriz de relaciones calculada a partir de la presencia o ausencia de ROHs en cada SNP. Para ello, se desarrolló un procedimiento equivalente al propuesto por Van Raden (2008) para la matriz genómica. Este proceso se realizó para cuatro tamaños distintos de ROH (>1 Mb, >2 Mb, >4 Mb y >8 Mb). Finalmente, en cada uno de los análisis se estimó el efecto de la depresión consanguínea asociado a cada segmento de 25 SNPs a partir del procedimiento propuesto por Wang *et al.* (2012). El análisis se realizó mediante muestreo de Gibbs y los modelos se compararon mediante el Deviance Information Criterion (DIC).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se identificaron un total de 126.711 ROHs, con una media de 70,24 ROHs por individuo. En promedio, la depresión endogámica mostró un efecto negativo en producción de leche, y osciló entre -1,479 ($\pm 3,318$) kg para ROHs >2 Mb y -1,971 ($\pm 4,857$) kg utilizando ROHs >8 Mb. El modelo que incluyó ROHs >8 Mb fue el que proporcionó un mayor grado de ajuste, confirmando que la depresión consanguínea se relaciona en mayor medida con la consanguinidad reciente. La distribución de los efectos de la depresión consanguínea a lo largo del genoma permitió identificar dos regiones asociadas con incremento (BTA5: 88490381-91471989 y BTA27: 41987362-44434136) y una con la disminución (BTA4: 80972380-82322976) de la producción de leche. Estas regiones incluyen potenciales genes candidatos como *PLE-KHA5*, *PIK3C2G*, *UBE2E2* y *CDK13*.

CONCLUSIÓN

El modelo lineal mixto propuesto permite descomponer y evaluar los efectos de la consanguinidad en diferentes escalas temporales. Además, se han podido localizar regiones del genoma con una mayor influencia en los efectos de la consanguinidad.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Charlesworth, D. y Willis, J.H. 2009. Nat. Rev. Genet. 10(11): 783-796
- VanRaden, P.M. 2008. *J. Dairy Sci.* 91(11): 4414-4423
- Wang, H., Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., Muir, W.M. 2012. *Genetics Research* 94(2): 73-83.

Agradecimientos: Los autores agradecen a la Associazione Nazionale Allevatori Bovivi di Razza Rendena (ANARE) por la cesión de los datos. C.H.R. fue financiado por la beca Erasmus+ a través de la Fundación Empresa Universidad de Zaragoza (FEUZ).