DETECCIÓN DE QTL CON EFECTOS EN CARACTERES RELACIONADOS CON LA CAPACIDAD MATERNAL EN UN CRUCE F_2 ENTRE CERDO IBÉRICO Y MEISHAN

Anna Tomás[1], Luis Varona[2], Oscar Ramírez[1], Luis Gómez-Raya[2], M. Carmen Rodríguez [3], Armand Sánchez[1], José L. Noguera[2]

[1]Unitat de Genètica i Millora Animals, Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària, UAB. Bellaterra 08193, Spain.
[2]Àrea de Producció Animal, Centre UdL-IRTA, Lleida 25198, Spain
[3] Dpto. Mejora Genética Animal, SGIT-INIA, Madrid 28040, Spain

INTRODUCCIÓN

A lo largo de las dos últimas décadas los caracteres reproductivos han adquirido una creciente importancia en la mejora genética del ganado porcino. La mejora de los caracteres de reproducción podría ser incrementada si los genes que controlan los procesos fisiológicos subyacentes pudieran manipularse directamente y se aprovechara la gran variabilidad existente entre razas, fundamentalmente de aquellas con características reproductivas extremas. Con este fin, se ha realizado un cruce F_2 entre la línea Guadyerbas de cerdo Ibérico y una línea Meishan del INRA (Francia). El objetivo principal del proyecto es localizar zonas del genoma responsables de la expresión de caracteres relacionados con la reproducción en ganado porcino. El número de animales involucrados en el experimento es de 18 hembras Meishan y 3 machos Ibéricos, 108 hembras y 8 machos F_1 y 293 hembras F_2. Los caracteres registrados son: tasa de crecimiento, ritmo reproductivo, estado corporal durante la reproducción (5 ciclos), prolificidad y sus componentes, capacidad maternal y supervivencia de los lechones. Todos los individuos son genotipados para aproximadamente 100 microsatélites distribuidos uniformemente a lo largo del genoma. En el presente estudio se presentan resultados preliminares de detección de QTL en el cromosoma 9 para peso al nacimiento, peso al destete y asimetría de las tetinas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Extracción y cuantificación de ADN
El ADN de los animales parentales, F_1 y F_2 se obtuvo mediante un protocolo de extracción con solventes orgánicos a partir de muestras de sangre o cola. La calidad y cantidad del ADN extraído se comprobó mediante electroforesis en un gel de agarosa al 0,8%.

Amplificación de los microsatélites
Los microsatélites fueron seleccionados por su informatividad en los animales parentales mediante el índice de Ron (Ron *et al.*,1995). Las reacciones PCR para el genotipado de los individuos del pedigrí para los microsatélites seleccionados fueron realizadas en un termociclador automatizado ABI Prism 877 *Integrated Thermal Cycler* (Applied Biosystems). Los productos de PCR fueron sometidos a una electroforesis capilar y detección fluorescente en un equipo automatizado ABI Prism 3100 *Genetic Analyzer* (Applied Biosystems) y, posteriormente, analizados mediante el programa de análisis de fragmentos *GeneScan* (Applied Biosystems).
Los genotipos de los animales del pedigrí fueron almacenados en la base de datos GEMMA v4.05 (Iannucelli *et al*, 1996).

Análisis Estadístico
Se ha realizado un barrido a lo largo del cromosoma 9 utilizando el siguiente modelo de regresión:

$$y_{ijk} = S_i + F_j + c_a a + c_d d + e_{ijk}$$

donde y_{ijk} es la observación *ijk* , S_i es el efecto fijo asociado al sexo, F_j es el efecto fijo asociado a la familia de hermanos completos, *a* es el efecto aditivo y *d* el efecto de dominancia y e_{ijk} es el efecto residual. Los coeficientes c_a y c_d se calcularon del siguiente modo:

$$c_a = pr(QQ) - pr(qq) \text{ , y } c_d \text{ † } pr(Qq)$$

donde *pr(QQ)* es la probabilidad de ser homocigoto de origen Ibérico, *pr(qq)* es la probabilidad de ser homocigoto de origen Meishan y *pr(Qq)* es la probabilidad de ser heterocigoto.

