ITEA (2004), Vol. **100A N.° 3,** 188-191

CONTROL DE LA CONSANGUINIDAD EN PROGRAMAS DE SELECCIÓN EN ACUICULTURA

J. Fernández, L. Vega, M.A. Toro

Departamento de Mejora Genética Animal
INIA, Carretera La Coruña Km. 7, 28040 Madrid
jmj@inia.es • toro@inia.es

Introducción

La respuesta a la selección artificial depende, entre otros factores, de la intensidad de selección y de la precisión en la estimación del mérito genético. Dada la gran capacidad reproductiva de los organismos utilizados en Acuicultura, en los programas de mejora se pueden aplicar altas intensidades de selección. Además, puesto que las familias pueden ser muy grandes, la utilización de información familiar permite evaluaciones muy precisas incluso para caracteres de baja heredabilidad.

Como contrapartida, estas mismas características reproductivas, junto con las dificultades para llevar a cabo un control de las genealogías, conllevan que puedan existir graves problemas de consanguinidad, ya que una sola pareja puede ser suficiente para obtener todos los individuos de la población en la siguiente generación. Aunque hay pocas estimas de la depresión consanguínea en organismos acuáticos, parece que sus efectos deletéreos parecen similares a los que ocurren en poblaciones ganaderas (LÓPEZ-FANJUL y TORO, 1990) y, además, la pérdida de variabilidad asociada puede comprometer tanto la selección a largo plazo como la posible respuesta si se decidiera modificar el objetivo de selección. Por último, aunque la predicción de la respuesta a la selección cuando se usan evaluaciones con información familiar es bien conocida (FALCONER y MACKAY, 1996), la predicción de las tasas de consanguinidad asociada está menos desarrollada.

Durante los últimos años se han propuesto muchas estrategias para controlar la consanguinidad en programas de selección (TORO y PÉREZ-ENCISO, 1990; FERNÁNDEZ y TORO, 1999; VILLANUEVA *et al.*, 2004). El objetivo es o bien reducir la tasa de consanguinidad manteniendo el mismo (o superior) nivel de respuesta o bien incrementar la respuesta pero manteniendo un nivel prefijado de consanguinidad. Las estrategias propuestas se basan en: a) modificar el número de individuos seleccionados y su contribución a la siguiente generación; b) modificar el método de estimación del valor mejorante; c) implementar un adecuado sistema de apareamiento.

El objetivo del presente trabajo es simular una estructura familiar similar a la que ocurre en programas de selección en Acuicultura y: a) evaluar el mérito genético y el parentesco promedio de los individuos seleccionados asumiendo selección por truncamiento; b) establecer si existen soluciones alternativas respecto a los animales que hay que seleccionar de forma

que se obtenga una respuesta genética razonable sin que se incremente en exceso el parentesco promedio.

Métodos

Se ha simulado, con el modelo estadístico infinitesimal, un carácter cuantitativo (de media 50 y varianza fenotípica 100) con unos determinados parámetros h^2 y c^2 y una estructura familiar de hermanos y medios hermanos, asumiendo que M padres se aparean cada uno con F/M madres y de cada apareamiento se obtienen N hijos, la mitad de cada sexo. Se ha asumido una intensidad de selección tal que de los M x N/2 hijos de cada sexo se seleccionan M machos o F hembras, esto es: que la estructura familiar se mantiene para la siguiente generación. Se han simulado dos situaciones: a) un esquema con M = F = 25 y N = 100 hijos por familia, en el que sólo existe hermanos (esquema FS); b) M = 10, F = 50 (5 hembras por cada macho) y N = 50, en el cual existen familias de hermanos y medios hermanos (esquema HS). La evaluación genética se hace mediante un índice familiar que, en estas situaciones sencillas, equivale al BLUP.

