

ESTIMACIÓN DE LA VARIANZA ADITIVA Y DOMINANTE EN CARACTERES DE CERDO MEDIDOS EN POBLACIÓN PURA Y CRUZADA USANDO G-GIBBS

L. Tusell¹, H. Gilbert¹, Z. G. Vitezica¹, M.J. Mercat², A. Legarra¹, C. Larzul¹

¹INRA UMR1388 / INPT ENSAT / INPT ENVT GenPhySE, F-31326 Castanet-Tolosan, France, ²IFIP/BIOPORC, La Motte au Vicomte, 35651 Le Rheu, France.

llibertat.tusell-palomero@inra.fr

INTRODUCCIÓN

La expresión fenotípica de ciertos caracteres de interés en producción puede estar influenciada por efectos genéticos no aditivos tales como la dominancia, responsable, en parte, de la heterosis existente dentro de línea y en cruzamiento. Incluir la dominancia en las evaluaciones genómicas de estos caracteres podría conllevar a un aumento en la precisión de la estima de los valores de cría a la vez que dar una idea del interés en utilizar informaciones de individuos cruzados para evaluar las líneas puras por su aptitud al cruzamiento. Este estudio tiene por objetivo estimar las contribuciones genéticas aditivas y de dominancia a la varianza fenotípica total de diversos caracteres de crecimiento y eficiencia alimentaria, composición de la canal, calidad de carne, comportamiento e indicadores de olor y madurez sexual medidos en cerdo de raza pura y en cruce.

MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 636 y 720 lechones macho Piétrain y cruzados Piétrain x Large White, respectivamente, entraron en estación de testaje a las 5 semanas de edad y fueron sacrificados a un peso fijo de 110kg. Durante el periodo de control fueron fenotipados para los siguientes caracteres clasificados en 5 grupos: *i) crecimiento y consumo de alimento*: ganancia de peso diario promedio, índice de conversión, consumo medio diario; *ii) composición de la canal*: espesor del tocino dorsal, espesor del músculo, contenido de magro, tocino dorsal, jamón, panceta, lomo, paletilla; *iii) calidad de carne*: rendimiento canal, pH *semimembranosus*, pH *longissimus dorsi*, pérdidas por goteo; *iv) comportamiento*: número de lesiones al inicio del control (35Kg), número de lesiones al final del control (110kg), lesiones en la canal; *v) indicadores de olor sexual*: niveles de androstenona, scatol e indole; *vi) indicadores de inicio de la pubertad*: niveles de estradiol. Los animales fueron genotipados con el chip de Illumina 60K.

Los fenotipos (\mathbf{y}) medidos en individuos puros y cruzados fueron analizados separadamente con el siguiente modelo univariado (Toro y Varona, 2010; Vitezica et al. 2016): $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{f}\mathbf{b} + \mathbf{u} + \mathbf{v} + \mathbf{e}$, donde $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ comprende los efectos sistemáticos y los efectos aleatorios no genéticos. $\mathbf{u} = \mathbf{Z}\mathbf{a}$ y $\mathbf{v} = \mathbf{W}\mathbf{d}$ son los vectores de efectos genotípicos aditivos y de dominancia con $cov(\mathbf{u}) = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'\sigma_{A^*}^2/\{tr([\mathbf{Z}\mathbf{Z}'])/n\}$ y $cov(\mathbf{v}) = \mathbf{W}\mathbf{W}'\sigma_{D^*}^2/\{tr([\mathbf{W}\mathbf{W}'])/n\}$, respectivamente (siendo \mathbf{a} y \mathbf{d} los vectores de efectos aditivos y de dominancia de los marcadores, $\sigma_{A^*}^2$ y $\sigma_{D^*}^2$ las varianzas genotípicas aditiva y dominante y n el número de animales). \mathbf{Z} y \mathbf{W} son matrices de incidencias con valores de -1, 0, 1 y 0, 1, 0 para los genotipos AA, Aa y aa, respectivamente. \mathbf{f} es un vector de coeficientes de 'consanguinidad' genómica que permite que $E(\mathbf{d}) = \mathbf{0}$ (Xiang et al., 2016).

