

## IMPACTO DE LA DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA SOBRE CARACTERES DE PRODUCCIÓN LECHERA EN LA RAZA OVINA MANCHEGA

Rubio-Juan<sup>1\*</sup>, A., Ramón<sup>2</sup>, M., Carabaño<sup>2</sup>, M.J., Fernández<sup>3</sup>, M.R., Díaz<sup>2</sup>, C.

<sup>1</sup> IRIAF, Av. Del Vino s/n, 13300 Valdepeñas, Spain. <sup>2</sup> INIA-CSIC, Ctra. de la Coruña, Km 7,5, 28040 Madrid, Spain. <sup>3</sup> SaBio IREC, Albacete, Spain; \*arjuan@jccm.es

### INTRODUCCIÓN

En los programas de mejora genética, el uso recurrente de un número reducido de machos mejorantes favorece el incremento de la consanguinidad y, con ello, el riesgo de que aparezcan fenómenos de depresión consanguínea. El presente trabajo busca: 1) evaluar el nivel de consanguinidad (F) de la raza Manchega en función de varios estimadores basados en información genealógica y genómica; y 2) monitorear la existencia de posibles efectos de depresión consanguínea en caracteres productivos.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 8,5 millones de registros del control lechero oficial de la raza Manchega y 967.000 datos de genealogía de la variedad blanca, con 9.253 animales genotipados (chip de 50K de Thermofisher). Primero, se estimó el coeficiente de consanguinidad a partir de la información genealógica ( $F_{PED}$ ). Para ello se utilizó el software inbugf90 (Misztal et al., 2002). Posteriormente, se utilizó la información genómica a partir de 39.215 SNPs autosómicos. Se obtuvieron 5 estimas de consanguinidad,  $F_{HOM}$ ,  $F_{ROH}$  y  $F_{LH}$ , que se centran en la proporción de genotipos, segmentos de homocigosis y desviación del equilibrio de Hardy-Weingberg, y  $F_{VR2}$ ,  $F_{YAN}$ , que se obtienen a partir la respectiva matriz de relaciones genómicas. Los softwares utilizados fueron Plink ( $F_{LH}$ ) (Purcell et al., 2007) y GCTA ( $F_{VR2}$ ,  $F_{HOM}$ ,  $F_{YAN}$ ) (Yang et al., 2011). Así mismo, las regiones de homocigosis (ROH) se detectaron utilizando el paquete de R detectRUNs (Biscarini et al., 2019). Para estimar el efecto de la depresión consanguínea en la producción de leche se usó el modelo  $y = Xb_1 + Fb_2 + a + pe + e$ ; donde  $Xb$  recoge los efectos fijos usados en la valoración genética de la raza (rebaño-día de control, parto-edad, número de corderos nacidos vivos y estado de lactación);  $F$  es el vector de coeficientes de consanguinidad;  $b_2$  es el coeficiente de regresión del carácter sobre la consanguinidad, y  $a$ ,  $pe$  y  $e$  son los efectos aleatorios aditivo, ambiente permanente y residual. Para los análisis se utilizó blupf90+ (Misztal et al., 2002).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias de los estimadores de consanguinidad en esta población oscilaron entre un  $-0,006$  para  $F_{VR2}$  y  $0,057$  para  $F_{ROH}$ . Las mayores correlaciones entre los estimadores de consanguinidad se observaron entre  $F_{ROH}$  y  $F_{LH}$  (0,96),  $F_{YAN}$  y  $F_{LH}$  (0,92), y  $F_{YAN}$  y  $F_{ROH}$  (0,90). Asimismo, la correlación entre  $F_{PED}$  con los estimadores moleculares varió entre 0,74 para  $F_{YAN}$  y 0,81 para  $F_{ROH}$ . Sin embargo, los estimadores  $F_{VR2}$  y  $F_{HOM}$  solamente correlacionaban con el resto entre un 0,22 ( $F_{VR2} - F_{LH}$ ) y un 0,64 ( $F_{HOM} - F_{LH}$ ), siendo la correlación entre  $F_{VR2}$  y  $F_{HOM}$  negativa. Los coeficientes de regresión entre los estimadores de consanguinidad y los caracteres productivos fueron todos negativos y significativamente distintos de cero. Las pérdidas de producción de leche diaria generadas ante un incremento de un 10% de consanguinidad oscilan entre 6,33 ( $F_{YAN}$ ) y un 7% ( $F_{ROH}$ ) sobre la media del carácter (1.330 g/día), dependiendo del estimador. Para los caracteres % de grasa y proteína estos tres estimadores se comportaron de una forma similar. El incremento de un 10% de la consanguinidad supuso una pérdida de un 5,4% con  $F_{PED}$ , 4,6% con  $F_{ROH}$  y 4,2% con  $F_{YAN}$  respecto a la media del % de grasa (7,29) y, de un 4,1, 3,2 y 2,9% respecto a la media del % de proteína (5,82).

### CONCLUSIÓN

Se ha detectado depresión consanguínea en la población genotipada de Manchega. Un aumento de los niveles de consanguinidad podría resultar en pérdidas productivas no despreciables. La consanguinidad estimada a partir del pedigrí mostró una alta correlación con algunos de los estimadores genómicos considerados más fiables, como  $F_{ROH}$ , así como con  $F_{YAN}$  y  $F_{LH}$ .

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Biscarini F. et al., 2019. *\_detectRUNS*
- Cesarani A. et al., 2022. 140(1):28-38
- Chang, C. C. et al., 2015. *GigaScience*, 4(1), 7.
- Doekes H.P. et al., 2021.12(6):926
- Misztal, I. et al., 2002. *BLUPF90*
- Yang J et al. 2011., *GCTA*. 88(1):76-82.

**Agradecimientos:** AGRAMA por los datos fenotípicos, genealógicos y genotípicos. Proyecto Regional SBPLY/17/180501/000369.