

OPTIMIZACIÓN DE LA CREACIÓN DE POBLACIONES BASE EN PROGRAMAS DE MEJORA EN ACUICULTURA

Fernández¹, J., Toro², M. A., Sonesson³, A. K. y Villanueva¹, B.

¹Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, Madrid, Spain. ²Departamento de Producción Animal, ETSI Agrónomos, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain.

³Nofima, Ås, Norway. jmj@inia.es

INTRODUCCIÓN

El éxito de un programa de mejora genética en acuicultura depende de la manera en que la población base ha sido construida (Holstmark et al., 2008), ya que la variabilidad genética que contengan los fundadores será aquella disponible en el proceso de selección. Tradicionalmente las poblaciones base se creaban a partir de diferentes poblaciones salvajes para las que no se tenía conocimiento ni de su estructura (diversidad genética entre y dentro de líneas) ni del nivel fenotípico para caracteres de interés. De esa manera la estrategia era tomar el mismo número de individuos de cada una de ellas. Sin embargo, para algunas especies existen actualmente líneas ya seleccionadas. En estos casos el valor fenotípico para caracteres de interés comercial puede usarse como criterio para decidir los fundadores con el objetivo de hacer el programa de mejora más competitivo desde un principio. Por otra parte, la creciente disponibilidad de paneles densos de SNP para especies acuícolas hace posible determinar la diversidad entre y dentro de poblaciones y tenerla en cuenta en el diseño de poblaciones base.

El objetivo de este trabajo fue estudiar, a través de simulación por ordenador, las consecuencias de usar información genómica para calcular las relaciones genéticas entre y dentro de líneas y registros fenotípicos en la optimización del muestreo de individuos cuando se crea la población base de un programa de mejora genética en acuicultura. Los resultados obtenidos en diversos escenarios se compararon en función del nivel fenotípico y la diversidad genética que presentaba la población base así como a lo largo del propio programa de selección artificial.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estructura genómica: Se simularon individuos diploides con 20 cromosomas de 1 M cada uno. Cada cromosoma tenía 25.000 loci bialélicos neutros (no marcadores). Adicionalmente se incluyeron otros 5 – 5.000 SNP por cromosoma uniformemente distribuidos. Así el número total de marcadores oscilaba entre 100 y 100.000 en todo el genoma.

Generación de candidatos: Los individuos disponibles para crear la población base se generaron en dos etapas. Primero se mantuvo una población grande ($N = 1.000$) durante 1.000 generaciones bajo contribuciones y apareamiento aleatorio, permitiendo mutaciones para ambos tipos de loci a una tasa de $2,5 \times 10^{-3}$. Se creó así un patrón de desequilibrio de ligamiento (LD) entre loci marcadores y no marcadores. En una segunda etapa los individuos se asignaron aleatoriamente a 10 grupos (líneas). Se definió un carácter cuantitativo (objetivo de selección en el programa de mejora) de media, varianza fenotípica y heredabilidad de 100, 30 y 0,4, respectivamente, controlado por 1.000 loci aditivos elegidos al azar en el genoma. Las líneas se dejaron evolucionar independientemente durante 20 generaciones bajo tres esquemas: i) selección aleatoria; ii) selección artificial para simular líneas ya mejoradas; iii) selección estabilizadora con diferentes óptimos (líneas salvajes con diferentes adaptaciones locales). Las poblaciones resultantes (con 50 machos y 50 hembras cada una) se consideraron las líneas disponibles para crear la población base.

Fundación de la población base: De los 1.000 candidatos disponibles se seleccionaron 100 machos y 100 hembras siguiendo varias estrategias: i) tomar al azar el mismo número de individuos de cada línea (estrategia E); ii) proporciones óptimas de cada línea para maximizar la heterocigosidad esperada (H_e) calculada a partir de los valores medios de parentesco dentro y entre líneas (estrategia MC); iii) proporciones óptimas de cada línea para maximizar la media fenotípica con una restricción en parentesco (estrategia MP); iv)

como en ii) pero usando relaciones individuales (estrategia IC); v) como en iii) pero usando valores fenotípicos individuales (estrategia IP).

