

# CONSECUENCIAS GENÉTICAS DE LOS PLANES DE ERRADICACIÓN DE LA E.E.T. EN EL ESQUEMA DE SELECCIÓN DE LA RAZA OVINA MANCHEGA

Smulders, J.P.<sup>1</sup>; Serrano, M.<sup>1</sup>; Pérez Guzmán, M.D.<sup>2</sup>; Jimenez, M.A.<sup>1</sup>; Jurado, J.J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Carretera La Coruña, km. 7,5. 28040 Madrid.

<sup>2</sup> Centro Regional de Selección y Reproducción Animal (CERSYRA). Avda. del Vino, 6. 13300 Valdepeñas.

## INTRODUCCIÓN

El *scrapie* es una enfermedad ovina causada por priones que pertenece al grupo de las Encefalopatías Espongiformes Transmisibles (EETs), de la misma forma que la Encefalopatía Espongiforme Bovina (EEB), cuya transmisión a los humanos es plenamente conocida. Esto ha conducido a considerar todas las EETs como enfermedades animales de riesgo para la salud humana (Lasmézas, 2003; Detwiler y Baylis, 2003).

Se ha demostrado la existencia de distintos grados de resistencia genética al *scrapie*, asociados en principio a las combinaciones de 5 alelos definidos por polimorfismos del gen PrnP, conocidos como: ARR, ARH, ARQ, AHQ y VRQ (Elsen et al., 1999), producto de lo cual y dado la tendencia observada en la Comunidad Europea, probablemente se establezca un programa nacional de selección genética para la resistencia a EETs en ovinos, implicando dentro de él, a todos los esquemas de selección de ovinos existentes en España.

Los esquemas de selección de ovinos lecheros españoles, entre ellos el de la raza ovina Manchega (ESROM), han manifestado su preocupación sobre los impactos asociados a la probable obligatoriedad de incluir criterios drásticos de selección por resistencia a *scrapie* y ante ese escenario esperado, han presentado propuestas alternativas (INIA-AGRAMA, 2003).

El objetivo de este trabajo es evaluar y comparar mediante un modelo de simulación la respuesta de algunas variables genéticas de interés ante distintos escenarios. Concretamente se plantean la aplicación y proyección del esquema actual de selección sin incluir criterios de resistencia a *scrapie* (ESA) e incluyendo dichos criterios según la propuesta del ESROM con dos niveles de uso de recursos (MA1 y MA2). Asimismo, se incluye una propuesta más drástica e intensa elaborada en instancias administrativas (ADM).

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se programó un modelo estocástico de simulación genética basado en el ESROM, utilizando los parámetros genéticos descritos por Serrano et al. (1996). En dicho esquema el objetivo de selección es la lactancia estandarizada a 120 días.

El modelo genético incluye la generación de los valores genéticos verdaderos (VGA<sub>v</sub>) de la población base muestreando de una distribución  $N(0, \sigma_a^2)$ . Los VGA<sub>v</sub> de las nuevas generaciones serán obtenidos mediante (1), donde  $u_i$  corresponde al VGA<sub>v</sub> de la cría,  $u_s$  al VGA<sub>v</sub> del padre,  $u_d$  al VGA<sub>v</sub> de la madre,  $x_y$  es un valor aleatorio con distribución normal estándar,  $F_s$  y  $F_d$  son los coeficientes de consanguinidad verdaderos del padre y la madre y  $\sigma_a$  es la desviación estándar genética aditiva de la población.

$$u_i = \frac{1}{2} u_s + \frac{1}{2} u_d + x_y \sigma_a \left[ 1 - \frac{1}{4}(1 + F_s) - \frac{1}{4}(1 + F_d) \right]^{\frac{1}{2}} \quad (1)$$

El modelo fenotípico (2), incluye a  $\mu$  (media de la población),  $u_i$  y  $p_i$  (VGA<sub>v</sub> y desvío ambiental permanente respectivamente),  $RAE_j$  (interacción triple entre rebaño, año y estación),  $NPE_k$  (número de parto y edad en meses de la oveja),  $TC_l$  (tamaño de camada al parto),  $DPPC_m$  (intervalo en días entre el parto y el primer control lechero de la lactancia) y  $e_{ijklm}$  (desvío residual).

$$Y_{ijklm} = \mu + u_i + p_i + RAE_j + NPE_k + TC_l + DPPC_m + e_{ijklm} \quad (2)$$

La selección se basó en evaluaciones genéticas periódicas BLUP, mediante un modelo animal, a lo que se adicionó los criterios de selección por resistencia a *scrapie*, sujeto a las condiciones definidas en las pruebas MA1, MA2 y ADM.

