

ESTIMACIÓN DE LA VARIANZA ADITIVA Y DOMINANTE EN CARACTERES DE CERDO MEDIDOS EN POBLACIÓN PURA Y CRUZADA USANDO G-GIBBS

Tusell¹, L., Gilbert¹, H., Vitezica¹, Z. G., Mercat², M.J., Legarra¹, A. y Larzul¹, C.
¹INRA UMR1388 / INPT ENSAT / INPT ENVT GenPhySE, F-31326 Castanet-Tolosan, Francia, ²IFIP/BIOPORC, La Motte au Vicomte, 35651 Le Rheu, Francia.
llibertat.tusell-palomero@inra.fr

INTRODUCCIÓN

La expresión fenotípica de ciertos caracteres de interés en producción puede estar influenciada por efectos genéticos no aditivos tales como la dominancia, responsable, en parte, de la heterosis existente dentro de línea y en cruzamiento. Incluir la dominancia en las evaluaciones genómicas de estos caracteres podría conllevar a un aumento en la precisión de la estima de los valores de cría a la vez que dar una idea del interés en utilizar informaciones de individuos cruzados para evaluar las líneas puras por su aptitud al cruzamiento. Este estudio tiene por objetivo estimar las contribuciones genéticas aditivas y de dominancia a la varianza fenotípica total de diversos caracteres de crecimiento y eficiencia alimentaria, composición de la canal, calidad de carne, comportamiento e indicadores de olor y madurez sexual medidos en cerdo de raza pura y en cruce.

MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 636 y 720 lechones macho Piétrain y cruzados Piétrain x Large White, respectivamente, entraron en estación de testaje a las 5 semanas de edad y fueron sacrificados a un peso fijo de 110kg. Durante el periodo de control fueron fenotipados para los siguientes caracteres clasificados en 5 grupos: *i) crecimiento y consumo de alimento*: ganancia de peso diario promedio, índice de conversión, consumo medio diario; *ii) composición de la canal*: espesor del tocino dorsal, espesor del músculo, contenido de magro, tocino dorsal, jamón, panceta, lomo, paletilla; *iii) calidad de carne*: rendimiento canal, pH *semimembranosus*, pH *longissimus dorsi*, pérdidas por goteo; *iv) comportamiento*: número de lesiones al inicio del control (35Kg), número de lesiones al final del control (110kg), lesiones en la canal; *v) indicadores de olor sexual*: niveles de androstenona, escatol e indol; *vi) indicadores de inicio de la pubertad*: niveles de estradiol. Los animales fueron genotipados con el chip de Illumina 60K.

Los fenotipos (\mathbf{y}) medidos en individuos puros y cruzados fueron analizados separadamente con el siguiente modelo univariado (Toro y Varona, 2010; Vitezica et al. 2016): $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{f}\mathbf{b} + \mathbf{u} + \mathbf{v} + \mathbf{e}$, donde $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ comprende los efectos sistemáticos y los efectos aleatorios no genéticos. $\mathbf{u} = \mathbf{Z}\mathbf{a}$ y $\mathbf{v} = \mathbf{W}\mathbf{d}$ son los vectores de efectos genotípicos aditivos y de dominancia con $cov(\mathbf{u}) = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'\sigma_{A^*}^2/\{tr([\mathbf{Z}\mathbf{Z}'])/n\}$ y $cov(\mathbf{v}) = \mathbf{W}\mathbf{W}'\sigma_{D^*}^2/\{tr([\mathbf{W}\mathbf{W}'])/n\}$, respectivamente (siendo \mathbf{a} y \mathbf{d} los vectores de efectos aditivos y de dominancia de los marcadores, $\sigma_{A^*}^2$ y $\sigma_{D^*}^2$ las varianzas genotípicas aditiva y dominante y n el número de animales). \mathbf{Z} y \mathbf{W} son matrices de incidencias con valores de -1, 0, 1 y 0, 1, 0 para los genotipos AA, Aa y aa respectivamente. \mathbf{f} es un vector de coeficientes de 'consanguinidad' genómica que permite que $E(\mathbf{d}) = \mathbf{0}$ (Xiang et al., 2016).

A partir de las estimas de $\sigma_{A^*}^2$ y $\sigma_{D^*}^2$ obtenidas en raza pura o en la cruce obtenemos la varianza aditiva y dominante de los marcadores como $\sigma_a^2 = \sigma_{A^*}^2/\{tr([\mathbf{Z}\mathbf{Z}'])/n\}$ y $\sigma_d^2 = \sigma_{D^*}^2/\{tr([\mathbf{W}\mathbf{W}'])/n\}$, respectivamente. Estas varianzas junto con las frecuencias alélicas de las poblaciones parentales, nos permiten obtener las varianzas genéticas de los valores de cría y de las desviaciones dominantes para:

i) la población Piétrain (raza pura):

