

Historia demográfica y depresión consanguínea en caracteres reproductivos de una población de cerdo ibérico a partir de medidas genómicas

Raúl López de la Torre^{1,2*}; Silvia García-Ballesteros¹; Almudena Fernández¹; Armando Caballero³; María Saura⁴; Beatriz Villanueva^{1,†}; Jesús Fernández^{1,†}

¹ INIA-CSIC, Ctra de la Coruña km 7.5, 28040 Madrid

² EDUAM, Universidad Autónoma de Madrid, 28049 Madrid

³ Centro de investigación Mariña, Universidade de Vigo, 36310 Vigo

⁴ IIM-CSIC, Rúa de Eduardo Cabello 6, 36208 Vigo

[†]Estos autores contribuyeron por igual a este trabajo

* Corresponding author: raul.lopez@inia.csic.es

Resumen

El cerdo ibérico desempeña un papel relevante tanto a nivel productivo como en el mantenimiento de los ecosistemas de dehesa del suroeste de la península ibérica. La pira experimental “Dehesón del Encinar”, donde se conserva la estirpe Torbiscal, representa un recurso estratégico para la preservación de la diversidad genética de esta raza. La estirpe Torbiscal surgió a partir de la fusión de cuatro poblaciones ancestrales, consolidándose como estirpe diferenciada en 1964. Las estimaciones genómicas previas del censo efectivo histórico de esta estirpe se basaron en el desequilibrio de ligamiento y utilizaron metodologías fundamentadas en la hipótesis de que los eventos demográficos ocurridos en una generación no influyen en las generaciones posteriores. Este supuesto solo se cumple bajo cambios lineales en el tamaño poblacional, lo cual puede no reflejar con precisión las complejas historias demográficas de muchas poblaciones. Recientemente, se ha desarrollado un nuevo método, que utiliza información de todo el espectro del desequilibrio de ligamiento a lo largo de un amplio rango de tasas de recombinación entre marcadores, permitiendo la estimación conjunta del censo efectivo en generaciones sucesivas, mejorando la capacidad para detectar cambios abruptos o no lineales en el tamaño poblacional y proporcionando una visión más precisa de la historia demográfica. Asimismo, las poblaciones de tamaño reducido son especialmente susceptibles a la acumulación de consanguinidad, lo que puede comprometer caracteres relacionados con la eficacia biológica debido a la depresión consanguínea. La información genómica permite identificar mejor este efecto y detectar regiones específicas del genoma responsables de la depresión para estos caracteres. El objetivo de este trabajo fue estimar el censo efectivo histórico de la estirpe Torbiscal y caracterizar la depresión consanguínea asociada al número de nacidos vivos (NV) mediante enfoques basados tanto en información genealógica como genómica. Para ello, se utilizó la genealogía completa de 4.100 individuos registrada durante 67 años, correspondiente a 23 cohortes. Además, se dispuso de genotipos de 462 individuos obtenidos mediante el chip Illumina Porcine SNP60 BeadChip y de 7.036 registros fenotípicos de NV correspondientes a 2.012 cerdas. El censo efectivo histórico se estimó utilizando el software GONE. La depresión consanguínea sobre el carácter NV se evaluó mediante un modelo animal mixto con medidas repetidas, utilizando como covariable la consanguinidad de las hembras con registro fenotípico. Se analizaron diferentes combinaciones de matrices de relaciones aditivas y coeficientes de consanguinidad derivados tanto de información genealógica como genómica. Se realizó además un análisis cromosoma a cromosoma con el fin de detectar regiones genómicas asociadas a efectos diferenciales de la consanguinidad. Los resultados revelaron una marcada reducción del censo efectivo aproximadamente 15 generaciones atrás, coincidiendo con la fundación de la estirpe Torbiscal, seguida de una recuperación hace 7 generaciones, asociada a la implementación de estrategias como apareamientos de mínimo parentesco. Además, se detectó un efecto global de depresión consanguínea sobre el carácter NV y señales localizadas en 4 cromosomas.

Keywords: Censo efectivo, Depresión consanguínea, Cerdo ibérico.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, España (proyectos FPI PRE2021-096997, PID2020-114426GB-C2 y PID2024-159759OB-C21)