Cada prueba implicó 30 años de simulación, comenzando a partir del año 1993, aplicándose las pautas del ESROM desde 1997 en adelante. La selección por resistencia a *scrapie* se aplicó desde el año 2005, dividiéndose en 3 periodos de cuatro años para MA1 y MA2, y en 2 periodos (3 y 9 años) para ADM. En el caso MA1 y MA2, en el periodo 1 se promovió la eliminación del alelo VRQ y los cruzamientos con al menos un padre portador del alelo ARR, el periodo dos se caracterizó por el uso de machos heterocigotos y homocigotos ARR y el periodo 3, con la utilización exclusiva de machos homocigotos ARR. En el caso de ADM, el periodo 1 implicó la eliminación del alelo VRQ y el uso de machos heterocigotos y homocigotos ARR y el periodo 2, el uso exclusivo de machos homocigotos ARR.

Fue necesario establecer dos niveles de disponibilidad de recursos y facilidades (Nº de machos genotipados, extensión de vida útil, entre otros), asociados con el nivel mínimo requerido para hacer operativa la propuesta del ESROM, utilizada en MA1, y mínimo necesario para hacer funcionar la propuesta de las instancias administrativas, utilizada en ADM y MA2, para efectos de realizar comparaciones en condiciones uniformes. La operatividad antes mencionada, esta vinculada a la necesidad de mantener el sistema de testaje anual de machos nuevos y disponer constantemente de existencias de machos mejorantes en el Centro de Inseminación Artificial (CIA), lo cual, se vio directamente influenciado por el momento en que se dio prioridad a la selección y utilización de los machos homocigotos ARR/ARR en las pruebas realizadas.

Cada prueba implicó 20 repeticiones y el tamaño de población utilizado fue de 30 rebaños con 300 hembras en edad reproductiva cada uno.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1 pueden observarse las medias genéticas verdaderas de las hembras reemplazo (HEM) y machos de inseminación artificial (MIA) seleccionados cada temporada.

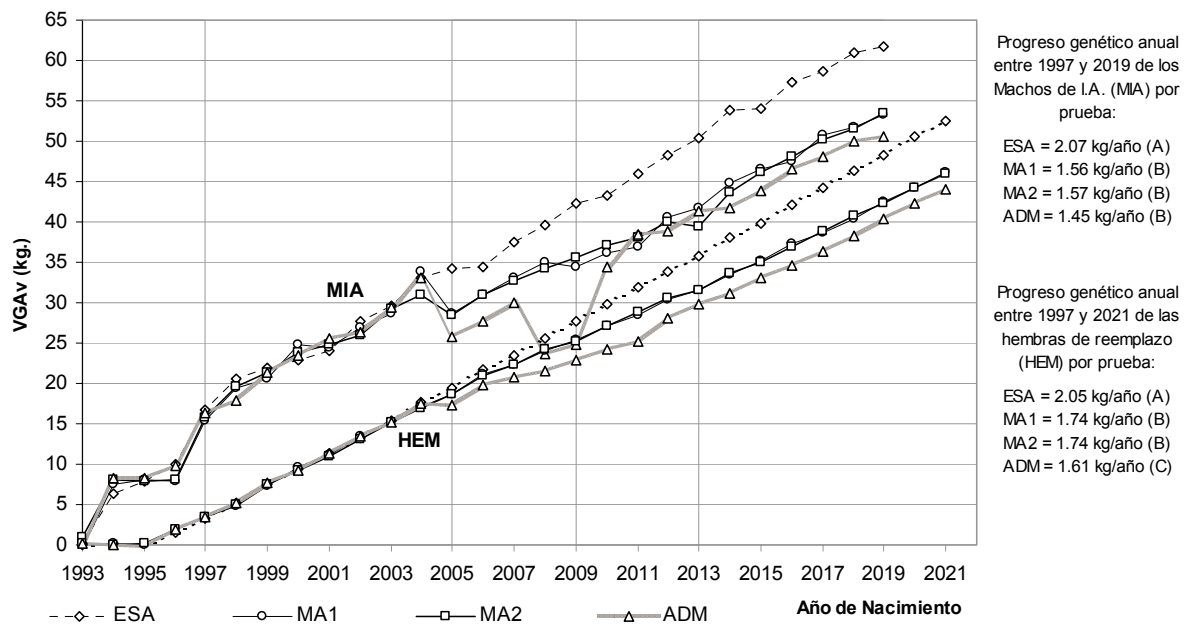


Figura 1: Valores Genéticos Aditivos verdaderos promedios de hembras de reemplazo (HEM) y machos de I.A. (MIA) por año de nacimiento y prueba. Progresos genéticos medios anuales para HEM y MIA por prueba (diferencias significativas entre paréntesis).

