

GENEALOGÍA, MARCADORES Y DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA EN LA PIARA IBÉRICA DEL DEHESÓN DEL ENCINAR

Toro¹, M.A. y Rodrigáñez², J.

¹Depto. de Producción Agraria, UPM, Madrid

²Dpto. Mejora Genética, INIA, Madrid
miguel.toro@upm.es

INTRODUCCIÓN

La preocupación por el cálculo de los coeficientes de consanguinidad y parentesco así como por sus consecuencias, la depresión consanguínea, ha sido una constante en el manejo de la piara de cerdos ibéricos del 'El Dehesón'. Preocupación materializada en el empleo de estrategias de elección de reproductores y de apareamientos que minimicen los riesgos de la depresión. Dichos cálculos, que fueron manuales hasta los años 70 prosiguieron con metodologías más sofisticadas (bayesianas, programación lineal, goteo de genes). De forma análoga, los primeros análisis moleculares, basados en isoenzimas, se continuaron con marcadores de ADN: RAPDs, AFLPs, microsatélites y a partir de los años 90, con las plataformas de genotipado de SNPs. El análisis de secuencias será la próxima etapa de estos estudios. En esta comunicación se revisan algunas de las aportaciones realizadas en estos estudios en la perspectiva de un posible regreso de la piara a su lugar de origen.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evolución de los coeficientes de parentesco y consanguinidad genealógicos. El análisis genealógico es el instrumento clásico para estudiar la evolución esperada de la variabilidad genética en una población mediante los conceptos de parentesco y consanguinidad. Suele resumirse en el concepto de censo efectivo aunque en su origen este concepto tenía un significado asintótico referido a un sistema regular de apareamientos. Hay varios métodos para calcular el parentesco y la consanguinidad: a) coeficientes de sendero de Wright; b) método tabular, que siendo muy antiguo, ha sido popularizado con la llegada de los modelos mixtos de evaluación genética; c) método de las contribuciones genéticas; d) 'goteo de genes' (gene-dropping), que es el que proporciona más información aunque a costa de un mayor coste computacional. Tras los primeros análisis de Odriozola (1976), estudios genealógicos más exhaustivos, incluyendo el parentesco debido al cromosoma X, se publicaron al comienzo de este siglo (Toro et al., 2000; Fernández et al., 2002). En el primero se estudió el pedigrí completo de la estirpe Guadyerbas procedente de 24 animales fundadores. La tasa de aumento de la consanguinidad fué de 2,21% por cohortes trianuales ($N_e = 22,62$) o 0,91% por año. En el segundo trabajo se extendió a otras estirpes el análisis de las contribuciones al parentesco de fundadores y no fundadores. En la Figura 1 se representa la evolución a lo largo de su historia de parentesco y consanguinidad en las estirpes actualmente conservadas.

Análisis genealógicos más complejos: Partición del parentesco y la consanguinidad. Es posible una partición fina del parentesco y de la consanguinidad (revisado en García-Cortés et al., 2010), de forma que pueda calcularse de una forma exacta la parte de estos coeficientes (bien sea de un individuo o de un cohorte) atribuible a cada uno de sus ancestros. Con este enfoque se analizaron tres de las estirpes de la piara (Guadyerbas, Gamito y Torbiscal) que comparten algunos de sus fundadores (Rodrigáñez et al., 1998). Los resultados indican la importancia genética de una fundadora (Ruperta), con una contribución proporcional a las poblaciones estabilizada en valores respectivos de 0,18, 0,29 y 0,09. La proporción, atribuible a esta fundadora, de la consanguinidad media de las camadas nacidas en estas poblaciones es 0,19, 0,33 y 0,10, respectivamente.

Parentesco y consanguinidad molecular I: Microsatélites. A mediados de los años 90 se consideraban los microsatélites como los marcadores idóneos para estudiar el parentesco o la consanguinidad molecular. Una comparación entre el parentesco basado en la información molecular y el genealógico se llevó a cabo genotipando 62 cerdos (Toro et al., 2002; Alves et al., 2008) para 49 microsatélites. Se compararon ocho estimadores de la similaridad molecular con los valores genealógicos. Aunque los estimadores subestimaban de forma sustancial los valores genealógicos la

correlación era alta (0,78 - 0,93) aunque disminuía cuando los animales de distintas estirpes se analizaban separadamente (0,49 - 0,69 en Guadyerbas y 0,37 - 0,47 en Torbiscal). Las simulaciones complementarias indicaban que el desconocimiento de las frecuencias de la población base podrían explicar este sesgo.