$\sigma_{A,PI}^2 = \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i})\sigma_a^2 + \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i}(q_{PI,i} - p_{PI,i})^2)\sigma_d^2$ y $\sigma_{D,PI}^2 = \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i})^2\sigma_d^2$. Siendo $p_{PI,i}$ y $q_{PI,i}$ las frecuencias alélicas del i ésimo SNP ($i=1, \dots, k$) en la población Piétrain.

ii) la población cruzada:

$\sigma_{A,CPI}^2 = \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i})\sigma_a^2 + \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i}(q_{LW,i} - p_{LW,i})^2)\sigma_d^2$ y

$\sigma_{A,C_{LW}}^2 = \sum_i^k (2p_{LW,i}q_{LW,i})\sigma_a^2 + \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i}(q_{LW,i} - p_{LW,i})^2)\sigma_d^2$ son las contribuciones a la varianza genética aditiva de los alelos Piétrain y los alelos Large White a la población cruzada, respectivamente. $p_{LW,i}$ y $q_{LW,i}$ son las frecuencias alélicas del i ésimo SNP en la población Large White. La varianza genética de los valores de cría y de las desviaciones dominantes para la población cruzada se obtienen como: $\sigma_{A,C}^2 = 0.5\sigma_{A,C_{PI}}^2 + 0.5\sigma_{A,C_{LW}}^2$ y $\sigma_{D,CB}^2 = \sum_i^k (4p_{PI,i}q_{PI,i}p_{LW,i}q_{LW,i})\sigma_{d,CB}^2$, respetivamente.

Se utilizó el algoritmo de muestreo de Gibbs para inferir los parámetros de interés (400.000 iteraciones, desechándose las 200.000 primeras, guardándose 1 de cada 10 muestras).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Algunos de los caracteres analizados mostraron una cantidad de dominancia relevante en ambas poblaciones (espesor de tocino dorsal, pH) o mayor cantidad en individuos cruzados (porción de jamón, lomo y rendimiento en la canal) (véase Tabla 1). Estos resultados sugieren que la inclusión de un efecto de dominancia en el modelo de evaluación de estos caracteres podría dar lugar a un aumento en la precisión de las estimas de valores de cría y que, por otro lado, el uso de información de individuos cruzados podría ser beneficioso para evaluar los candidatos a la selección por su rendimiento en cruce.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Toro, M. & Varona, L. 2010. GSE 42: 33.
- Vitezica Z.G., Varona L., Elsen M.J., Misztal I., Herring W. & Legarra A. 2016. GSE 48:6.
- Xiang T., Christensen O.F., Vitezica Z.G. & Legarra A. 2016. GSE 48:92.

Agradecimientos: Estudio financiado por los proyectos UtOplGe ANR-10-GENOM_BT-015, SelDir, OptiMaGicS (INRA SelGen metaprogram) y el proyecto Feed-a-Gene (EU H2020 Programme no 633531). Animales proveídos por BIOPORC. Análisis realizados en la plataforma Genotoul Informatics Toulouse Midi-Pyrenees.

Tabla 1. Media posterior [HPD_{95%}] de los ratios de los componentes de varianza con respecto a la varianza fenotípica total en población Piétrain ($\sigma_{y,p}^2$) y en población cruzada ($\sigma_{y,c}^2$) de los efectos genéticos aditivos y de dominancia en población pura Piétrain ($h_{A,p}^2$ y $h_{D,p}^2$, respectivamente) y en población cruzada ($h_{A,c}^2$ y $h_{D,c}^2$, respectivamente)

Carácter	$h_{A,p}^2$	$h_{A,c}^2$	$h_{D,p}^2$	$h_{D,c}^2$	$\sigma_{y,p}^2$	$\sigma_{y,c}^2$
Ganancia de peso diario promedio	0,206 [0,045,0,345]	0,371 [0,229,0,513]	0,084 [0,005,0,182]	0,083 [0,000,0,197]	8958 [7757,10224]	8483 [7408,9600]
Índice de conversión	0,245 [0,110,0,382]	0,378 [0,235,0,527]	0,092 [0,003,0,204]	0,119 [0,001,0,231]	0,024 [0,021,0,027]	0,021 [0,019,0,024]
Consumo medio diario	0,304 [0,167,0,463]	0,464 [0,312,0,618]	0,058 [0,001,0,143]	0,058 [0,000,0,148]	32606 [28010,37484]	47261 [40897,53640]
Espesor del tocino dorsal	0,444 [0,284,0,597]	0,522 [0,378,0,662]	0,140 [0,011,0,283]	0,124 [0,011,0,236]	3,042 [2,657,3,438]	4,256 [3,734,4,809]
Espesor del músculo	0,337 [0,200,0,481]	0,326 [0,156,0,513]	0,029 [0,000,0,078]	0,064 [0,001,0,149]	28,514 [25,029,32,046]	25,55 [22,48,28,81]
Contenido de magro	0,596 [0,452,0,730]	0,574 [0,439,0,709]	0,106 [0,006,0,216]	0,089 [0,003,0,190]	3,217 [2,777,3,659]	3,721 [3,281,4,168]
Tocino dorsal ¹	0,574 [0,425,0,718]	0,563 [0,426,0,687]	0,038 [0,000,0,105]	0,072 [0,000,0,167]	0,726 [0,633,0,825]	0,872 [0,770,0,973]
Jamón ¹	0,461 [0,301,0,620]	0,430 [0,299,0,568]	0,085 [0,002,0,196]	0,135 [0,000,0,262]	1,125 [0,982,1,283]	0,908 [0,803,1,020]
Panceta ¹	0,334 [0,184,0,491]	0,129 [0,030,0,236]	0,093 [0,002,0,212]	0,070 [0,000,0,154]	1,281 [1,116,1,464]	1,343 [1,170,1,534]
Lomo ¹	0,399 [0,247,0,560]	0,318 [0,190,0,447]	0,074 [0,002,0,175]	0,162 [0,009,0,288]	1,683 [1,459,1,921]	1,813 [1,603,2,028]
Paletilla ¹	0,168 [0,052,0,284]	0,248 [0,133,0,374]	0,073 [0,001,0,171]	0,097 [0,000,0,206]	1,035 [0,900,1,182]	0,984 [0,868,1,103]
Rendimiento canal	0,413 [0,267,0,556]	0,466 [0,307,0,622]	0,050 [0,000,0,142]	0,146 [0,009,0,281]	1,464 [1,279,1,653]	1,292 [1,137,1,451]

