LA IMPRONTA GENÓMICA PATERNA Y LOS MODELOS CON EFECTOS MATERNOS

González-Rodríguez[1], A., Mouresan[1], E.F., Altarriba[1], J., Díaz[2], C., Meneses[2], C., Moreno[1], C., Varona[1], L.
[1]Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Universidad de Zaragoza. 50013.
[2]Departamento de Mejora Genética Animal. INIA.28080.Madrid
E-mail: aldemarango69@yahoo.es

INTRODUCCIÓN

Los objetivos a la selección en vacuno de carne incluyen caracteres cuya expresión contiene una componente materna por lo cual, para la evaluación genética de dichos caracteres se utilizan modelos animales (Henderson, 1984) con efectos genéticos y/o ambientales maternos (Willham, 1972; Meyer, 1992). Sin embargo, dichos efectos pueden ser confundidos con efectos asociados a la impronta genética (Hager, et al., 2008), que puede ser de origen paterno y materno. La impronta genética es un fenómeno dependiente del sexo del progenitor, que actúa a través de una expresión diferencial de la información genética según su origen y puede generar sesgos en la estimación de componentes de (co)varianza cuando falta alguno de los componentes en el modelo utilizado, como demuestran Varona et al., (2012) con datos simulados. En este trabajo se estudia el posible efecto de la impronta en la estimación de parámetros genéticos en tres poblaciones de vacuno de carne Pirenaica, Avileña-Negra Ibérica y Rubia Gallega que posee características distintas con sistemas de producción diversos. Para ello se hacen diversos supuestos en los modelos de estimación que incluyen efectos genéticos directos, paternos y maternos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para este trabajo, se han utilizado 17.106 pesos al destete correspondientes a la población Pirenaica (PI), 41.248 a la Avileña-Negra Ibérica (ANI) y 55.631 a la Rubia Gallega (RG). En la Tabla 1 se presenta un resumen de las medias y desviaciones típicas fenotípicas. Por otra parte, se utilizó un fichero genealógico de 34.418, 60.136 y 80.166 para PI, ANI and RG, respectivamente.

Los datos fueron analizados mediante los siguientes modelos:

$$y = Xb + Th + Fa + Zu_d + e \ (D)$$
$$y = Xb + Th + Fa + Zu_d + Z^p u_p + e \ (DP)$$
$$y = Xb + Th + Fa + Zu_d + Z^m u_m + e \ (DM)$$
$$y = Xb + Th + Fa + Z^p u_p + Z^m u_m + e \ (PM)$$
$$y = Xb + Th + Fa + Zu_d + Z^p u_p + Z^m u_m + e \ (DPM)$$

Donde b corresponde a los efectos sistemáticos sexo (2 niveles), edad de la madre (19 niveles en RG y 6 niveles en ANI), suplementación con tolva (3 niveles en ANI) y una covariable de edad al destete en todas las poblaciones; como efectos aleatorios esta h rebaño-año-estación (RAE) (2782, 3347 y 8655 niveles para PI, ANI and RG, respectivamente) y a para ambiente permanente materno; u_d es el efecto genético aditivo directo, u_p es el efecto genético aditivo paterno, u_m es el efecto genético aditivo materno y e el efecto residual; X, T, F, Z, Z^p y Z^m son las matrices de incidencia. Los modelos **DP**, **DM** y **PM** se implementaron incluyendo correlación genética entre los efectos genéticos incluidos en el modelo y asumiendo independencia entre ellos (**DPnull**, **DMnull** y **PMnull**, respectivamente). El modelo **DPM** asumió independencia entre los efectos.