A partir de las estimas de $\sigma_{A^*}^2$ y $\sigma_{D^*}^2$ obtenidas en raza pura o en la cruce obtenemos la varianza aditiva y dominante de los marcadores como $\sigma_a^2 = \sigma_{A^*}^2/\{tr([\mathbf{Z}\mathbf{Z}'])/n\}$ y $\sigma_d^2 = \sigma_{D^*}^2/\{tr([\mathbf{W}\mathbf{W}'])/n\}$, respectivamente. Estas varianzas junto con las frecuencias alélicas de

46 las poblaciones parentales, nos permiten obtener las varianzas genéticas de los valores de
47 cría y de las desviaciones dominantes para:

48 *i) la población Piétrain (raza pura):*

49 $\sigma_{A,PI}^2 = \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i})\sigma_a^2 + \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i}(q_{PI,i} - p_{PI,i})^2)\sigma_d^2$ y $\sigma_{D,PI}^2 = \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i})^2\sigma_d^2$. Siendo
50 $p_{PI,i}$ y $q_{PI,i}$ las frecuencias alélicas del i -ésimo SNP ($i=1, \dots, k$) en la población Piétrain.

51 *ii) la población cruzada:*

52 $\sigma_{A,CPI}^2 = \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i})\sigma_a^2 + \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i}(q_{LW,i} - p_{LW,i})^2)\sigma_d^2$ y

53 $\sigma_{A,C LW}^2 = \sum_i^k (2p_{LW,i}q_{LW,i})\sigma_a^2 + \sum_i^k (2p_{PI,i}q_{PI,i}(q_{LW,i} - p_{LW,i})^2)\sigma_d^2$ son las contribuciones a la
54 varianza genética aditiva de los los alelos Piétrain y los alelos Large White a la población
55 cruzada, respectivamente. $p_{LW,i}$ y $q_{LW,i}$ son las frecuencias alélicas del i -ésimo SNP en la

56 población Large White. La varianza genética de los valores de cría y de las desviaciones
57 dominantes para la población cruzada se obtienen como: $\sigma_{A,C}^2 = 0.5\sigma_{A,CPI}^2 + 0.5\sigma_{A,C LW}^2$ y

58 $\sigma_{D,CB}^2 = \sum_i^k (4p_{PI,i}q_{PI,i}p_{LW,i}q_{LW,i})\sigma_d^2$, respetivamente.

59 Se utilizó el algoritmo de muestreo de Gibbs para inferir los parámetros de interés (400,000
60 iteraciones, desechándose las 200,000 primeras, guardándose 1 de cada 10 muestras).

61

62

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

63 Algunos de los caracteres analizados mostraron una cantidad de dominancia relevante en
64 ambas poblaciones (espesor de tocino dorsal, pH) o mayor cantidad en individuos cruzados
65 (porporción de jamón, lomo y rendimiento en la canal) (véase Tabla 1). Estos resultados
66 sugieren que la inclusión de un efecto de dominancia en el modelo de evaluación de estos
67 caracteres podría dar lugar a un aumento en la precisión de las estimas de valores de cría y
68 que, por otro lado, el uso de información de individuos cruzados podría ser beneficioso para
69 evaluar los candidatos a la selección por su rendimiento en cruce.

70

71

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

72 • Toro, M. & Varona, L. 2010. GSE 42: 33. • Vitezica Z.G., Varona L., Elsen M.J., Misztal I.,
73 Herring W., Legarra A. 2016. GSE 48:6. • Xiang T., Christensen O.F., Vitezica Z.G., Legarra
74 A. 2016. GSE 48:92.

75

76 **Agradecimientos:** Estudio financiado por los proyectos UtOpIGe ANR-10-GENOM_BTV-
77 015, SelDir, OptiMaGicS (INRA SelGen metaprogram) y el proyecto Feed-a-Gene (EU
78 H2020 Programme no 633531. Animales proveídos por BIOPORC. Análisis realizados en la
79 plataforma Genotoul Informatics Toulouse Midi-Pyrenees.

80

GENOMIC ESTIMATION OF DOMINANCE GENETIC VARIANCE IN PUREBRED AND CROSSBRED PIG PERFORMANCES

81

82
83
84 **ABSTRACT:** This study aims at assessing the contribution of the additive and dominance
85 genomic variances to the phenotype expression of several purebred Piétrain and crossbred
86 (Piétrain x Large White) pig performances. A total of 636 purebred and 720 crossbred male
87 piglets were phenotyped for 22 traits that can be classified into growth rate and feed
88 efficiency, carcass composition, meat quality, behavior, boar taint and puberty groups of
89 traits. Additive and dominance variances estimated in univariate genotypic models including
90 additive and dominance genotypic effects allowed us to retrieve the additive and dominance

91 SNP variances. These ones were used, together with the allelic frequencies of the parental
 92 populations, to obtain additive and dominance variances in terms of genetic breeding values
 93 and dominance deviations. Some traits showed relevant amount of dominance genetic
 94 variance in both populations (i.e. backfat thickness, pH) or increased amount in crossbreds
 95 (i.e. ham cut, loin and dressing yield) suggesting that accounting for dominance in the
 96 models of these traits could lead to an increased GEBV accuracy and that using crossbred
 97 information can be beneficial to evaluate purebred candidates to selection for crossbred
 98 performance.

