

VARIANZA GENÉTICA ADITIVA CON ORIGEN PATERNO PARA PESO AL NACIMIENTO EN LA RAZA *BRUNA DELS PIRINEUS*

Fina, M¹., Varona, L²., Piedrafita, J¹. y Casellas, J¹.

¹Grup de Recerca en Remugants, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona).

²Departamento de Anatomía, Embriología y Genética Animal, Universidad de Zaragoza, 50013 Zaragoza.

marta.fina@uab.cat

INTRODUCCIÓN

Los procedimientos de evaluación genética en bovinos de carne se centran casi únicamente en el efecto genético directo (Henderson, 1973), acompañado a veces por efectos genéticos maternos (Quintanilla et al., 1999). Aunque se acostumbren a ignorar sistemáticamente, resulta plausible imaginar efectos genéticos heredados vía paterna como los vinculados al cromosoma Y o al fenómeno de *imprinting* paterno. No obstante, desconocemos en gran medida su posible impacto sobre variables productivas como el peso al nacimiento. La posible influencia del cromosoma Y sobre caracteres productivos en bovino fue descartada en la raza Simmental, mientras que se reportó *imprinting* paterno en terneros Gelviah y Simmental (Reinsch et al., 1999; Engellandt y Tier, 2002; Neugebauer et al., 2010). Dada la escasez de resultados acerca de la contribución de efectos genéticos paternos en bovino de carne, resulta de especial importancia desarrollar modelos estadísticos para capturar este tipo de efectos, así como determinar su relevancia sobre caracteres de interés productivo en el ganado bovino. El objetivo de este trabajo fue estudiar las distintas fuentes de varianza genética paterna sobre el carácter peso al nacimiento en la raza *Bruna dels Pirineus*.

MATERIAL Y MÉTODOS

Este estudio ha sido realizado sobre los datos procedentes del Programa de Control de Rendimientos y Mejora Genética de la *Bruna dels Pirineus*. Los análisis se realizaron sobre 8.130 datos de peso al nacimiento (PN) registrados durante el periodo 1989-2010 y pertenecientes a 12 explotaciones conectadas genealógicamente. El pedigrí consistió en 10.266 animales, incluyendo 2.671 madres y 230 padres de animales con información fenotípica. Se asumieron un total de 28 grupos genéticos (Casellas et al., 2007). Para el análisis de los efectos genéticos heredados vía paterna se estudiaron los vinculados al cromosoma Y y al *imprinting* paterno. Como punto de partida, el PN se analizó bajo el modelo (YI):

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{i} + \mathbf{W}_1\mathbf{d} + \mathbf{W}_2\mathbf{h} + \mathbf{W}_3\mathbf{s} + \mathbf{e}$$

donde \mathbf{b} era el vector de efectos sistemáticos con edad de la madre (6 niveles), tipo de parto (simple o doble) y sexo del ternero (macho o hembra), \mathbf{a} e \mathbf{i} eran los vectores de efectos genéticos aditivos directo y de *imprinting* paterno, respectivamente, \mathbf{d} , \mathbf{h} y \mathbf{s} eran los vectores de los efectos permanentes materno (2.317 niveles), rebaño-año-estación (135 niveles) y efecto del cromosoma Y (48 niveles), respectivamente, y \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 , \mathbf{Z}_2 , \mathbf{W}_1 , \mathbf{W}_2 , \mathbf{W}_3 eran las matrices de incidencias correspondientes. Con el objetivo de determinar la relevancia tanto biológica como estadística de los efectos genéticos del cromosoma Y y del *imprinting* paterno, el PN se analizó también bajo tres modelos adicionales, idénticos al YI pero eliminando los efectos \mathbf{s} (modelo YN), \mathbf{i} (modelo IN) y \mathbf{s} e \mathbf{i} (modelo NN). La contribución del cromosoma Y sobre el PN se ha modelizado como un efecto aleatorio permanente, heredado de padres a hijos machos, y vinculado a los genes situados en la región no autosómica de este cromosoma.

