

LASTRE GENÉTICO PARA PRODUCCIÓN DE LECHE EN GANADO OVINO FRANCÉS

Antonios¹, S., Rodríguez-Ramilo¹, S.T., Legarra^{2,3}, A., Astruc⁴, J.M., Varona⁵, L. y Vitezica^{1*}, Z.G.

¹GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT. 31326. Castanet-Tolosan. Francia. ²CDCB. 20716. Bowie MD. USA. ³University of Georgia. 30605. Athens GA. USA. ⁴ Institut de l'Elevage. 31321. Castanet-Tolosan. Francia. ⁵Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013. Zaragoza. España.; *zulma.vitezica@inrae.fr

INTRODUCCIÓN

El lastre genético es la fracción de la carga de mutación que se debe a alelos recesivos ocultos en estado heterocigoto. Este lastre, cuando se manifiesta por consanguinidad, es responsable de la depresión endogámica. En una población existe variabilidad en el lastre genético individual de cada ancestro. Sin embargo, este lastre sólo se manifiesta en los descendientes consanguíneos. La estimación del lastre genético individual es posible utilizando una descomposición de la consanguinidad de cada individuo en componentes parciales de consanguinidad atribuidos a sus ancestros. Así cada animal puede tener partes de consanguinidad que provienen potencialmente de diferentes ancestros. En este trabajo, demostramos analíticamente la naturaleza aditiva del lastre genético; y estimamos la varianza genética y el efecto individual del lastre genético para el rendimiento lechero en tres poblaciones francesas de ovejas lecheras: Basco-Béarnaise (BB), Manech Tête Noire (MTN) y Manech Tête Rouse (MTR).

MATERIAL Y MÉTODOS

Las 3 razas se seleccionan por su producción lechera desde 1985 y hacen selección genómica desde 2016. El cálculo de los coeficientes de consanguinidad parcial utilizó pedigrees que incluían 190.276, 166.028 y 633.655 animales de BB, MTN y MTR, respectivamente, nacidos entre 1985 y 2021. Estos coeficientes se usaron como covariables en un modelo mixto de regresión aleatoria para estimar el lastre genético. En el análisis se utilizaron 658.731, 541.180 y 2.168.454 registros de rendimiento lechero anual de 178.123, 151.863 y 596.586 hembras en BB, MTN y MTR, respectivamente. Los datos fueron analizados mediante el programa BLUPF90+ (Lourenco et al., 2022).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En estas poblaciones, la descomposición de la consanguinidad en coeficientes parciales muestra que la consanguinidad se debe sobre todo a numerosas contribuciones pequeñas (inferiores a 0,001) de muchos ancestros que se remontan a varias generaciones (de 5 a 7), lo que está en consonancia con la política de evitar los apareamientos cercanos (e.g. entre primos). Existe varianza genética para el lastre genético en las tres razas, aunque no significativamente diferente de cero para la BB. La magnitud de la varianza es tal que no es utilizable en la práctica. Como era de esperar, según la teoría, se estimaron correlaciones genéticas negativas entre el lastre genético para producción de leche y los valores de cría para producción de leche (-0,09, -0,08 y -0,12 en BB, MTN y MTR).

CONCLUSIÓN

Existe variabilidad del lastre genético. Sin embargo, ni su magnitud ni la precisión de la predicción de los efectos del lastre genético son suficientes para garantizar una selección basada en este criterio.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Lourenco, D., Tsuruta, S., Aguilar, I., Masuda, Y., Bermann, M., Legarra, A. & Misztal, I. 2022. Recent updates in the BLUPF90 software suite. In: Proceedings of the 12th WCGALP: 3–8 July, Rotterdam.

Agradecimientos: Este estudio ha recibido financiación del proyecto ARDI2 (EFA 032/01) de los fondos POCTEFA. Agradecemos a la plataforma bioinformática Genotoul Toulouse Occitanie (Bioinfo Genotoul, <https://doi.org/10.15454/1.5572369328961167E12>) la provisión de recursos informáticos y de almacenamiento.