

ESTIMADORES DE CONSANGUINIDAD EN LA RAZA AVILEÑA-NEGRA IBÉRICA

Meneses^{1*}, C., Rubio², A., Ramón², M., Carabaño¹, M.J., Hernández-Pumar³, A., González¹, C., y Díaz^{1*}, C.

¹INIA, CSIC, 28040 Madrid, ²IRIAF, 13300 Valdepeñas, ³RAEANI, 05001 Ávila; *cdiaz@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

El control del incremento de la consanguinidad es clave en una población porque, además de afectar a la variabilidad existente, puede generar depresión consanguínea. Para mantener este control, es necesario tener una estima adecuada del coeficiente de consanguinidad. Tradicionalmente, la estima de la consanguinidad se ha realizado a partir de la información de pedigrí, proporcionando un valor esperado, si bien, actualmente, con el incremento de la información genómica, se puede hacer uso de ésta información para su estima, con la que se obtiene el valor realizado. Para el cálculo de la consanguinidad realizada existen varios métodos (ver Villanueva *et al.*, 2021), y no existe un consenso sobre cuál de ellos proporciona la mejor medida (Villanueva *et al.*, 2021). El objetivo de este trabajo es comparar las distintas medidas de consanguinidad en la población de raza Avileña-Negra Ibérica (ANI).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se dispuso de un total de 2216 animales genotipados con el chip “Thermofisher Axion Bovine” a partir de los que se generó un pedigrí de 6907 individuos. La consanguinidad genealógica (F_{PED}) se estimó a partir de la diagonal de la matriz de relaciones aditivas. De la consanguinidad molecular se realizaron cinco estimas de coeficientes, F_{NEJ} (Nejati-Javaremi *et al.*, 1997), F_{LH} (Li y Horvitz, 1953), F_{VR1} (VanRaden *et al.*, 2008), F_{VR2} (Yang *et al.*, 2011), y F_{YAN} (Yang *et al.*, 2011). Estas tres últimas obtenidas a partir de las distintas formas de las matrices de parentesco genómico. Las frecuencias alélicas en la población base consideradas fueron la media de las frecuencias alélicas en los individuos genotipados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El valor medio de F_{PED} en la población genotipada de ANI fue de 0.058. El rango de valores medios de las distintas estimas de consanguinidad genómica obtenidas osciló entre -0.184 y 0.707 correspondientes a F_{VR2} y F_{NEJ} , respectivamente. F_{NEJ} representa el porcentaje de marcadores en homocigosis con respecto al número total de marcadores. Como se puede ver, son valores en una escala muy dispar a la estima de la consanguinidad por pedigrí. Sin embargo, la media del resto de los estimadores genómicos fue más cercana en magnitud a F_{PED} , 0.032, 0.022 y 0.020 para F_{LH} , F_{VR1} y F_{YAN} . La correlación entre los distintos estimadores fue muy variable. La correlación de la consanguinidad por pedigrí, es decir la consanguinidad esperada, con las distintas estimas de consanguinidad realizada osciló entre 0.02 y 0.44 para F_{VR2} y F_{VR1} , respectivamente. La correlación entre F_{NEJ} y F_{LH} fue de 1, y de estos estimadores con el resto de estimadores genómicos fue muy alta a excepción de las correlaciones con F_{VR2} . Las correlaciones de este estimador fueron muy variables con valores entre -0.029 (con F_{NEJ} y F_{LH}) y 0.50 con F_{VR1} . Las correlaciones entre F_{VR1} con F_{LH} y F_{NEJ} fueron sistemáticamente más bajas (0.76) que con F_{YAN} (0.93). La falta de consistencia entre las correlaciones puede que sea atribuible a las estimas de frecuencias utilizadas como referencia. Según Caballero *et al.* (2022) cuando las frecuencias de la población base son conocidas y son utilizadas como referencia para las estimas de consanguinidad genómica, las correlaciones entre todos los estimadores son muy altas.

CONCLUSIÓN

Tanto la magnitud de las estimas de consanguinidad como la consistencia entre ellas es muy variable en el escenario en el que asumimos que las frecuencias alélicas de la población base son las mismas que en la población genotipada. Estos resultados indican la necesidad de explorar otros supuestos relativos a las frecuencias alélicas de la población base o población de referencia.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Caballero, A., *et al.* 2022. Genet Sel Evo. 54: 82
- Li, C. & Horvitz, D. 1953. Am J Hum Genet. 5: 107-17
- Nejati-Javaremi, A., *et al.* 1997. J Anim Sci. 75: 1738-45
- VanRaden, P.M. 2008. J Dairy Sci. 91: 4414-23
- Villanueva, B. *et al.* 2021. Genet Sel Evol. 53: 42
- Yang, J. *et al.* 2011. Am J Hum Genet. 88: 76-82.

Agradecimientos: Este trabajo se ha desarrollado en el marco del convenio de colaboración (CC17-057) entre el INIA-CSIC y RAEANI.