ESTUDIO DE LA PRESENCIA DE UN GEN MAYOR CON EFECTO SOBRE LA CAPACIDAD UTERINA EN CONEJAS OVARIECTOMIZADAS UNILATERALMENTE

M.J. Argente[1], J.A. Ortega[2], C.S. Haley[3], P.M. Visscher[4], A. Blasco[2]
[1]Universidad Miguel Hernández. Departamento de Tecnología Agroalimentaria. Carretera de Beniel Km 3,2. Orihuela 03312. Alicante. España
[2]Universidad Politécnica de Valencia. Departamento de Ciencia Animal. P.O. Box 22012. Valencia 46071. España
[3]Roslin Institute, Roslin, Midlothian, EH25 9PS. Edinburgh. UK
[4]Institute of Cell, Animal and Population Biology, Ashworth Laboratories, West Mains Road, University of Edinburgh, EH9 3JT. Edinburgh. UK

INTRODUCCION

La selección por capacidad uterina se propuso como un método alternativo a la selección directa por tamaño de camada (Blasco et al., 1994). En un experimento de selección divergente por capacidad uterina en conejo, Ortega et al. (2001) encontraron una fuerte respuesta asimétrica en las cuatro primeras generaciones de selección para capacidad uterina y número de embriones implantados, sugiriendo la posible existencia de un gen mayor. Se han detectado genes mayores o QTLs que afectan al tamaño de camada y a sus componentes, la tasa de ovulación y la capacidad uterina (Rohrer et al., 1999, en cerdo; Messer et al., 1999, en ratón). El objetivo de este trabajo es analizar en las líneas del experimento de selección divergente por capacidad uterina la posible presencia de un gen mayor relacionado con la capacidad uterina en conejo.

MATERIAL Y METODOS

Se utilizaron los datos de un experimento de selección divergente por capacidad uterina realizado durante diez generaciones. La capacidad uterina se estimó como el tamaño de camada en hembras ovariectomizadas unilateralmente (ULO). Cada línea divergente (ULO+, línea de alta capacidad; ULO-, línea de baja capacidad uterina) tuvo aproximadamente 40 hembras y 12 machos por generación. Los animales procedieron de la 12ª generación de una línea sintética seleccionada por número de gazapos destetados (línea V). A todas las hembras se les extirpó su ovario izquierdo antes de alcanzar su pubertad, y se les practicó una laparoscopía a los 12 días de su segunda gestación para contar la tasa de ovulación y el número de embriones implantados. Se registró el número de nacidos totales en los cuatro primeros partos (CU), la tasa de ovulación a los 12 días de la 2ª gestación (TO, estimada como el número de cuerpos lúteos) y el número de embriones implantados a los 12 días de la 2ª gestación (EI, estimado como el número de puntos de implantación).

Se realizó un análisis de segregación compleja en el que se utilizó un modelo mixto con los efectos no genéticos de año-estación (30 niveles) y de lactación (3 niveles), y los efectos genéticos de los poligenes y de un gen mayor. Para el carácter CU se añadió al modelo el efecto permanente de hembra. Se asumió que el gen mayor era bialélico, y que podía tener un efecto aditivo (a) y un

efecto dominante (d). Se utilizó el paquete estadístico MaGGic (Janss et al., 1995). La inferencia estadística se realizó a través de la estimación de las distribuciones marginales posteriores vía Gibbs sampler. Se asumieron distribuciones a priori planas para los efectos no genéticos y los efectos del locus del gen mayor entre $(-\infty; +\infty)$, entre $[0; +\infty)$ para los componentes de varianza, y entre [0;1] para las frecuencias alélicas. Se generaron dos cadenas de una longitud de 500.000 muestras. Se eliminaron las primeras 300.000, y el intervalo de muestreo se realizó cada 25 iteraciones. El procedimiento satisfizo las recomendaciones de Raftery y Lewis (1992), salvo para la cadena de TO. Se comprobó la convergencia de las cadenas con el test de Gelman y Rubin (1992).

RESULTADOS Y DISCUSION

La figura 1 muestra la existencia de varianza poligénica en capacidad uterina (CU), y no se detecta ningún gen mayor segregando. La CU se mide como el tamaño de camada en los cuatro primeros partos, y el MaGGic sólo asume la posible presencia de un gen mayor bialélico. No detectar la presencia de un gen mayor para CU, a pesar de la fuerte respuesta asimetría encontrada por Ortega et al. (2001), puede deberse a la existencia de uno o varios genes mayores pero de efecto moderado, o a que la magnitud del efecto del gen mayor sea diferente en cada parto. Analizando los cuatro partos por separado, sólo se detectó la presencia de un gen mayor en los dos primeros (estos resultados podrían estar sesgados). También en porcino, Janss et al. (1997) encontraron un gen mayor en el primer parto, pero no hallaron ningún gen mayor en el segundo parto. La mala convergencia de las cadenas no permite identificar ningún gen mayor para tasa de ovulación (TO) (figura 1). El carácter embriones implantados (EI) muestra la presencia de un gen mayor (con una probabilidad del 90%), junto con la presencia de varianza poligénica (figura 1). El alelo desfavorable para EI se encuentra en una frecuencia de 0.30(0.07). Este gen tiene un elevado efecto aditivo (3.14(0.32) gazapos) y parece ser completamente dominante (a=d). La proporción de varianza debida al gen mayor es elevada, 0.15(0.08) considerando sólo la varianza aditiva del gen y 0.39(0.10) considerando la varianza aditiva y dominante del gen mayor (tabla 1). Se repitieron los mismos análisis en cada una de las líneas por separado. Los resultados fueron consistentes con los encontrados en el trabajo de Ortega et al. (2001) y los presentados en este trabajo.

