

# Variabilidad genética en el lastre genético: predicción genómica y purga artificial

L. Varona<sup>1</sup>, D. López-Carbonell<sup>1</sup>, H. Srihi<sup>1</sup>, M. Ramírez<sup>1</sup>, P. Martínez<sup>2</sup>, M. Hermida<sup>2</sup>, J. Altarriba<sup>1</sup>, J. Casellas<sup>3</sup>.

<sup>1</sup> Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Calle Miguel Servet, 177, 50013, Zaragoza, Spain.

<sup>2</sup> Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela, 27002 Lugo, Spain

<sup>3</sup> Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain

\*lvarona@unizar.

## Resumen

La consanguinidad se genera a partir del apareamiento entre parientes y está asociada con el fenómeno de depresión endogámica. En los últimos años, se han desarrollado modelos que permiten estimar el lastre genético individual asociado a cada individuo y, como consecuencia, predecir la depresión endogámica asociada a cada posible apareamiento endogámico y ejecutar un proceso de purga artificial eliminando de las poblaciones aquellos individuos con los peores lastres genéticos. Sin embargo, hasta este momento, el procedimiento se ha desarrollado utilizando exclusivamente información genealógica y fenotípica. Además, en las poblaciones ganaderas, se ha podido constatar que la inmensa mayoría de la consanguinidad se genera a partir de un número muy pequeño de ancestros habitualmente son muy antiguos. Este problema implica que la precisión de la predicción del lastre genético en los animales vivos es habitualmente baja. En este trabajo se pretende utilizar una aproximación single-step para introducir la información genómica con dos objetivos: 1) evaluar el incremento de precisión en la predicción del lastre genético que proporciona la información genómica y 2) identificar las regiones genómicas asociadas con una mayor variabilidad de lastre genético.

Para ello se utilizaron 91,412 registros de peso de la canal fría de la raza bovina Rubia Gallega y una genealogía de 141,399 individuos. De estos, 3,441 fueron genotipados con el Axiom\_BovMDv3 chip. Después de un filtrado estándar, se utilizaron 36,429 marcadores autosómicos. La consanguinidad media de los 91,412 individuos con fenotipo fue del 2.7%. La gran mayoría tuvo consanguinidad nula (35,572) o menor del 5% (42,222). Sin embargo, 12,608 tuvieron consanguinidades mayores del 5% y 2,015 mayores del 25%. La consanguinidad total fue descompuesta y se identificaron 1,646,121 consanguinidades parciales procedentes de 2,136 ancestros, de los cuales 475 estaban genotipados.

El modelo de análisis incluyó covariadas con la consanguinidad total y la edad al sacrificio, los efectos sistemáticos sexo y matadero, el efecto aleatorio rebaño-año-estación y los vectores de efectos genéticos aditivos y de lastre genético, además del residuo. El modelo se analizó mediante un análisis bayesiano utilizando Muestreo de Gibbs bajo un modelo que incluyó información genómica y otro que exclusivamente utilizó la información genealógica. Las precisiones se calcularon a partir de las varianzas posteriores de las predicciones del lastre genético. Los resultados nos permitieron comprobar que cerca del 10% tenían una predicción del lastre genético que implicaba un incremento del fenotípico como consecuencia de su consanguinidad. Las precisiones del lastre genético se incrementaron en un 2.6% y en un 3.7% en los individuos genotipados nacidos después de 2016. Finalmente, se pudieron

identificar algunas regiones del genoma asociadas a una mayor variabilidad en el lastre genético.

*Palabras Clave: Consanguinidad, Depresión consanguínea, Purga artificial*