

Análisis preliminar de la depresión consanguínea en caracteres reproductivos en dos líneas de ratón seleccionadas divergentemente para variabilidad de peso al nacimiento

C. Ojeda-Marín^{1*}, J.P. Gutiérrez¹, N. Formoso-Rafferty², S.T. Rodríguez-Ramilo³, y I. Cervantes¹.

¹Dpto de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. Madrid.

²Dpto de Producción Agraria, E.T.S.I.A.A.B., UPM. Madrid.

³GenPhySE, INRAE, Toulouse.

*Corresponding author: candelao@ucm.es

Resumen

El aumento de consanguinidad se relaciona con un aumento de depresión consanguínea y expresión de alelos deletéreos. Estos fenómenos están relacionados entre otros, con caracteres reproductivos que tienen baja heredabilidad. En los últimos años se han introducido criterios de selección relacionados con la homogeneidad ya que las producciones más homogéneas se relacionan con mayores rentabilidades y mejora en el bienestar animal. En este contexto se está llevando a cabo con éxito un experimento de selección divergente para variabilidad ambiental de peso al nacimiento en ratones durante 33 generaciones. Como resultado de este experimento se crearon dos líneas: una de alta variabilidad (AV) y otra de baja variabilidad (BV). Esta última ha demostrado ser mejor que la de AV en caracteres relacionados con la robustez como la longevidad reproductiva y la supervivencia, afrontando mejor los desafíos ambientales. En estudios anteriores se ha demostrado que la homocigosis global no es diferente entre ambas líneas, pero sí su distribución. El objetivo de este análisis fue determinar si existía depresión consanguínea (DC) y si se observaban o no diferencias en esta DC entre líneas sobre distintos caracteres reproductivos utilizando para ello distintos coeficientes de consanguinidad calculados a partir del pedigrí y de información genómica. Se genotiparon 752 hembras de AV y 766 hembras de BV pertenecientes a 25 generaciones de selección con un chip de alta densidad. Después de los filtrados correspondientes, se emplearon 545,656 SNPs para calcular los coeficientes de consanguinidad genómicos. La primera generación de selección formada por 70 hembras se definió como población de referencia (PR). Se utilizaron los fenotipos correspondientes al tamaño de camada al primer parto (TC), pare (P) (con dos posibilidades: pare y no pare) y el número de parto (NP). Se calcularon los siguientes coeficientes de consanguinidad: el coeficiente de consanguinidad a partir del pedigrí (F_{PED}), el coeficiente de consanguinidad calculado a partir de la matriz de relaciones genómicas VanRaden tipo 1 (F_{VRI}) y a partir de cadenas largas de homocigotos (F_{ROH}). Todos los coeficientes de consanguinidad se estandarizaron por el promedio de los respectivos coeficientes de consanguinidad en la PR siendo F_x donde x fue F_{PED} , F_{VRI} o F_{ROH} siendo F_{PED0} , F_{VRI0} y F_{ROH0} respectivamente. Para calcular la DC se utilizaron dos modelos: el primero incluía la edad de la hembra al parto, el tamaño de camada en el que nació la hembra, el respectivo coeficiente de consanguinidad (F_x), el coeficiente de consanguinidad al cuadrado (F_x^2) y el efecto genético aditivo (a) para el TC. En el segundo modelo se añadieron como efectos la edad a la cubrición, F_x , F_x^2 y a para P y NP. Se utilizaron modelos continuos para TC y NP y modelos umbrales para P. Los softwares utilizados fueron ENDOG v4.9, PLINK v1.9, TM y código propio en el entorno R. Para el valor máximo de los coeficientes de consanguinidad el efecto de la DC sobre TC fue entre -0.16 (F_{ROH0}) y -2.85 (F_{PED0}) en AV y -1.31 (F_{ROH0}) y -1.24 (F_{PED0}) en BV. Asimismo, el efecto de la DC sobre NP fue entre -0.24 (F_{VRI0}) y -1.85 (F_{PED0}) en AV, mientras que en BV fue entre -0.17 (F_{ROH0}) y -0.92 (F_{PED0}). Sin embargo, para P, el efecto de los diferentes coeficientes de consanguinidad fue positivo. En general, cuando se utilizó F_{PED0} se detectó DC en ambas líneas siendo mayor en AV lo que podría estar relacionado con la diferente distribución de la homocigosis entre líneas. Esto se correspondería con la mayor robustez de la línea de BV demostrada en estudios anteriores. Sin embargo, el efecto de F_{VRI0} y F_{ROH0} fue menos consistente. Se requieren más estudios para comprender mejor el efecto de F_{VRI0} y F_{ROH0} sobre los caracteres reproductivos analizados.

Keywords: selección divergente, caracteres reproductivos, consanguinidad genómica, depresión consanguínea, variabilidad ambiental de peso al nacimiento.