

SELECCIÓN GENÓMICA PARA LA INTRODUCCIÓN DE ALELOS FORÁNEOS. UN ESTUDIO DE SIMULACIÓN.

Luis Varona
Genètica i Millora Animal. IRTA. 25198. Lleida.
Luis.varona@irta.es

INTRODUCCIÓN

Los objetivos de los esquemas de selección son dependientes del entorno socioeconómico y, por tanto, dinámicos. Las modificaciones en la demanda de los productos de origen animal exigen la incorporación de nuevos caracteres en estos objetivos de selección. En ocasiones, se dispone de poblaciones con un nivel fenotípico muy elevado para algún carácter de especial interés. Un claro ejemplo es el patrimonio genético del cerdo ibérico para caracteres relacionados con calidad de carne. Existen diversas estrategias de incorporación de estos caracteres de particular interés en un programa de selección y mejora de una determinada población.

La introgresión mediante un cruce absorbente es la estrategia clásica de introducción de alelos foráneos en una población receptora, que puede generalizarse en la introgresión asistida por marcadores cuando no se conoce exactamente la mutación causal (Hospital *et al.*, 1992; Hospital, 2001).

Por otra parte, en los últimos años se han desarrollado técnicas de predicción del mérito genético que utilizan toda la información molecular disponible (Meuwissen *et al.*, 2001; Gianola *et al.*, 2003; Gianola *et al.*, 2006) denominadas todas ellas como selección genómica. Además, Piyasatian *et al.* (2006) prueban que en poblaciones con fuerte desequilibrio de ligamiento, tales como un cruce absorbente, los mecanismos de selección genómica son muy eficaces, incluso con un número relativamente bajo de marcadores moleculares.

Los objetivos de este trabajo son: 1) Comparar la eficiencia de un proceso de introgresión asistida por marcadores con un proceso de cruce absorbente asistido por selección genómica. 2) Comparar la eficiencia de estos procesos con la selección convencional en la población receptora.

MATERIAL Y MÉTODOS

Selección Genómica vs. Introgresión Asistida por Marcadores

Se simularon datos de dos poblaciones (A y B), cuyas características son descritas en la siguiente Tabla 1.

Tabla 1. Parámetros utilizados en la simulación de las poblaciones (A y B).

Población	Carácter 1		Carácter 2	
	Media	Desv. Típ.	Media	Desv. Típ.
A	110	10	90	10
B	90	10	110	10

La diferencia genética entre las poblaciones A y B para el carácter 1, se simuló siempre de manera poligénica, es decir, controlada por un número grande de genes. Por el contrario, la diferencia para el carácter 2, se simuló bajo cuatro hipótesis distintas:

1. Un único gen fijado en las poblaciones A y B con alelos alternativos.
2. Cuatro genes, de igual magnitud, que están fijados en las poblaciones A y B con alelos alternativos.
3. Un gen mayor que determina el 25% de la diferencia entre las líneas y 100 poligenes que explican el 75% de la diferencia, y se encuentran distribuidos

al azar en un genoma de 1000 cM. Todos los genes se encuentran fijados con alelos alternativos en las poblaciones A y B.

4. Un total de 100 poligenes, fijados en las dos poblaciones con alelos alternativos.

Los procesos de introgresión y selección genómica se simularon con un tamaño de la población receptora de 50 hembras, que, cruzadas con 5 machos, generaron 400 individuos, 200 machos y 200 hembras. En cada generación se seleccionaron 5 machos como progenitores de la generación siguiente. Se simularon en todos los individuos 400 marcadores completamente informativos, distribuidos al azar. En los procesos de selección genómica se utilizaron los datos fenotípicos de todos los individuos, en la introgresión asistida se aseguró que los descendientes portaran el alelo deseado. El proceso se repitió hasta la quinta generación (93.75% A - 6.75% B). En cada caso simulado se realizaron 50 réplicas.

Selección Genómica vs. Selección Convencional

Simultáneamente, se simuló un proceso de selección individual en la población receptora, con un tamaño efectivo de 50. Se adoptaron tres estrategias diferentes: SC1 (selección para el carácter 1), SC2 (selección ponderada con pesos 1:1 para los caracteres) y SC3 (selección para el carácter 2). Además, se resimuló el proceso de selección genómica con el tercer caso de simulación (1 gen mayor y poligenes) seleccionando el carácter 1 en la población receptora (SGA).

Se plantearon 4 escenarios de simulación dependiendo de las heredabilidades (0.15 o 0.45) de los caracteres 1 y 2 en la población receptora. En todos los casos, los caracteres se asumieron como no correlacionados. Se realizaron 100 réplicas para cada estrategia de selección en cada caso de simulación.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados de la comparación entre la introgresión asistida por marcadores y la selección genómica se presentan en la Tabla 2.

Tabla 2. Media fenotípica de los resultados de la simulación del cruce absorbente con introgresión asistida por marcadores y selección genómica.