Se realizó un análisis bayesiano mediante muestreo de Gibbs, utilizando el programa TM (Legarra et al., 2008) y una versión modificada del mismo para eliminar la estimación de la covarianza entre efectos genéticos. Se asumieron distribuciones planas para los efectos sistemáticos y los componentes de varianza, y una distribución normal multivariada para los efectos aleatorios. Se simuló una única de cadena de 525.000 elementos, de las cuales se descartaron los primeros 25.000.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los componentes de (co)varianza estimados en las poblaciones PI, ANI y RG se presentan en las tablas 2, 3 y 4, respectivamente. En términos generales se observa una importante presencia de efectos paternos en los modelos en los que son incluidos (**DP**, **DPnull**, **PM**, **PMnull** y **DPM**), y siempre de una mayor magnitud que los efectos maternos e incluso directos. En los modelos que no incluyen estos efectos paternos (**DM**) se observa una sobreestimación de los efectos directos y maternos y la aparición de una fuerte covarianza negativa entre efectos directos y maternos, confirmando los resultados presentados por Varona et al. (2012), mediante simulación estocástica. Es destacable que en modelos que no asumen esta covarianza (**DMnull**), la magnitud de las varianzas directas y maternas se reduce.

Estos resultados sugieren la posible presencia de impronta genética paterna en los caracteres de crecimiento de vacuno de carne y puede explicar la presencia de una correlación genética negativa entre efectos directos y maternos, habitual en el análisis de datos de vacuno de carne. Estos resultados conducen a la necesidad de plantear nuevos modelos que incluyan el efecto de la impronta genética para disponer de estimas insesgadas de los componentes de varianza.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

● Henderson, C.R., 1984. University of Guelp. Guelp, Ontario, Canada. ● Willham, R.L., 1972. J. Anim. Sci. 35:1288-1293. ● Meyer, K., 1992. Livest. Prod. Sci. 31:179. ● Hager, R., Cheverud J.M., Wolf J.B., 2008. Genetics 178:1755-1762. ● Varona, L., Casellas, J., Moreno C., Altarriba, J., 2012. EAAP-63rd Annual Meeting, Bratislava. Session 42:305.

TABLA 1. *Medias y desviaciones típicas observadas en el carácter peso al destete.*

POBLACIÓN	No DATOS	MEDIA	DESVIACIÓN TÍPICA
PIRENAICA	17.106	264,22	56,66
AVILEÑA	41.248	216,74	41,23
RUBIA GALLEGA	55.631	276,31	45.92

TABLA 2. *Media posterior (desviación típica) de los componentes estimados en la PI.*

	Modelos							
Parámetros	**D**	**DP**	**DP null**	**DM**	**DM null**	**PM**	**PM null**	**DPM**
σ^2_{ad}	821,78 (49,6)	511,23 (63,22)	493,11 (58,31)	1391,93 (97,92)	759,7 (51,26)	-	-	340,48 (60,44)
σ^2_{ap}	-	555,62 (63,92)	525,73 (52,33)	-	-	630,89 (53,57)	641,69 (52,78)	536,39 (57,5)
σ^2_{am}	-	-	-	440,63 (52,12)	115,15 (19,36)	173,06 (22,46)	171,42 (22,71)	102,34 (28,64)
cov_{dp}	-	-45,845 (50,03)	-	-	-	-	-	-
cov_{dm}	-	-	-	-595,19 (66,24)	-	-	-	-
cov_{pm}	-	-	-	-	-	147,74 (30,29)	-	-
σ^2_{pe}	545,09 (24,93)	449,66 (22,45)	449,03 (22,37)	497,71 (23,73)	527,96 (24,64)	444,52 (22,29)	446,83 (22,38)	444,62 (22,32)
σ^2_{pe}	107,68 (18,27)	99,93 (18,95)	102,99 (18,54)	71,12 (19,2)	48,09 (16,25)	68,91 (19,35)	67,001 (19,51)	60,05 (20,47)
σ^2_e	796,86 (31,52)	944,68 (37,69)	953,88 (35,67)	513,75 (51,46)	816,91 (32,35)	1195,63 (19,52)	1195,84 (19,42)	1027,15 (37,85)

σ^2_a (Varianza genética), cov (covarianza), d (Directo), p (Paterno), m (Materno), σ^2_p (Varianza ambiental), h (RAE), a (ambiente materno) σ^2_e (Varianza residual), **null** (covarianzas fijadas a cero).

