

DEPRESIÓN ENDOGÁMICA POTENCIAL PARA TAMAÑO DE CAMADA EN CERDOS IBÉRICOS DE LA ESTIRPE TORBISCAL

García-Cortés¹, L.A., Rodríguez, C., Gómez Raya, L., Rauw, W. y Silió, L.

¹Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, 28040 Madrid

garcia@inia.es

INTRODUCCIÓN

Le estirpe de cerdo ibérico Torbiscal ha sido preservada durante 28 equivalentes generacionales en la finca El Dehesón del Encinar (Oropesa, Toledo). Manteniendo igualadas las contribuciones de los reproductores se ha tratado de minimizar el parentesco medio entre individuos, mientras que la planificación de apareamientos de mínimo parentesco ha tratado de paliar la consanguinidad en la medida de lo posible. Una revisión exhaustiva de los procedimientos empleados sobre esta pira y sus consecuencias puede encontrarse en estas mismas jornadas (Toro y Rodríguez, 2017).

El análisis de la depresión consanguínea por fundadores ya ha sido realizada por Rodríguez et al. (1998) en una línea consanguínea de cerdos Large White, mientras que Casellas (2016) realizó un análisis de la depresión consanguínea según su origen en fundadores y no fundadores en una población de conejos.

En este trabajo utilizaremos el procedimiento desarrollado por Casellas (2016) para analizar la depresión consanguínea de la estirpe Torbiscal con el objeto de determinar si este tipo de análisis es adecuado para su uso en líneas consanguíneas sometidas a un plan de conservación genética.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se dispone de 6855 registros de tamaño de camada de 1990 cerdas Ibéricas Torbiscal y una genealogía completa que consta de 4882 individuos repartidos en 28 equivalentes generacionales, que en lo sucesivo denominaremos cohortes. El promedio de lechones nacidos por camada fue de 8,3.

El tamaño de camada se considera un carácter de la madre y se analiza con un modelo lineal estándar (Modelo 1) que incluye dos efectos fijos, el número de orden del parto (o) y la estación de parto (e) y dos efectos aleatorios, el efecto genético aditivo (a) y el efecto permanente (p).

$$\text{Modelo 1: } y = o + e + a + p + e$$

Este análisis se completa con un segundo modelo (Modelo 2) que añade a los anteriores el efecto de la depresión endogámica (d) tal como describe Casellas (2016).

$$\text{Modelo 2: } y = o + e + a + p + d + e$$

El efecto de la depresión endogámica relaciona el potencial de depresión endogámica de cada individuo de la población con los fenotipos de sus descendientes por doble vía y se relaciona con la carga de genes deletéreos que porta dicho individuo.

Estos dos modelos se analizan del modo habitual usando inferencia bayesiana y cabe destacar que el nuevo efecto descrito por Casellas (2016) incluye una matriz de incidencias que dicho autor denomina Z_3 y que incluye los coeficientes parciales de consanguinidad tal como describen Caballero y Toro (2000) y García-Cortés et al. (2010).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1 se presenta la contribución de los individuos de cada cohorte en el parentesco medio de las cohortes sucesivas. En esta figura puede apreciarse, por un lado, que la contribución de la primera cohorte es mayor debido a que acumula las contribuciones de sus ancestros desconocidos. También puede apreciarse el cuello de botella sufrido, por problemas sanitarios, por la población de la cohorte 22, aunque dicha situación se corrige en las cohortes sucesivas.

En la Tabla 1 se presentan las medias posteriores de los componentes de varianza para ambos modelos. En esta tabla puede observarse que en ambos modelos el carácter tamaño de camada presenta una varianza aditiva muy baja. También cabe destacar que el componente de varianza del potencial de depresión endogámica es prácticamente nulo.

A pesar de que la única diferencia entre ambos modelos es el efecto del potencial de depresión endogámica, que es prácticamente nulo, la varianza aditiva se ve significativamente reducida en este segundo modelo. Como muestra la Figura 2, las distribuciones posteriores de la varianza aditiva para ambos modelos también dejan ver esta disminución. Cabe destacar que las covarianzas a priori de ambos efectos, el genético aditivo y el del potencial de depresión, coinciden. Este puede ser el motivo de que la varianza posterior de los efectos genéticos aditivos se vea afectada.