Aunque el parentesco y la consanguinidad molecular son los componentes clásicos de las medidas de diversidad genética, la riqueza alélica tiene asimismo importancia en la genética de la conservación. En el estudio de Rodrigáñez et al. (2008) se compararon métodos de análisis de diversidad genética y riqueza alélica. Se genotiparon para 18 microsatélites (uno por autosoma) un total de 68 jabalíes y 234 cerdos domésticos de las razas Duroc e Ibérico, incluyendo 63 animales de las líneas Torbiscal y Guadyerbas. Los resultados indican que la ordenación de estas poblaciones de acuerdo a sus contribuciones a la diversidad total se modifica en función de los criterios empleados, ya que diversidad genética y riqueza de alelos privados no contemplan el mismo tipo de diversidad.

Parentesco y consanguinidad molecular II: SNPs. Las técnicas de genotipado de alta densidad ofrecen nuevas perspectivas en la gestión genética de poblaciones amenazadas. Estos estudios se iniciaron en 'El Dehesón' genotipando para 20.652 SNPs 51 animales Torbiscal generados por una combinación de apareamientos de máximo y de mínimo parentesco para disponer de una amplia dispersión de la consanguinidad. Se observó una correlación alta entre los coeficientes de consanguinidad genealógica y los calculados a partir de los SNPs ($r = 0,814 - 0,919$), aunque unos 200 de frecuencias intermedias proporcionaban una correlación satisfactoria en este escenario (Silió et al., 2013). En un estudio posterior se genotiparon 35.519 SNPs en los reproductores de la estirpe Guadyerbas nacidos entre 1992 y 2001. El parentesco molecular computado con SNPs es un mejor predictor del parentesco genealógico que el obtenido con microsatélites (Saura et al., 2013). Este estudio y otro paralelo realizado en Torbiscal (Silió et al., 2016) confirmaron que las tasas de cambio en parentesco genealógico y por tanto el censo efectivo fueron muy similares a las estimadas con datos moleculares. Recientemente, Gomez-Raya et al. (2015) han desarrollado nuevas medidas de la consanguinidad incorporando la longitud de los ROH (Runs of Homozigosity) como variable aleatoria y calculando varios parámetros asociados con la función de densidad de esta variable. A partir de datos de 217 cerdas Torbiscal genotipadas para 35.023 SNPs se encontró que la correlación entre la mayor parte de los coeficientes de consanguinidad basados en estas nuevas medidas y los genealógicos oscila entre 0,60 y 0,70.