Las líneas de este experimento procedían de una población previamente seleccionada por tamaño de camada (TC) durante 12 generaciones. En esta población se podría haber fijado o estar en una alta frecuencia el gen favorable para TC o CU, pues la CU parece estar altamente correlacionada con el TC (Argente et al., 2000). La selección del alelo favorable tendría una escasa respuesta, mientras que la selección del alelo desfavorable daría lugar a una elevada respuesta en las primeras generaciones de selección. Los resultados de nuestro trabajo sugieren que podría haber un gen mayor de gran efecto para EI segregando en nuestra población. Este sería responsable de la fuerte respuesta

asimétrica encontrada por Ortega et al. (2001) para el carácter EI, carácter relacionado con las diferencias observadas entre las líneas ULO+ y ULO- en CU.

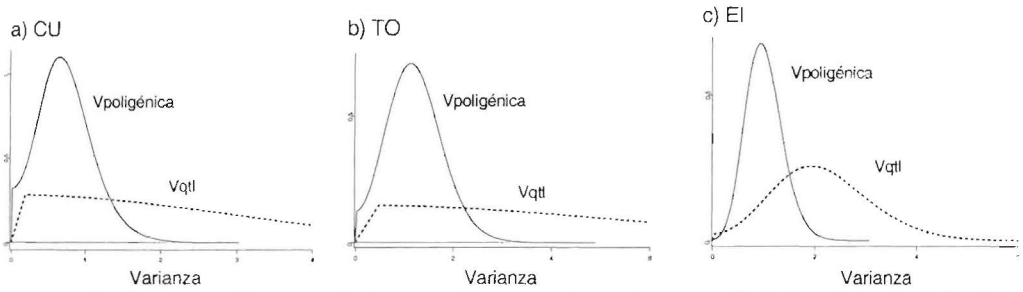


Figura 1. Distribución marginal posterior para la varianza poligénica (Vpoligénica) y la varianza del gen mayor (Vqtl) para capacidad uterina (CU), tasa de ovulación (TO) y embriones implantados (EI).

Tabla 1. Media y desviación estándar (DE) de la densidad marginal posterior para la capacidad uterina (UC), tasa de ovulación (TO) y el número de embriones implantados (EI).

	h^{2*} (DE)	h_{qtl}^2 (DE)	h_{qtl}^{2*} (DE)
CU	0.11(0.05)	0.08(0.10)	0.23(0.12)
TO	0.22(0.09)	0.12(0.13)	0.22(0.15)
EI	0.19(0.06)	0.15(0.08)	0.39(0.10)

h^{2*}: heredabilidad (Vpoligénica/Vtotal). h_{qtl}^2: heredabilidad del gen mayor (Va/Vtotal; con Va= varianza aditiva debida al gen mayor). h_{qtl}^{2*}: heredabilidad del gen mayor (Va+Vd/Vtotal; con Va= varianza aditiva debida al gen mayor y Vd= varianza dominante debida al gen mayor).

REFERENCIAS

Argente, M.J., Santacreu, M.A., Climent, A., Blasco, A. 2000. 7th World Rabbit Congress. Vol A:339-345.

Blasco, A., Argente, M.J., Haley, C.S. Santacreu, M.A. 1994. J. Anim. Sci. 72:3066-3072.

Gelman, A., Rubin, D.B. 1992. Statistical Science. 7:456-472.

Janss, L.L.G., Thompson, R., Van Arendonk, J.A.M. 1995. Theor. Appl. Genet. 91: 1137-1147.

Janss, L.L.G., Johan, A. M., Van Arendonk, J.A.M., Brascamp, E.W.P. 1997. J. Anim. Sci. 75: 2864-2876.

Messer, L., Mousel, M., Nielsen, M., Pomp, D. 1999. Plant & Animal Genome VII conference. 340.

Ortega, J.A., Santacreu, M.A., Argente, M.J., Blasco, A. 2001. AIDA. Vol. Extra 21(1).

Raftery, E.A., Lewis, S. 1992. Oxford University Press, Oxford. Pp 763-773.

Rohrer, G.A., Ford, J.J., Wise, T.H., Vallet, J.L., Christenson, R.K. 1999. J. Anim. Sci. 77:1385-1391.