EFECTOS DEL GEN PrP SOBRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y REPRODUCTIVOS EN LA RAZA OVINA RIPOLLESA[1]

J. Casellas[1], Piedrafita J.[1], Caja G.[1], Bach R.[3] y Francino O.[2]
[1]Grup de Recerca en Remugants, [2]Servei de Genètica Veterinària,
[1,2]Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra.
[3]Associació Nacional de Criadors d'Ovins de Raça Ripollesa, Monells, Girona.

INTRODUCCIÓN

El *locus* PrP ha merecido especial atención en ovino durante los últimos años dada su implicación en el control de la susceptibilidad al scrapie (Bossers et al., 1996). Este gen se localiza en el cromosoma 13 de los ovinos y hasta el momento se han descrito 5 alelos (ARR, ARQ, ARH, AHQ y VRQ), según el polimorfismo de los aminoácidos que se sitúan en los codones 136, 154 y 174 (A, Alanina; R, Arginina; H, histidina; V, Valina; Q, Glutámico), y entre los que ARR y VRQ son los alelos de mayor y menor resistencia al scrapie, respectivamente (Belt et al., 1995; Jeffrey et al., 2001). La actual legislación europea (Decisión de la Comisión, 2003/100/CE) establece que se debe realizar una selección favorable al alelo ARR a fin de reducir la susceptibilidad al scrapie en las razas ovinas europeas, aunque se conocen muy escasamente los efectos correlacionados que puedan producirse sobre otros caracteres de interés productivo. Algunos resultados sugieren que los efectos son específicos de cada raza, si bien la información disponible sobre las asociaciones con caracteres productivos en razas ovinas españolas es muy limitada (Parada et al., 2003; Ponz et al., 2004).

Este trabajo pretende explorar las asociaciones existentes entre los alelos del gen PrP y algunos caracteres productivos y reproductivos en ovinos de raza Ripollesa, raza autóctona catalana que se encuentra sometida a un programa de control de producciones y mejora genética (Guillaument y Caja, 2001).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 7 moruecos, 114 ovejas y 68 corderos de raza Ripollesa del rebaño experimental del S1GCE (Servei de Granges i Camps Experimentals) de la UAB en Bellaterra, que se genotiparon respecto al gen PrP en el Servei de Genetica Veterinaria de la UAB, mediante *primer extension analysis* en formato *multiplex* (SNaPshot Multiplex, Applied Biosystems) descrito por Alvarez et al. (2003). Además, se reconstruyó el genotipo de 24 animales a partir de datos genealógicos dado que sus padres eran homocigotos para el *locus* PrP. A partir del control de producciones se dispuso de los datos de peso al nacimiento (**PN**, n = 211) y peso a los 90 d de edad (**P90**, n = 164) de corderos, y de la fertilidad (**FE**, n = 408; 0 = oveja no parida y 1 = oveja parida) y prolificidad (**PR**, n = 364; 1 = parto simple y 2 = parto múltiple) de 88 ovejas. El modelo asumido para los caracteres reproductivos incluyó el efecto genético aditivo del animal, el efecto ambiental permanente caracterizado por la oveja, y como efectos sistemáticos, la edad de la oveja (<3, 3, 4, 5 y >5 años) y el año de parto (<2000, 2000, 2001, 2002, 2003 y 2004). El efecto de cada alelo PrP fue modelado como una covariable que tomaba como valor el número de copias

[1] Trabajo incluido en el convenio DARP-ANCRI-UAB.

del alelo que incluía el genotipo del animal. Por otro lado, los modelos del PN y P90 incluyeron también el sexo del cordero y el tipo de parto (simple o doble). Todos los caracteres fueron analizados con metodología bayesiana bajo un modelo animal univariante, lineal para PN y P90 y de umbral para FE y PR. Se asumió que PN y P90, así como la predisposición correspondiente a FE y PR (Sorensen et al., 1995), seguían una distribución $NMV(\mathbf{W\theta}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, donde **W** era la matriz de incidencia de efectos sistemáticos (**b**), permanentes (**p**) y genéticos aditivos (**a**), representados por el vector **θ**, **I** era una matriz de identidad y σ_e^2 la varianza residual. Las distribuciones *a priori* para **a** y **p** fueron $\mathbf{a} \sim NMV(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_a^2)$ y $\mathbf{p} \sim NMV(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_p^2)$, siendo **A**, la matriz de parentescos aditivos, y σ_p^2 y σ_a^2 las varianzas ambiental permanente y genética respectivamente. Se asumieron *a priori* planos para los restantes parámetros de los modelos (efectos sistemáticos, permanentes y componentes de varianza). Para cada carácter se lanzó una única cadena de 100.000 iteraciones, descartando las 10.000 primeras (Raftery y Lewis, 1992).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores medios de los datos fenotípicos fueron: FE = 89%, PR = 1.55 corderos/parto, PN = 3.24 kg y P90 = 19.89 kg. Sólo se observaron tres alelos PrP en los animales genotipados, siendo su frecuencia: ARR (0.39), ARQ (0.46) y ARH (0.14), tal como se resume en la **Tabla 1**. Aunque en el rebaño del S1GCE no se detectaron animales portadores de los alelos AHQ y VRQ, ambos han sido encontrados en otros rebaños de la raza Ripollesa en los que, según los datos disponibles actualmente, se presentan con unas frecuencias totales de 0.02 y 0.03, respectivamente (Programa Aries, MAPA, Madrid).

