

Dominancia e Imprinting en la especie equina: Análisis genómico en el caballo Pura Raza Español

N. Laseca¹, L. Varona², S. Demyda-Peyrás³, M. Valera⁴, D. Perdomo⁴, A. Molina¹

¹ Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Edificio Gregor Mendel, CN-IV km396, 14071, Córdoba, España

ge2lagan@uco.com (Corresponding Author)

² Departamento de Anatomía, Embriología y Genética, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Universidad de Zaragoza, C/ Miguel Servet 177, 50013, Zaragoza, España

³ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de la Plata, Avenida 60 y 118, B1900, La Plata, Argentina

⁴ Departamento de Agronomía, ETSIA, Universidad de Sevilla, Ctra. de Utrera, km. 1, 41013, Sevilla, España

Summary

El imprinting o impronta genómica, se define como un efecto epigenético que implica la metilación del ADN y las modificaciones de las histonas, alterando la expresión de los alelos (con inactivación completa o parcial de uno de ellos) según procedan de la madre o del padre, determinando una herencia no mendeliana en determinados caracteres. Este hecho es ampliamente conocido en muchas especies, y existen evidencias de que contribuye a la baja heredabilidad inherente en los caracteres reproductivos. Otro de los efectos que tradicionalmente se consideran y que tienen una elevada importancia en los caracteres reproductivos es la dominancia o interacción entre alelos del mismo gen. Por ello, en esta comunicación pretendemos estudiar si en la eficacia reproductiva de las yeguas se detecta un efecto de imprinting y de la desviación por dominancia, utilizando para ello una aproximación genómica. De esta manera, se han puesto a punto diferentes modelos de estimación de componentes de la varianza que incluyen efectos aditivos y no aditivos (*imprinting* materno y paterno, y dominancia) utilizando los datos genómicos de 819 animales genotipados con un array de alta densidad para la especie equina (670K). Para ello fue necesario “*fasear*” los genotipos mediante el programa AlphaPhase, utilizando 5 parámetros diferentes de *cores* y *coretail* para generar un genoma consenso fiable en aquellos individuos que no contaban con los progenitores genotipados. Posteriormente, se determinaron las matrices genómicas de dominancia, y de imprinting (materno y paterno). La estimación de los componentes se realizó mediante el programa AIREMLF del paquete BLUPF90, incluyendo como efectos fijos: la capa, el país, la década de nacimiento y el tamaño de la ganadería donde nació el primer potro, y como fenotipo la eficacia reproductiva. Nuestros resultados han determinado que el modelo de mejor ajuste es el paterno-materno, que no incluye los efectos aditivos. El mejor modelo que incluye los efectos aditivos es el modelo aditivo más imprinting, seguido del modelo aditivo más imprinting con desviación de la dominancia. En resumen, se puede concluir que la dominancia explica un porcentaje pequeño de la varianza, pero que si se observa un importante efecto de la impronta materna (inferior al efecto genético aditivo), ya que el componente materno de la varianza es prácticamente el doble que el componente paterno en este carácter.

Keywords: imprinting, dominancia, genoma faseado