Selección artificial: Se simularon 10 generaciones de selección artificial. Se formaron aleatoriamente 100 familias con los fundadores y se generaron 10 hijos de cada familia. De los 1.000 individuos disponibles en cada generación se seleccionaron los 100 machos y 100 hembras con los valores fenotípicos más altos para el carácter.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Población base: La estrategia IP, utilizando un gran número de SNP, llevó a una media fenotípica inicial 7% más alta que la estrategia E, al mismo nivel de diversidad genética (Tabla 1). La ventaja del método IP será mayor cuanto más diferenciadas estén las líneas candidatas. Con pocos marcadores se obtienen medias fenotípicas más altas pero menor diversidad que la esperada. Esto es debido al menor LD entre los marcadores y el resto de loci (selectivos o no marcadores).

Tabla 1. Valor fenotípico promedio y heterocigosidad esperada (en porcentaje) en la población base bajo diferentes estrategias usando diferentes números de marcadores (n_m)

n_m	Valor fenotípico					Heterocigosidad esperada				
	E	MC	MP	IC	IP	E	MC	MP	IC	IP
100	106,27	104,07	109,49	104,32	115,50	45,24	45,42	44,70	45,49	43,93
1.000	105,95	103,94	108,15	104,13	113,05	45,34	45,71	45,27	45,74	45,08
100.000	106,08	103,97	108,12	103,97	112,58	45,33	45,72	45,31	45,84	45,33

Los errores estándar del valor fenotípico oscilaron entre 0,13 y 0,25 y los de la heterocigosidad esperada fueron menores del 0,01%

La diversidad mantenida en la población base fue muy similar para todas las estrategias. El mejor método (IC) capturó solo un 1,1% más variabilidad neutra que la estrategia E. En general, cuanto mayor fue el número de SNP usados mayor fue la diversidad capturada, pero las diferencias fueron pequeñas. Pasar de 100 marcadores a 100.000 llevó a un aumento del 3% en H_e . También fueron pequeñas las diferencias observadas utilizando datos individuales o valores promedio de las líneas en la optimización, especialmente si el número de SNP era alto.

Selección artificial: Los niveles promedio más altos del valor mejorante y del fenotipo se obtuvieron con la estrategia IP en todas las generaciones (Figura 1) y en todos los escenarios, a pesar de que las poblaciones base obtenidas con IP partían de los niveles más bajos de V_A para el carácter. Como ya se comentó anteriormente, una densidad baja de SNP lleva a valores mejorantes más altos, pero también a una menor variabilidad neutra y selectiva debido a la falta de LD entre marcadores y el resto de loci. El valor medio del carácter durante las 10 generaciones de selección fue prácticamente igual para las estrategias IC y MC cuando se usó un panel con muchos SNP. Las estrategias IC y MC (que sólo utilizan la diversidad como criterio de optimización) condujeron a tasas de parentesco y consanguinidad más elevadas que el resto de estrategias durante el programa de mejora. Esto se debe a que IC y MC llevan a incluir en la población base individuos de líneas de fenotipo bajo cuyos descendientes no serán seleccionados subsecuentemente, lo que conlleva una reducción en el censo efectivo y el correspondiente incremento en parentesco. Este proceso es más importante en las primeras generaciones (Figura 1).

Las principales conclusiones de este estudio son: i) es posible llegar a soluciones que equilibren el nivel fenotípico y el mantenimiento de diversidad; ii) los mayores niveles para el carácter de interés se mantienen durante todas las generaciones del programa de selección; iii) es conveniente incluir en la población base individuos que provengan de líneas ya mejoradas; iv) no se observan grandes pérdidas en eficiencia cuando se trabaja con medias poblacionales en vez de con valores individuales; v) no son necesarios paneles de marcadores excesivamente densos (unos 1.000 SNP podrían ser suficientes para equilibrar fenotipo y diversidad).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Holtsmark, M. et al. 2008. *Aquaculture* 274: 232–240.