Como distribución *a priori* de \mathbf{s} , se asignó $N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_s^2)$ donde σ_s^2 era el componente de varianza genética vinculado al cromosoma Y. El efecto del *imprinting* paterno se caracterizó como la contribución de los genes expresados en caso de heredarse vía paterna, asumiendo como *a priori* para \mathbf{a} e \mathbf{i} , una normal multivariante, $N(\mathbf{0}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A})$,

donde $\mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{a,i} \\ \sigma_{a,i} & \sigma_i^2 \end{bmatrix}$, $\sigma_{a,i}$ era la covarianza genética entre \mathbf{a} e \mathbf{i} , y σ_a^2 y σ_i^2 eran las

varianzas genéticas para \mathbf{a} e \mathbf{i} , respectivamente.

Los modelos descritos se analizaron mediante inferencia Bayesiana a través del software TM de Legarra et al. (2008), lanzando tres cadenas de muestreo de 5.050.000 iteraciones y descartándose las 50.000 primeras como *burn-in*. Los modelos se compararon mediante el *deviance information criterion* (DIC) desarrollado por Spiegelhalter et al. (2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del DIC para todos los modelos se presentan en la Tabla 1. El modelo YN fue el que obtuvo un valor menor de DIC con diferencias promedio superiores a 39.000 unidades con respecto a los demás modelos. Estos resultados sugieren la presencia de variación genética vinculada al cromosoma Y, pero descartándose los efectos de *imprinting* paterno sobre el PN. Nuestros resultados coinciden parcialmente con los reportados por Reinsch et al. (1999) en terneros Simmental, donde se sugirió la posibilidad de pequeños efectos del cromosoma Y sobre caracteres de crecimiento y canal. En otras especies, tampoco son demasiados los ejemplos encontrados sobre la herencia no mendeliana de la región no autosómica del cromosoma Y. En ratones, Maxon (1990) y Sluyter et al. (1996) encontraron influencias en el comportamiento agresivo, y Bünger et al., (1995) describieron efectos del cromosoma Y sobre caracteres de crecimiento. La ausencia de efectos de *imprinting* paterno sobre el PN contrasta con los resultados descritos por Engellandt y Tier (2002) en terneros Gelbvieh y Neugebauer et al. (2010) en terneros Simmental, aunque estos autores no analizaron el PN sino el crecimiento de los terneros y caracteres vinculados a la canal. A nivel molecular, existen algunos ejemplos conocidos de genes con *imprinting* paterno como el *Igf2* que influye sobre el desarrollo muscular y deposición de grasa (Jeon et al., 1999; Nezer et al., 1999). Recientemente, Neugebauer et al. (2010) sugirieron la posibilidad de *imprinting* materno sobre 6 caracteres productivos de crecimiento y canal en terneros Simmental. No obstante, resulta importante destacar que son muy escasos los resultados descritos sobre la contribución de los efectos paternos en bovino de carne.

Las estimas de los componentes de varianza para el PN en la *Bruna dels Pirineus* se presentan en la tabla 2. Estos resultados reportaron un valor de σ_s^2 de 0,48 kg², con el intervalo de credibilidad situado entre 0,21 y 0,81 kg². En relación con los demás componentes de varianza del modelo, σ_s^2 explicaba alrededor del 2% de la variabilidad del carácter, capturando una nueva fuente de variación que puede ser utilizada dentro de las evaluaciones genéticas de la raza, sumándose al 30% de variabilidad capturada por σ_a^2 .