Para encontrar esquemas alternativos a la hora de elegir los individuos seleccionados se ha utilizado un algoritmo de *simulted annealing* (FERNÁNDEZ y TORO, 1999). La idea es identificar a los individuos seleccionados de forma que se maximice una combinación del mérito genético y del parentesco entre los seleccionados tal que $\bar{x} - \lambda\bar{f}$ sea máximo, siendo $\bar{x}$ la media del mérito genético estimado, $\bar{f}$ el parentesco medio de los individuos seleccionados y λ la importancia relativa que damos al mantenimiento de valores bajos de parentesco.

Resultados y discusión

En el cuadro 1 se presentan los datos del mérito genético promedio de los individuos seleccionados y de su parentesco global (incluyendo el parentesco de un individuo consigo mismo) para distintas situaciones (FS y HS), distintos valores de los parámetros genéticos (heredabilidades y ambiente común) y métodos de selección (por índice o fenotípica). Puede observarse que la respuesta utilizando un índice puede duplicar la que se obtiene con selección fenotípica pero, en contrapartida, el parentesco puede hasta multiplicarse por nueve.

La inclusión en la función a optimizar de un término dependiente del parentesco de los individuos seleccionados genera soluciones que, si bien rinden menos respuesta, aseguran niveles de parentesco más reducidos. Este efecto puede observarse en la figura 1, donde se representa la relación entre el parentesco y la respuesta a la selección según aumentamos el valor de λ, para el esquema HS y diferentes valores de la heredabilidad (h^2) y el ambiente común (c^2). El hecho de que la relación entre la respuesta y el parentesco no sea lineal pone de manifiesto que es atractivo, desde un punto de vista práctico, buscar una solución en la que se mantenga una respuesta razonable sin comprometer el esquema porque se genere un exceso de consanguinidad. En el cuadro 1, por ejemplo, se presentan soluciones alternativas (bajo el encabezamiento I*) en las que una disminución de la respuesta del 2 - 18% se ve acompañada de un reducción del parentesco del 38 - 80%. Una observación inte-

Cuadro 1. Respuesta esperada y parentesco entre los individuos seleccionados bajo diferentes esquemas

			Respuesta			Parentesco de seleccionados		
	h^2	c^2	Índice	I*	Fenotipo	Índice	I*	Fenotipo
FS	0,10	0	4,46	3,77	2,27	0,18	0,05	0,02
		0,05	3,51	2,87	2,27	0,17	0,04	0,03
		0,10	3,09	2,52	2,28	0,15	0,03	0,03
	0,25	0	8,07	7,45	5,76	0,15	0,06	0,03
		0,05	7,21	6,64	5,74	0,14	0,05	0,03
		0,10	6,65	6,14	5,72	0,13	0,04	0,04
HS								
	0,10	0	4,16	3,78	2,35	0,14	0,06	0,03
		0,05	3,42	3,02	2,33	0,13	0,05	0,03
		0,10	3,13	2,72	2,31	0,13	0,05	0,04
	0,25	0	7,57	7,41	5,78	0,13	0,08	0,04
		0,05	6,92	6,63	5,78	0,12	0,07	0,04
		0,10	6,55	6,27	5,77	0,11	0,06	0,04

FS: sólo hermanos; HS, hermanos y medios hermanos; h^2: heredabilidad; c^2: ambiente común; I*: selección por índice con restricción en el parentesco.

resante es que si el factor limitante en un programa es el mantenimiento de altos niveles de diversidad genética (muy bajos niveles de parentesco y consanguinidad), una recomendación apropiada sería la de realizar selección fenotípica, porque bajo estas condiciones el comportamiento es prácticamente idéntico al obtenido mediante BLUP (ver figura 1).

Conclusiones

Hemos tratado de mostrar que en programas de selección en Acuicultura, si se utilizan adecuados métodos de optimización, es posible mantener unos niveles muy aceptables de respuesta manteniendo al mismo tiempo un control de la consanguinidad de forma que se evite un deterioro de la eficacia biológica a corto plazo y una respuesta continuada a medio plazo para el objetivo de selección.

