

Cuantificación del fardo genético mediante el modelado conjunto de la depresión consanguínea y el fardo consanguíneo para el tamaño de camada en conejos

C. Hervás-Rivero^{1*}, A.T. Nguyen², G. Kövér², A. Bokor², I. Nagy², I. Curik^{2,3}, L. Varona¹

¹ Departamento de Anatomía, Embriología y Genética Animal, Universidad de Zaragoza, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Zaragoza, Spain

² Hungarian University of Agriculture and Life Sciences - Institute of Animal Sciences (MATE), Kaposvár, Hungary

³ University of Zagreb – Faculty of Agriculture, Zagreb, Croatia

* Corresponding author: chervas@unizar.es

Resumen

El fardo genético es la reducción de la aptitud de una población causada por alelos perjudiciales. Comprende un componente realizado, expresado a través de la homocigosidad como depresión por consanguinidad (b_F), y un componente oculto, el fardo consanguíneo individual (IL), que representa alelos recesivos deletéreos presentes en forma heterocigota y refleja el potencial de cada ancestro para causar depresión consanguínea. Este estudio tuvo como objetivo estimar conjuntamente la depresión consanguínea (b_F) y el fardo consanguíneo individual (IL) para el número de gazapos nacidos vivos (NBA) en conejos Pannon White, considerando tanto los efectos de consanguinidad maternos ($b_{F_{doe}}$, IL_{doe}) como los de la camada ($b_{F_{lit}}$, IL_{lit}) dentro de un único modelo. Se analizaron un total de 33.521 registros de partos de 7.594 hembras y un pedigrí de 43.858 animales. El promedio de NBA fue de $7,02 \pm 3,43$, y los coeficientes medios de consanguinidad fueron $0,05 \pm 0,04$ para las hembras y $0,06 \pm 0,05$ para las camadas. Se aplicó un modelo lineal mixto bayesiano, en el cual la consanguinidad se descompuso en coeficientes parciales, y IL_{doe} e IL_{lit} se estimaron como efectos aleatorios independientes. El muestreo de Gibbs se ejecutó durante 10.000.000 de iteraciones, descartándose las primeras 4.000.000 como periodo de calentamiento y reteniendo una de cada diez iteraciones. La convergencia se evaluó mediante el diagnóstico de Geweke, y los parámetros se resumieron mediante sus medias posteriores e intervalos de máxima densidad posterior (HPD) del 95%. Ambas estimaciones de depresión consanguínea fueron negativas, con medias posteriores y HPD95% de $-2,99$ [$-5,48, -0,49$] y $-5,17$ [$-6,89, -3,48$] gazapos por cada 100% de consanguinidad para hembras y camadas, respectivamente. La varianza genética aditiva fue $\sigma_a^2 = 0,56$ [$0,40, 0,73$]. La varianza de la IL materna ($\sigma_{idoe}^2 = 118,47$ [$6,83, 261,55$]) superó a la de la IL de camada ($\sigma_{ilit}^2 = 72,24$ [$2,22, 179,99$]), lo que sugiere una mayor heterogeneidad entre los componentes maternos que contribuyen a la IL. Estos valores de varianza se refieren a un hipotético individuo con un 100% de consanguinidad, una situación prácticamente imposible. Tras reescalar a un individuo con un coeficiente de consanguinidad de 0,1, más representativo de escenarios reales, los valores de varianza correspondientes son 1,18 y 0,72, respectivamente. La varianza del efecto rebaño-año-estación fue $\sigma_h^2 = 0,25$ [$0,19, 0,32$], la varianza ambiental permanente $\sigma_p^2 = 0,98$ [$0,82, 1,15$], y la varianza residual $\sigma_e^2 = 9,80$ [$9,64, 9,97$]. Estos resultados demuestran que tanto la consanguinidad materna como la de la camada contribuyen significativamente a la depresión consanguínea en el rendimiento reproductivo. El modelado conjunto del IL materno y de camada proporciona un marco robusto para cuantificar la carga por consanguinidad y destaca la importancia de considerar ambos componentes para mitigar la depresión consanguínea mientras se mantiene el progreso genético.

Keywords: Modelo lineal mixto bayesiano, fardo consanguíneo individual, depresión endogámica

Agradecimientos: Los autores agradecen la aportación financiera por parte de NKFI del proyecto 150863 (ADVANCED)