Agradecimientos: Este trabajo se ha financiado con los proyectos FISHBOOST (KBBE.2013.1.2-10) de la Unión Europea y CGL2012-39861-C02-02 del Plan Nacional.

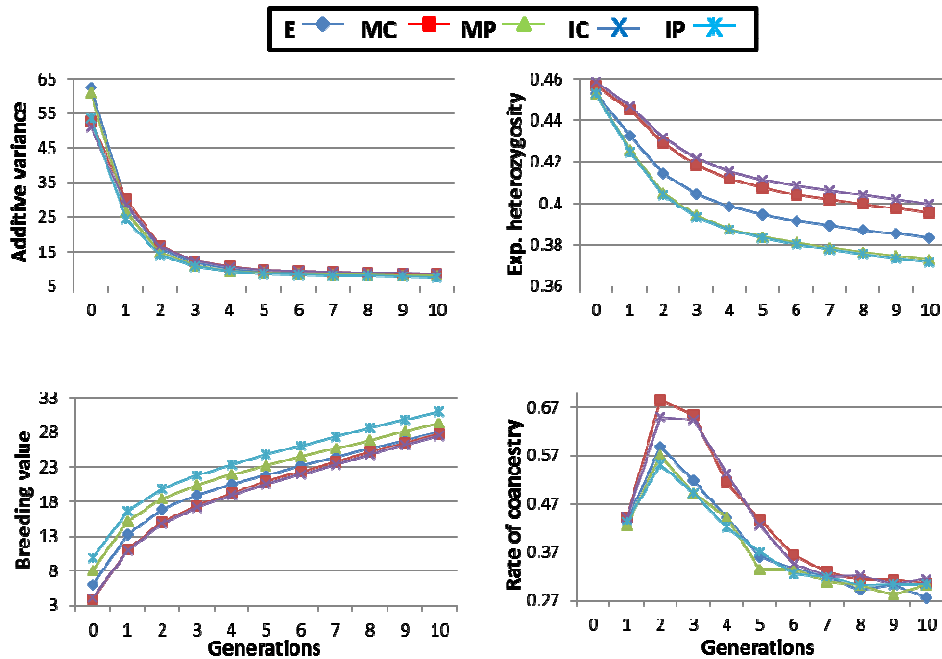


Figura 1. Evolución de la varianza aditiva para el carácter seleccionado, heterocigosidad esperada, valores mejorantes y tasa de consanguinidad durante las generaciones de selección artificial bajo las diferentes estrategias utilizadas para crear la población base

OPTIMISATION OF THE CREATION OF BASE POPULATIONS IN AQUACULTURE BREEDING PROGRAMS

ABSTRACT: The success of an aquaculture breeding program critically depends on the way in which the base population of breeders is constructed since all the genetic variability for any trait is contained in those initial founders. Traditionally base populations were created from a number of wild strains by sampling equal numbers from each strain. However, if improved strains are already available, mean phenotypic values for economically important traits can be used as a criterion to optimize the sampling. Also, the increasing availability of genome-wide genotype information in aquaculture species could help in the estimation of relationships within and between strains and to optimize the percentage of individuals to be sampled from them. This study explores the advantages of using phenotypic and genome-wide information when constructing base populations for aquaculture breeding programs in terms of initial and subsequent trait performance and genetic diversity level. Results show that compromise solutions between diversity and performance exist. Up to 7% higher levels of phenotypic performance can be achieved at the same level of global diversity in the base population by optimizing the selection of breeders instead of sampling equal numbers from each strain. The higher performance observed in the base population persisted during ten generations of phenotypic selection applied in the subsequent breeding program.

Keywords: base populations, aquaculture breeding programs, optimal contributions, fish genomics