Estudios sobre la depresión consanguínea. Uno de los objetivos de los análisis genealógicos es la estima de la depresión consanguínea, que se ha abordado también en casi todos los trabajos anteriores. Aunque el tema había sido ya tratado por Odriozola (1976), un trabajo más extenso se llevó a cabo analizando el número de lechones nacidos vivos entre 1974 y 1984 en 4.657 camadas. Los resultados indicaban una disminución de entre 0,14 y 0,35 lechones por cada 10% de incremento de la consanguinidad (Toro et al., 1988). Utilizando información molecular como medida de la 'homocigosidad realizada', Silió et al. (2013) eligieron un panel de 192 SNPs de frecuencias intermedias genotipados en 322 lechones para estimar la depresión en el crecimiento post-destete. Por cada 10% de aumento de la consanguinidad molecular, se observaron efectos negativos de -4,25% y -1,81% sobre la ganancia diaria y el peso a 90 días, respectivamente. En un estudio posterior en la estirpe Guadyerbas (Saura et al., 2015) se genotiparon 109 cerdas, con datos de lechones nacidos y nacidos vivos, para 51.127 SNPs. La depresión consanguínea se estimó utilizando tres medidas de consanguinidad: a) a partir del pedigrí; b) a partir de los SNPs y c) a partir de los ROHs, detectándose una depresión consanguínea significativa con las tres medidas. Además la información genómica permitió identificar una región en el cromosoma 13 asociada con la depresión solapante con una región en la que previamente se habían localizado un QTL para tamaño de camada. En el estudio más reciente, Silió et al. (2016) analizaron 6.854 camadas Torbiscal que mostraron un impacto negativo significativo de la consanguinidad reciente como se esperaba de acuerdo con la hipótesis de la purga: -0,20 lechones nacidos por camada por un 10% de consanguinidad reciente.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, E., Barragán, C & Toro, M.A. 2008. SJAR 6: 248-251.
- Fernández, A., Rodrigáñez, J., Toro, M.A., Rodríguez, M.C & Silió, L. 2002. J. Anim. Sci. 80: 2267–2275.
- Gacia-Cortés, L., Martínez-Ávila, J.C. & Toro, M.A. 2010. Conserv. Genet. 11: 1945–1952.
- Gomez-Raya, L., Rodríguez, C., Barragán, C. & Silió, L. 2015. Genet. Sel. Evol. 47: 81
- Odriozola, M. 1976. IRYDA, 146 pp
- Rodrigáñez, J., Toro, M.A., Rodríguez, C. & Silió, L. 1998. ITEA 94: 316-324
- Rodrigáñez, J., Barragán, C., Alves, E., Gortázar, C., Toro, M.A. & Silió, L. 2008. SJAR 6: 107-115.
- Saura, M., Fernández, J., Rodríguez, M.C., Toro, M.A., Barragán, C., Fernández, A.I. & Villanueva, B. 2013. PLOS ONE 8(10):e78314.
- Saura, M., Fernández, A., Varona, L., Fernández, A.I., de Cara, M.A.R, Barragán, C. & Villanueva, B. 2015. Genet. Sel. Evol., 47:1
- Silió, L., Rodríguez, M.C., Fernández, A., Barraqán, C., Benítez, R., Óvilo, C. & Fernández, A.I. 2013. J. Anim. Breed. Genet. 130: 349–360.
- Silió L, Barragán, C, Fernández, A.I, García-Casco J. & Rodríguez, M.C. 2016, J. Anim. Breed. Genet. 133:145-54.
- Toro M.A., Silió, L., Rodrigáñez, J. & Dobao, M.T.I. 1988. Anim. Prod. 46: 79-85.
- Toro, M.A., Barragán, C., Rodrigáñez, J., Rodríguez, M.C. & Silió, L. 2002. Conserv. Genet. 3: 309-320.
- Toro, M.A., Rodrigáñez, J., Silió, L. & Rodríguez, C. 2000. Conserv. Biol. 14: 1843-1851.

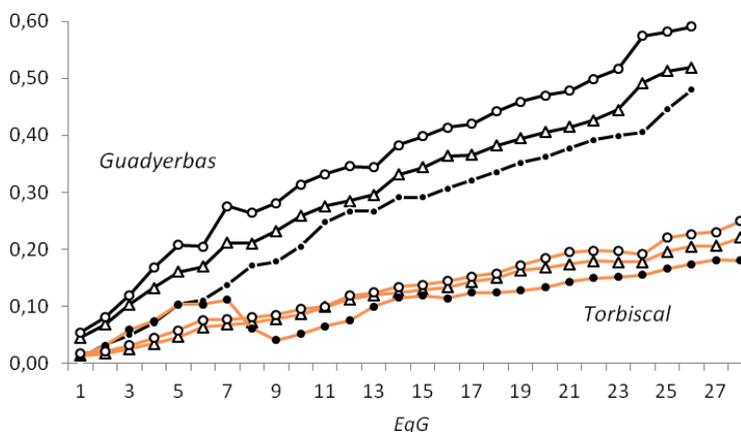


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad (F , ●), parentesco (f , Δ) y parentesco para genes del cromosoma X (f_x , \circ) en sucesivas generaciones de *Guadyerbas* y de *Torbiscal* ($EqG \geq 9$) y sus estirpes fundadoras ($EqG < 9$)

GENEALOGY, MARKERS AND INBREEDING DEPRESSION IN THE ‘EL DEHESÓN’ IBERAN PIG HERD

ABSTRACT: Concern about the calculation of coefficients of consanguinity and kinship as well as their consequences, inbreeding depression, has been constant in the management of El Dehesón herd. Concern that has materialized in the implementation of reproductive and mate selection strategies that minimize the risks of depression. These calculations, which began to be manual until the 1970s, were implemented using the most sophisticated methodologies (Bayesian, linear programming, gen dropping). Similarly, the first molecular analysis, based on enzymatic markers, were continued with the classical molecular markers, RAPD, microsatellites and from the 90s, with the platforms of high density genotyping. Sequence analysis will be the next step in these studies. In this communication we review some of the contributions made with these studies if, as we hope, the herd recovers again.

Keywords: Iberian pig, genealogical analysis, microsatellites, SNPs