

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA LA SUSCEPTIBILIDAD A LENTIVIRUS EN OVEJAS ASSAF

Pelayo^{1*}, R., Fonseca^{1,2}, P.A.S., Vrcan¹, M., Suárez-Vega¹, A., Gutiérrez-Gil¹, B. y Arranz¹, J.J.

¹Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, 24071 León;

²Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-Univ. de León), Finca Marzanas, 24346 Grulleros, León

*rpelg@unileon.es

INTRODUCCIÓN

Las infecciones por lentivirus en pequeños rumiantes, como el de Maedi-Visna (MVV) en ganado ovino, representan un desafío para la salud animal, el comercio internacional y la productividad de las explotaciones. La respuesta del huésped desempeña un papel importante, ya que los animales del mismo rebaño pueden mostrar diferencias significativas en la susceptibilidad a la infección y la replicación viral (Crespo *et al.*, 2016). Diversos estudios han identificado variaciones en genes específicos que están asociados con diferencias en la susceptibilidad de los ovinos a estos virus, pero se ha observado una base poligénica a la susceptibilidad al MVV con estimas de heredabilidad diferentes en función de la población analizada (Pazzola *et al.*, 2020; Salaris *et al.*, 2024). El objetivo de este trabajo ha sido realizar una primera estimación de parámetros genéticos sobre resistencia/susceptibilidad de los animales al MVV en la raza ovina Assaf.

MATERIAL Y MÉTODOS

La Asociación Nacional de Criadores de Ganado Ovino de Raza Assaf (ASSAFE) proporcionó los datos utilizados en este trabajo en el que se incluyeron los resultados de las pruebas de las ganaderías participantes en el programa sanitario para la vigilancia y el control de las enfermedades producidas por lentivirus en pequeños rumiantes en la Comunidad de Castilla y León. Para la estimación de los parámetros genéticos, partimos de un total de 15,063 animales, de los cuales 8,302 fueron MVV positivos y 6,761 negativos para la prueba de detección mediante ELISA. La matriz de parentesco estuvo constituida por 241,039 animales. Se estimó la heredabilidad mediante un modelo umbral (Sorensen *et al.*, 1995) que incluyó tres efectos fijos (ganadería, edad y sexo), el efecto genético aditivo y el error. Las distribuciones "a priori" se definieron como en Sorensen *et al.* (1995), y el modelo se resolvió mediante muestreo de Gibbs utilizando el software TM (<http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra>).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La estima obtenida para la heredabilidad del carácter "positividad al MVV" fue $0,16 \pm 0,02$. Esta estima ha sido superior a la publicada en la raza sarda ($h^2 = 0,07$) por Pazzola *et al.* (2020) e inferior a las detalladas por Salaris *et al.* (2024) para un rebaño experimental de la misma raza ($h^2 = 0,34$). Asimismo, teniendo en cuenta que el MVV presenta una alta tasa de mutación que puede influir en la sensibilidad de las pruebas ELISA y generar falsos negativos (Kalogianni *et al.*, 2021), se han realizado 100 simulaciones (con el mismo modelo genético), sustituyendo aleatoriamente el 60 % de los MVV negativos, por positivos, con el fin de detectar el límite inferior de la heredabilidad en la población analizada. En este caso, la heredabilidad promedio estimada a partir de las 100 simulaciones ha sido de $0,04 \pm 0,01$. Por lo tanto, nuestros resultados refuerzan la hipótesis de que existe una base genética heredable para el fenotipo "positividad al MVV" en la raza ovina Assaf.

CONCLUSIÓN

Los resultados del presente estudio preliminar muestran que la susceptibilidad a la infección del MVV en la raza ovina Assaf presenta unos valores de heredabilidad que permitirían implementar programas de selección genética como una estrategia complementaria a las medidas de control basadas en el manejo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Crespo *et al.* 2016. Vet. Microbiol. 192: 152-162.
- Kalogianni *et al.* 2021 doi: 10.3390/v13091711
- Pazzola, M. *et al.* 2020. J. Dairy Sci. 103: 9213-9223
- Salaris *et al.* 2024 EAAP Poster 85.
- Sorensen, D.A. *et al.* 1995. Genet. Sel. Evol. 27: 229-249.

Agradecimientos: Este trabajo se ha desarrollado dentro del proyecto PID2022-136444OB-C32 financiado por Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Los autores agradecen la colaboración de ASSAFE.