TABLA 3. *Media posterior (desviación típica) de los componentes estimados en la ANI.*

Parámetros	Modelos							
	D	DP	DP null	DM	DM null	PM	PM null	DPM
σ^2_{ad}	181,25 (11,48)	124,69 (13,31)	117,72 (12,32)	483,13 (30,94)	167,33 (11,49)	-	-	63,09 (16,12)
σ^2_{ap}	-	251,64 (24,5)	233,75 (21,4)	-	-	252,69 (21,36)	253,25 (20,83)	240,21 (20,79)
σ^2_{am}	-	-	-	170,72 (14,78)	36,79 (5,68)	48,07 (5,05)	48,21 (4,72)	33,07 (5,8)
cov_{ap}	-	-27,02 (15,25)	-	-	-	-	-	-
cov_{am}	-	-	-	-239,46 (19,05)	-	-	-	-
cov_{pm}	-	-	-	-	-	20,604 (9,28)	-	-
σ^2_{ph}	454,83 (14,25)	351,81 (11,8)	350,97 (11,75)	397,33 (12,87)	447,1 (14,16)	350,59 (11,77)	351,07 (11,72)	350,15 (11,74)
σ^2_{pe}	83,68 (4,34)	81,04 (4,56)	82,27 (4,52)	66,09 (5,5)	60,39 (5,31)	68,33 (5,15)	68,32 (5,07)	68,58 (4,89)
σ^2_e	435,65 (7,4)	461,24 (8,24)	464,78 (7,83)	285,64 (15,8)	441,03 (7,52)	522,51 (4,76)	522,33 (4,78)	490,96 (9,27)

σ^2_a (Varianza genética), cov (covarianza), d (Directo), p (Paterno), m (Materno), σ^2_p (Varianza ambiental), h (RAE), e (ambiente materno) σ^2_e (Varianza residual), **null** (covarianzas fijadas a cero).

TABLA 4. *Media posterior (desviación típica) de los componentes estimados en la RG.*

Parámetros	Modelos							
	D	DP	DP null	DM	DM null	PM	PM null	DPM
σ^2_{ad}	416,09 (24,67)	279,47 (30,59)	284,94 (30,88)	778,27 (61,76)	381,99 (26,38)	-	-	223,41 (38,87)
σ^2_{ap}	-	244,47 (42,52)	264,91 (33,71)	-	-	322,8 (29,02)	343,84 (27,49)	249,1 (26,97)
σ^2_{am}	-	-	-	203,17 (31,21)	37,5 (8,63)	117,81 (11,13)	112,48 (11,17)	54,06 (10,05)
cov_{ap}	-	20,96 (26,46)	-	-	-	-	-	-
cov_{am}	-	-	-	-295,36 (39,68)	-	-	-	-
cov_{pm}	-	-	-	-	-	140,7 (15,997)	-	-
σ^2_{ph}	339,21 (9,14)	327,76 (8,87)	327,22 (8.87)	331,07 (9,06)	333,74 (9,19)	321,45 (8,86)	321,21 (8,89)	320,54 (8,43)
σ^2_{pe}	88,2 (7,48)	99,43 (7,68)	98,58 (7,71)	78,69 (8,55)	68,36 (7,56)	67,65 (8,32)	71,42 (8,75)	75,16 (7,09)
σ^2_e	799,19 (14,55)	866,23 (17,4)	863,46 (17,49)	618,95 (31,27)	815,39 (15,52)	1002,88 (8,13)	1002,28 (8,09)	892,23 (21,34)

σ^2_a (Varianza genética), cov (covarianza), d (Directo), p (Paterno), m (Materno), σ^2_p (Varianza ambiental), h (RAE), e (ambiente materno) σ^2_e (Varianza residual), **null** (covarianzas fijadas a cero).

PATERNAL GENOMIC IMPRINTING AND MODELS WITH MATERNAL EFFECTS

ABSTRACT: The results here presented suggest an important presence of paternal effects that may be explained under sire imprinted effects. Moreover, models that do not consider paternal effects report a relevant overestimation of genetic variances and a strong negative correlation between direct and maternal genetic effects. These phenomena can be explained as a consequence of the redistribution of the paternal variance over the effects included in the model of analysis.

Keywords: Beef cattle, Imprinting, Maternal effects, Weaning Weight.