Tabla 1. Frecuencia de alelos PrP en la muestra de ovinos de raza Ripollesa.

	n	Frecuencias alélicas		
		ARR	ARQ	ARH
Moruecos y ovejas	121	0.34	0.53	0.13
Corderos	68	0.34	0.36	0.23
Animales con genotipo reconstruido	24	0.61	0.39	0.00
Total	213	0.39	0.46	0.14

Las distribuciones marginales posteriores para las diferencias entre los efectos de cada alelo incluyeron el valor cero dentro del intervalo de máxima probabilidad posterior al 95% (**IMPP95**) para todos los caracteres analizados con excepción de la PR (**Tabla 2**). Para este carácter, se observó que el alelo ARH era claramente favorable en relación con el ARQ, siendo la moda de ARH-ARQ igual a 0.51 unidades de varianza residual (IMPP95 = 0.08 a 0.97; Tabla 2). La diferencia entre ARH y ARR también sugirió una ventaja para el primero, aunque los umbrales del IMPP95 fueron -0.05 y 0.87, incluyendo la diferencia nula. Finalmente, la diferencia entre ARR y ARQ fue muy próxima a cero (Tabla 2). La PR predicha para la población considerada, asumiendo que todos los animales fuesen ARR/ARR, ARQ/ARQ o ARH/ARQ fue 1.59, 1.53 y 1.66 respectivamente (no se consideró la combinación ARH/ARH dado que no existía ningún animal en el rebaño con este genotipo).

La ventaja del alelo ARH también ha sido también sugerida en la raza Rasa Aragonesa (Ponz et al., 2004), geográficamente próxima a la Ripollesa, mientras que en las razas Texel y Suffolk se han descrito resultados opuestos (Alexander et al., 2003; Brandsma et al., 2004), no observándose asociaciones significativas entre el *locus* PrP y la prolificidad en las razas norteamericanas Columbia, Rambouillet y Hampshire (Alexander et al., 2003).

Tabla 2. Moda y umbrales del intervalo de máxima probabilidad posterior al 95 % (IMPP95) para las diferencias entre los efectos aditivos de cada combinación de alelos PrP.

Carácter	ARR – ARQ		ARR – ARH		ARQ – ARH	
productivo	Moda	IMPP95	Moda	IMPP95	Moda	IMPP95
Peso al nacimiento	0.03	-0.14 a 0.19	0.01	-0.20 a 0.22	-0.02	-0.23 a 0.19
Peso a 90 días	0.33	-0.60 a 1.26	-0.51	-1.66 a 0.81	-0.84	-2.03 a 0.53
Fertilidad	-0.14	-0.51 a 0.06	0.01	-0.41 a 0.44	0.15	-0.24 a 0.57
Prolificidad	0.10	-0.15 a 0.37	-0.41	-0.87 a 0.05	-0.51	-0.97 a -0.08

Considerando la variabilidad de los resultados publicados, parece razonable pensar que las influencias sobre la prolificidad ovina no se deben a efectos pleiotrópicos del gen PrP, sino a la influencia de algún otro *locus* ligado a éste.

De acuerdo con los resultados obtenidos, la selección a favor de ARR y en contra de ARH debería disminuir la prolificidad de los rebaños de raza Ripollesa, lo que representa un inconveniente que deberá ser compensado al aplicar los planes de selección en contra la susceptibilidad al scrapie, de acuerdo con las directrices establecidas por la Unión Europea.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alexander B.M., Stobart R.H., Russell W.C., O'Rourke K.I., Lewis G.S., Logan J.R., Duncan J.V. & Moss G.E. J. Dairy Sci. 83: 455-459.

Alvarez L., Arranz J.J. & San Primitivo F. 2003. ITEA Prod. Anim. 24 (vol. extra): 480-482.

Belt P.B., Muileman I.H., Schreuder B.E., Bos-de Ruijter J., Gielkens A.L. & Smits M.A. 1995. J. Gen. Virol. 76: 509-517.

Bossers A., Schreuder B.E.C, Muileman I.H., Belt P.B. & Smits M.A. 1996. J. Gen. Virol. 77: 2669-2673.

Brandsma J.H., Janss L.L.G. & Visscher A.V. 2004. Livest. Prod. Sci. 85: 59-64.

Guillaumet J. & Caja G. 2001. Ganadería 7: 23-32.

Jeffrey M., Ryder S., Martin S., Hawkins S.A., Terry L., Berthelin-Baker C. & Bellworthy S.J. 2001. J. Comp. Pathol. 124: 280-289.

Parada A., Marcotegui N., Arana A. & Alfonso L. 2003. ITEA Prod. Anim., 24 (vol. extra):438-440.

Ponz R., Tejedor T., Laviña A. & Arruga M.V. 2004. Estudio de la asociación de los alelos del gen PrP con el carácter prolificidad en la raza Rasa Aragonesa. XXIX Jornadas Científicas SEOC, Lleida, pp. 368-370.

Raftery A.E. & Lewis S.M. 1996. Implementing MCMC. In: Gilks W.R., Richardson S. & Spiegelhalter D.J. Markov Chain Monte Carlo in practice. Chapman & Hall, Londres.

Sorensen D.A., Andersen S., Gianola D. & Korsgaard I. 1995. Genet. Sel. Evol. 27: 229-249.