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bünger, L., Renne, U., Dietl, G. & Pirchner, F. 1995. J. Anim. Breed. Genet. 112: 455 - 461.
- Casellas, J., Piedrafita, J., & Varona, L. 2007. Genet. Sel. Evol. 39: 39-53.
- Engellandt, T. & Tier, B. 2002. Anim. Breed. Genet. 119:154–165.
- Henderson, C. R. 1973. Genet. Symp. in Honor of Dr. Jay L Lush, ASAS-ADSA, Champaign, IL, EUA, pp.10-41.
- Jeon, J.T., Carlborg, Ö., Törnsten, A., Giuffra, E., Amarger, V., Chardon, P., Andersen-Eklund, L., Andersson, K., Hansson, I., Lundström, K. & Andersson, L. 1999. Nat. Genet. 21: 157–158.
- Legarra, A., 2008. TM Threshold Model [<http://acteon.webs.upv.es/>].
- Maxon, S.C. 1990. Behav. Genet. 20: 109-126.
- Neugebauer, N., Räder, I., Schild, J., Zimmer, D. & Reinsch, N. 2010. J. Anim. Sci. 88: 523-532.
- Nezer, C., Moreau, L., Brouwers, B., Coppieters, W., Detillieux, J., Hanset, R., Karim, L., Kvasz, A., Leroy, P. & Georges, M. 1999. Nat. Genet. 21: 155–156.
- Reinsch, N., Engellandt, T. H., Schild, H.-J., & Kalm, E. 1999. Anim. Breed. Genet. 118: 437-445.
- Sluyter, F., Van Oortmerssen, G. A., De Rutter, A. J. H. & Koolhaas, J. M. 1990. Behav. Genet. 26: 489 - 496.

Agradecimientos: Trabajo enmarcado dentro del Programa de Control de Rendimientos y Mejora Genética de la raza *Bruna dels Pirineus*, y financiado por el *Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural*, con la inestimable aportación de los ganaderos de FEBRUPI que han registrado la información productiva.

Tabla 1. Resultados del DIC para los distintos modelos sobre PN. Los modelos incluyeron los efectos de imprinting paterno y cromosoma Y (YI), sólo imprinting paterno (IN), sólo efectos del cromosoma Y (YN) y ninguno de los dos (NN).

	NN	IN	YN	YI
DIC 1	2.709.081,5	3.046.436,9	2.669.669,0	3.018.774,4
DIC 2	2.707.983,8	3.044.791,3	2.667.828,4	3.015.606,9
DIC 3	2.710.698,8	3.050.242,2	2.671.033,1	3.004.168,2
Media	2.709.254,7	3.047.156,8	2.669.510,2	3.012.849,8
Error estándar	1.365,8	2.795,9	1.608,2	7.683,5

Tabla 2. Componentes de varianza para PN bajo el modelo MYN.

Componente de varianza	Media (% de varianza fenotípica)	Percentiles
		2,5% – 97,5%
σ_a^2	6,84 (29,2%)	5,15 – 8,64
σ_d^2	1,60 (6,8%)	0,96 – 2,17
σ_h^2	1,56 (6,7%)	1,11 – 2,10
σ_s^2	0,48 (2,1%)	0,21 – 0,81
σ_e^2	12,96 (55,3%)	12,03 – 14,18

σ_a^2 : varianza genética aditiva; σ_d^2 : varianza ambiental materna; σ_h^2 : varianza ambiental de rebaño-año-estación; σ_s^2 : varianza genética del cromosoma Y; σ_e^2 : varianza residual.

SIRE-SPECIFIC ADDITIVE GENETIC VARIANCE FOR BIRTH WEIGHT IN BRUNA DELS PIRINEUS BEEF CATTLE

ABSTRACT: It is possible to account for sire-related genetic effects in genetic evaluations, such as the effect of genes in the non-autosomal region of the Y-chromosome and the effect of paternal imprinting. Due to the lack of available results about the contribution of these sources of variation in beef cattle, this study investigated the relevance of these sire-related effects on the birth weight (BW) of *Bruna dels Pirineus* calves. The analysis performed on 8,130 BW records collected between 1989 and 2010 in twelve purebred herds. BW was analyzed using a univariate Bayesian animal model and the relevance of paternal imprinting and Y-chromosome-linked effects was checked by the deviance information criterion. Our results evidenced remarkable effects from the loci located in the non-autosomal region of the Y-chromosome, whereas paternal imprinting was discarded. Note that differences in DIC between the preferred model (i.e. Y-related effects and without paternal imprinting) and the remaining ones exceeded 39,000 DIC units. It is important to highlight that Y-chromosome accounted for ~2% of the total phenotypic variance for BW and revealed a relevant source of genetic variability with potential contributions to the current breeding scheme of the *Bruna dels Pirineus* beef cattle breed.

Keywords: beef cattle, genetic variance, paternal imprinting, Y-chromosome.