El trabajo iniciado va a continuarse en el sentido de extender el número de generaciones estudiado y el implementar métodos más sofisticados como modificar las contribuciones de los individuos seleccionados a la siguiente generación de forma que pueda reducirse el parentesco pero aumentando además la respuesta.

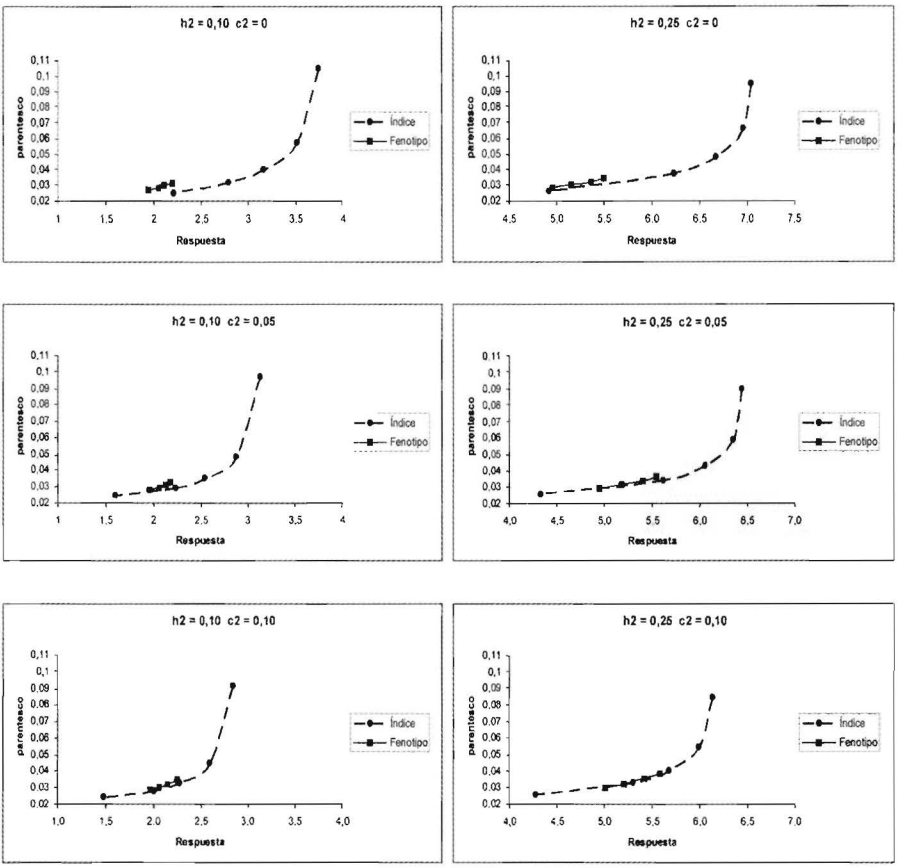


Figura 1. Respuesta esperada y parentesco entre los individuos seleccionados por su valor para el índice o su fenotipo con diferentes niveles de restricción sobre el parentesco generado (λ).

Bibliografía

FALCONER D.S., MACKAY, T.F.C., 1996. *An Introduction to Quantitative Genetics*. 4th edition. Longman. Harlow, England.

FERNÁNDEZ J., TORO M.A., 1999. The use of mathematical programming to control inbreeding in selection schemes. J. Anim. Breed. Genet. 116: 447-466.

LÓPEZ-FANJUL C., TORO M.A., 1990. *Mejora genética de peces y moluscos*. Mundi-Prensa. Madrid.

TORO M.A., PÉREZ-ENCISO M., 1990. Optimization of response under restricted inbreeding. Genet. Sel. Evol., 22: 93-107.

VILLANUEVA B., PONG-WONG R., WOOLLIAMS J.A., AVENDAÑO S., 2004. Managing genetic resources in selected and conserved populations. In: *Farm Animal Genetic Resources*.