Al comparar la evolución de las medias genéticas y los progresos genéticos anuales se hace evidente el efecto negativo de la inclusión de los criterios de resistencia a *scrapie* (MA1, MA2 y ADM) comparado con la no inclusión (ESA). Por otra parte, las dos pruebas asociadas a la propuesta del ESROM tienen el mismo efecto sobre el progreso genético y las medias genéticas verdaderas, sin embargo, al comparar los progresos genético anuales de las hembras de las dos pruebas anteriores con la prueba ADM, se observan diferencias estadísticamente significativas.

En la Figura 2 se presenta la evolución de las frecuencias del alelo ARR en la población para cada una de las pruebas descritas, comprobándose que la prueba ADM tuvo un mayor aumento en las frecuencias. No obstante lo anterior, las diferencias con respecto a las pruebas asociadas con la propuesta del ESROM (MA1 y MA2), son especialmente importantes en los machos de I.A. entre los años 2005 y 2007 (3 primeros años), no ocurriendo lo mismo en las hembras. Además, todas estas diferencias tienden a disminuir a partir del año 2009 en adelante.

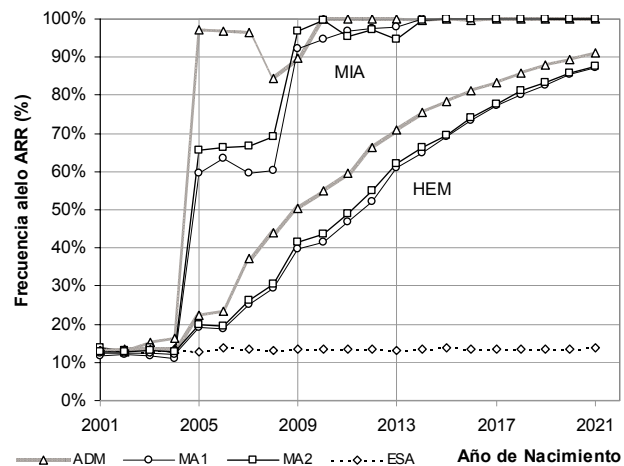


Figura 2: Frecuencia del alelo ARR para machos de I.A. (MIA) y hembras de reemplazo (HEM) por año de nacimiento y prueba.

En cuanto a la consanguinidad, no se observaron diferencias importantes entre las pruebas, debido probablemente a la utilización de una rutina de verificación de parentescos cercanos en los cruzamientos de I.A.

Como conclusión se puede afirmar que existió un efecto negativo sobre las medias genéticas y el progreso genético anual de los esquemas de selección producto de la incorporación de los criterios de resistencia a *scrapie*.

La prueba ADM implicó un nivel mayor de uso de recursos para que el esquema de selección pudiera mantener un nivel mínimo de operatividad y se asoció a su vez, con las pérdidas más importantes en VGAv medios y progreso genético anual, especialmente en las hembras, no observándose a medio y largo plazo, beneficios importantes en términos del aumento más acelerado de las frecuencias genéticas del alelo ARR con respecto a la propuesta del ESROM.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Detwiler, L.A. y M. Baylis. 2003. Rev. sci. tech. Off. Int. Epiz., 22(1): 121-143.
- Elsen J.M., Y. Amigues, F. Schelcher, V. Ducrocq, O. Andreoletti, F. Eychenne, J.V. tien Khang, J.P. Poivey, F. Lantier y J.L. Laplanche. 1999. Arch. Virol, 144: 431-445.
- Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria-Asociación Nacional de Criadores de Ganado Ovino Selecto de Raza Manchega (INIA-AGRANA). 2003.
- Lasmézas, C.I. 2003. Rev. sci. tech. Off. Int. Epiz., 22(1): 23-36.
- Serrano, M.; Pérez-Guzmán, M.D.; Montoro, V. y Jurado, J. J. 1996. Small Ruminant Research. 23-1: 51-57.