Los efectos de la depresión consanguínea potencial estiman teóricamente la carga de alelos deletéreos de cada individuo, tanto si están en homocigosis o no. En esta población, el valor tan pequeño de estos efectos puede ser debido, por un lado, a que la población ha sufrido un proceso de purga genética debido a su pequeño tamaño efectivo. Por otra parte, igualar las contribuciones provoca una homogeneidad tal que el modelo es incapaz de discriminar eficientemente unos efectos de otros.

Tabla 1. Esperanzas marginales posteriores de los componentes de varianza de ambos modelos

	Modelo 1	Modelo 2
Varianza genética aditiva	0,12	0,10
Varianza ambiental permanente	0,58	0,62
Varianza del potencial de depresión consanguínea	-	0,006
Varianza residual	4,26	4,21

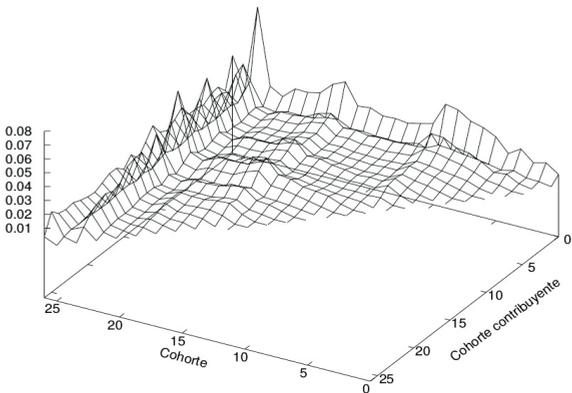


Figura 1. Contribuciones de cada cohorte al parentesco medio de las cohortes sucesivas en la estirpe Torbisal.

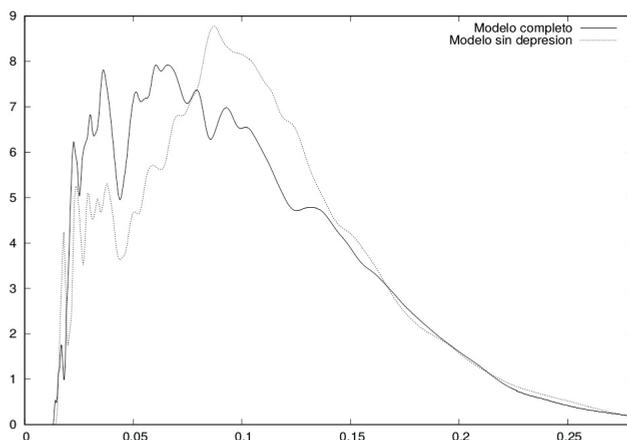


Figura 2. Distribuciones marginales posteriores para la varianza genética aditiva en ambos modelos

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Caballero, A. & Toro, M. 2000. Genet. Res. 75:331-343.
- Casellas, J. 2016. Reunión de Mejora Genética, Valencia.
- García-Cortés, L.A. et al. 2010. Conserv. Genet. 11:1945-1952.
- Rodríguez, J. et al. 1998. Animal Science 67:573-582.
- Toro, M. & Rodríguez, J. 2017. Jornadas AIDA, Zaragoza, Junio 2017.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el proyecto AGL2016-75942-R.

POTENTIAL OF INBREEDING DEPRESSION FOR LITTER SIZE IN TORBISCAL IBERIAN PIGS

ABSTRACT: Litter size of the Torbiscal strain was analyzed with two models, one of them including the potential of inbreeding depression. The predicted inbreeding depression for each individual was decomposed in terms of the founder and non-founder contributions. Given the conservation management implemented in this population, the contributions of ancestors were not significantly different from zero (0.006). The additive variance was 0.12 and 0.10 for the models including or not the potential of inbreeding depression respectively. Our results suggest that the potential of inbreeding depression cannot be predicted in closed populations where optimal genetic contributions have been implemented.

Keywords: Genetic contributions, litter size, Iberian pigs, inbreeding depression