pH <i>semimembranosus</i>	0,250 [0,111,0,392]	0,317 [0,194,0,445]	0,126 [0,001,0,280]	0,182 [0,044,0,315]	0,031 [0,027,0,035]	0,033 [0,029,0,037]
pH <i>longissimus dorsi</i>	0,330 [0,187,0,483]	0,317 [0,181,0,448]	0,086 [0,000,0,215]	0,138 [0,011,0,257]	0,017 [0,015,0,019]	0,022 [0,020,0,025]
Pérdidas por goteo	0,516 [0,377,0,648]	0,193 [0,067,0,330]	0,054 [0,000,0,150]	0,068 [0,000,0,163]	5,908 [5,167,6,708]	3,401 [3,025,3,796]
Lesiones inicio control ²	0,128 [0,040,0,235]	0,139 [0,058,0,232]	0,087 [0,003,0,186]	0,077 [0,007,0,151]	0,873 [0,728,1,037]	0,671 [0,554,0,791]
Lesiones final control ²	0,141 [0,040,0,245]	0,074 [0,025,0,132]	0,045 [0,001,0,115]	0,026 [0,000,0,071]	0,846 [0,679,1,031]	0,845 [0,684,1,027]
Lesiones en la canal	0,262 [0,122,0,409]	0,264 [0,131,0,404]	0,090 [0,001,0,212]	0,097 [0,000,0,214]	0,587 [0,517,0,662]	0,759 [0,674,0,848]
Androstenone ²	0,375 [0,229,0,524]	0,541 [0,407,0,677]	0,055 [0,000,0,144]	0,130 [0,000,0,262]	0,314 [0,275,0,353]	0,350 [0,309,0,394]
Escatol ²	0,139 [0,040,0,248]	0,271 [0,121,0,428]	0,084 [0,002,0,194]	0,061 [0,000,0,155]	0,162 [0,143,0,181]	0,270 [0,240,0,302]
Indol ²	0,463 [0,329,0,598]	0,071 [0,010,0,158]	0,201 [0,035,0,370]	0,022 [0,000,0,072]	0,123 [0,107,0,139]	0,114 [0,102,0,126]
Estradiol ²	0,152 [0,037,0,265]	0,209 [0,084,0,339]	0,064 [0,000,0,161]	0,106 [0,001,0,220]	0,114 [0,101,0,127]	0,189 [0,168,0,211]

¹variable expresada en % de peso con respecto a la canal; ²Logaritmo de la variable

GENOMIC ESTIMATION OF DOMINANCE GENETIC VARIANCE IN PUREBRED AND CROSSBRED PIG PERFORMANCES

ABSTRACT: This study aims at assessing the contribution of the additive and dominance genomic variances to the phenotype expression of several purebred Piétrain and crossbred (Piétrain x large White) pig performances. A total of 636 purebred and 720 crossbred male piglets were phenotyped for 22 traits that can be classified into growth rate and feed efficiency, carcass composition, meat quality, behavior, boar taint and puberty groups of traits. Additive and dominance variances estimated in univariate genotypic models including additive and dominance genotypic effects allowed us to retrieve the additive and dominance SNP variances. These ones were used, together with the allelic frequencies of the parental populations, to obtain additive and dominance variances in terms of genetic breeding values and dominance deviations. Some traits showed relevant amount of dominance genetic variance in both populations (i.e. backfat thickness, pH) or increased amount in crossbreds (i.e. ham cut, loin and dressing yield) suggesting that accounting for dominance in the models of these traits could lead to an increased GEBV accuracy and that using crossbred information can be beneficial to evaluate purebred candidates to selection for crossbred performance.

Keywords: dominance, pig, variance, SNP