CASO	INTROGRESIÓN		SELECCIÓN GENÓMICA	
	CARÁCTER 1	CARÁCTER 2	CARÁCTER 1	CARÁCTER 2
1	108.72 (0.40)	110 (0.00)	108.56 (0.31)	110 (0.00)
2	108.79 (0.34)	110 (0.00)	109.01 (0.28)	110 (0.00)
3	108.61 (0.28)	96.22 (0.25)	108.54 (0.40)	99.51 (0.25)
4	108.80 (0.33)	91.41 (0.36)	108.44 (0.38)	96.11 (0.45)

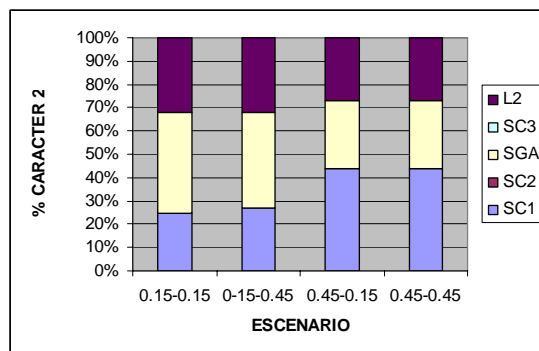
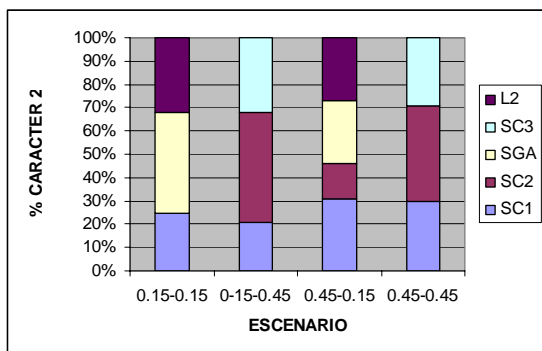
Como puede observarse los resultados del proceso de selección genómica superan a los del proceso de introgresión asistida por marcadores en los casos 3 y 4 de simulación, mientras que son equivalentes en los casos 1 y 2.

Los resultados de la comparación entre selección genómica en un cruce absorbente y las estrategias convencionales de selección en la población receptora se resumen en la Figura 1.

Figura 1. Estrategia más ventajosa en función del escenario de simulación y del peso económico del carácter 2.

a) Selección posible sobre el carácter 2

b) Selección no posible sobre el carácter 2



SC1: Selección individual para el carácter 1; SC2: Selección individual ponderada para los caracteres 1 y 2; SC3: Selección individual para el carácter 2; SGA: Selección genómica asistida por selección convencional en la línea receptora; L2: Línea donadora; 0.15-0.15: heredabilidades de 0.15 para los 2 caracteres; 0.15-0.45: heredabilidad de 0.15 para el carácter 1 y 0.45 para el carácter 2; 0.45-0.15: heredabilidad de 0.45 para el carácter 1 y 0.15 para el carácter 2; 0.45-0.45: heredabilidades de 0.45 para los dos caracteres.

Si el carácter 2 es susceptible de introducirse en los criterios de selección de la población receptora, la selección genómica asistida por selección convencional fue superior en los escenarios de heredabilidad baja del carácter 2 (0.15), y cuando el peso económico del carácter 2 osciló entre el 25 y el 68 % con heredabilidad baja para el carácter 1 (0.15) y entre el 48 y el 71% con heredabilidad alta (0.45).

Si el carácter 2 no puede incluirse en los criterios de selección de la población receptora, la selección genómica asistida por selección convencional es interesante en todos los escenarios de simulación, sobre todo cuando la heredabilidad del carácter 1 es baja.

Los resultados de este trabajo deben extenderse a un mayor número de situaciones, en cuanto a la magnitud de la diferencia entre líneas, la determinación genética de la diferencia entre líneas (dominancia, epistasia, interacción genotipo-ambiente genético), la relación entre los caracteres en la población receptora, y posibles distintos escenarios de dimensión y diseño del cruce absorbente.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco sus útiles comentarios a R. Quintanilla, J. Casellas, R. Pena, A. Canovas, M. Martínez, N. Ibáñez y J. L. Noguera.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gianola, D., Perez-Enciso, M., Toro, M. A. 2003. On marker-assisted prediction of genetic value: beyond the ridge. *Genetics* **163**:347-365.
- Gianola, D., Fernando, R.L., Stella, A. 2006. Genomic-assisted prediction of genetic value with semiparametric procedures. *Genetics* **173**:1761-1776.
- Hospital, F., Chevalet, C., Mulsant, P. 1992. Using markers in gene introgression breeding programs. *Genetics* **132**:1199-1210.
- Hospital, F. 2001. Size of donor chromosome segments around introgressed loci and reduction of linkage drag in marker-assisted backcross programs. *Genetics* **158**:1363-1379.
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J, Goddard, M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**:1819-1829.
- Piyasatian, N., Fernando, R. L., Dekkers, J. C. M. 2006. Genomic selection for composite line development using low density marker maps. En: Proc 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.