Los umbrales de significación cromosómica al 5% y al 1% fueron de 5,222 y 7,716 respectivamente. Estos umbrales fueron calculados mediante técnicas de permutación de los datos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla 1 muestra los valores aditivos y de dominancia para cada uno de los QTL detectados en el cromosoma 9, próximos al microsatélite SW911 (32,8cM). La estimación de los efectos aditivos de los QTLs indican una superioridad media de los alelos Meishan del QTL para el carácter peso al destete; mientras que no se detectan efectos aditivos en el peso al nacimiento ni en la asimetría de las tetinas. Las estimas obtenidas obtenidas sugieren efectos de dominancia de los QTL para los tres caracteres.

Tabla 1. Estimas de los efectos aditivos (a), de dominancia (d) y error estándar para los QTLs del cromosoma 9 .—

Carácter	Posición (cM)	Fmáxima	a	s.e.	d	s.e.
Peso Nacimiento	32	5,65*	-0,03	0,02	0,08	0,03
Peso Destete	32	7,99**	-0,32	0,13	0,51	0,19
Asimetría Tetinas	33	7,6*	-0,08	0,08	0,40	0,11

*: p< 0.05, **:p< 0.01

Peso al nacimiento. Se ha detectado un QTL para peso al nacimiento significativo al nivel cromosómico del 5% en la posición 32cM. Paszek *et al.* (1999) encontraron un QTL significativo a nivel nominal para peso al nacimiento en el cromosoma 9 en la región comprendida por los marcadores SW911-SW511-SW989 que explicaría un 2,6% de la varianza fenotípica en un cruce Meishan x Yorkshire.

Peso al destete. El QTL detectado para peso al destete en la posición 32cM resultó significativo al nivel cromosómico del 1%. Malek *et al.* (2001) han sugerido la existencia de un QTL para ganancia media diaria hasta el destete en la posición 37cM, por lo que podría tratarse del mismo QTL.

Asimetría de las tetinas. Se ha detectado un QTL para asimetría fluctuante de tetinas en la posición 33cM con un nivel de significación cromosómica del 5%. Son muchos los QTL descritos para número de tetinas (Bidanel *et al.,* 2000; Rohrer, 2000; Hirooka *et al.*, 2001) pero ninguno, hasta el presente estudio, sobre la asimetría de tetinas. Este carácter, además de considerarse como un indicador del estrés genético y ambiental (Leary y Allendorf, 1989), puede ser utilizado en mejora genética para seleccionar los animales potencialmente más viables y productivos, generalmente aquellos que presentan mayor simetría (Manning y Ockenden, 1994). Sin embargo existe una cierta controversia sobre la naturaleza genética de la asimetría fluctuante. Clarke et al., (1992) indican que la asimetría fluctuante es un fenómeno esencialmente no aditivo afectado por dominancia y epistasia mientras que Fernández *et al.* (2002) confirmaron la presencia de efectos genéticos aditivos (significativamente distintos de cero aunque de pequeña magnitud) sobre la asimetría del número de mamas.

Este estudio ha sido financiado por el proyecto CYCIT AGL2000-1229-C03

BIBLIOGRAFÍA

Bidanel J.P., *et al.* 2000. *Journées de la Recherche Porcine en France* **32:** 369-383.
Clarke G.M., *et al.*1992. *Evolution* **46:** 753-762.
Fernández A. *et al.* 2002. *XI Reunión Nacional de Mejora Genética Animal.* Pamplona
Hirooka H., *et* al. 2001. *Journal of Animal Science* **79:** 2320-2326.
Iannucelli E., *et al.* 1996. *Proceedings of the International Society of Animal Genetics Conference.* Tours, Francia.
Leary R.L. y Allendorf F.W. 1989. *Trends Ecol. Evol* **4:** 214-217.
Malek M., *et al.* 2001. *Mammalian Genome* **12:** 630-636.
Manning J.T.y Ockenden L. 1994. *Nature* **370:** 185-186
Møller A.P. y Swaddle, J.P. 1997.*Oxford University Press*, Oxford.
Paszek A.A.,*et al.* 1999. *Mammalian Genome* **10:** 117-122.
Rohrer G.A. 2000. *Journal of Animal Science* **78:** 2547-2553.
Ron M., *et al* 1995. *Animal Genetics* **26:** 439-441.