99

100 **Keywords:** dominance, pig, variance, SNP

101

102 **Tabla 1. Media posterior [HPD_{95%}] de los ratios de los componentes de varianza con**
 103 **respecto a la varianza fenotípica total en población Piétrain ($\sigma_{y,p}^2$) y en población**
 104 **cruzada ($\sigma_{y,c}^2$) de los efectos genéticos aditivos y de dominancia en población pura**
 105 **Piétrain ($h_{A,p}^2$ y $h_{D,p}^2$, respectivamente) y en población cruzada ($h_{D,c}^2$ y $h_{D,c'}^2$,**
 106 **respectivamente)**

Carácter	$h_{A,p}^2$	$h_{A,c}^2$	$h_{D,p}^2$	$h_{D,c}^2$	$\sigma_{y,p}^2$	$\sigma_{y,c}^2$
Ganancia de peso diario promedio	0.206 [0.045,0.345]	0.371 [0.229,0.513]	0.084 [0.005,0.182]	0.083 [0.000,0.197]	8958 [7757,10224]	8483 [7408,9600]
Índice de conversión	0.245 [0.110,0.382]	0.378 [0.235,0.527]	0.092 [0.003,0.204]	0.119 [0.001,0.231]	0.024 [0.021,0.027]	0.021 [0.019,0.024]
Consumo medio diario	0.304 [0.167,0.463]	0.464 [0.312,0.618]	0.058 [0.001,0.143]	0.058 [0.000,0.148]	32606 [28010,37484]	47261 [40897,53640]
Espesor del tocino dorsal	0.444 [0.284,0.597]	0.522 [0.378,0.662]	0.140 [0.011,0.283]	0.124 [0.011,0.236]	3.042 [2.657,3.438]	4.256 [3.734,4.809]
Espesor del músculo	0.337 [0.200,0.481]	0.326 [0.156,0.513]	0.029 [0.000,0.078]	0.064 [0.001,0.149]	28.514 [25.029,32.046]	25.55 [22.48,28.81]
Contenido de magro	0.596 [0.452,0.730]	0.574 [0.439,0.709]	0.106 [0.006,0.216]	0.089 [0.003,0.190]	3.217 [2.777,3.659]	3.721 [3.281,4.168]
Tocino dorsal ¹	0.574 [0.425,0.718]	0.563 [0.426,0.687]	0.038 [0.000,0.105]	0.072 [0.000,0.167]	0.726 [0.633,0.825]	0.872 [0.770,0.973]
Jamón ¹	0.461 [0.301,0.620]	0.430 [0.299,0.568]	0.085 [0.002,0.196]	0.135 [0.000,0.262]	1.125 [0.982,1.283]	0.908 [0.803,1.020]
Panceta ¹	0.334 [0.184,0.491]	0.129 [0.030,0.236]	0.093 [0.002,0.212]	0.070 [0.000,0.154]	1.281 [1.116,1.464]	1.343 [1.170,1.534]
Lomo ¹	0.399 [0.247,0.560]	0.318 [0.190,0.447]	0.074 [0.002,0.175]	0.162 [0.009,0.288]	1.683 [1.459,1.921]	1.813 [1.603,2.028]
Paletilla ¹	0.168 [0.052,0.284]	0.248 [0.133,0.374]	0.073 [0.001,0.171]	0.097 [0.000,0.206]	1.035 [0.900,1.182]	0.984 [0.868,1.103]
Rendimiento canal	0.413 [0.267,0.556]	0.466 [0.307,0.622]	0.050 [0.000,0.142]	0.146 [0.009,0.281]	1.464 [1.279,1.653]	1.292 [1.137,1.451]
pH <i>semimembranosus</i>	0.250 [0.111,0.392]	0.317 [0.194,0.445]	0.126 [0.001,0.280]	0.182 [0.044,0.315]	0.031 [0.027,0.035]	0.033 [0.029,0.037]
pH <i>longissimus dorsi</i>	0.330 [0.187,0.483]	0.317 [0.181,0.448]	0.086 [0.000,0.215]	0.138 [0.011,0.257]	0.017 [0.015,0.019]	0.022 [0.020,0.025]
Pérdidas por goteo	0.516 [0.377,0.648]	0.193 [0.067,0.330]	0.054 [0.000,0.150]	0.068 [0.000,0.163]	5.908 [5.167,6.708]	3.401 [3.025,3.796]
Lesiones inicio control ²	0.128 [0.040,0.235]	0.139 [0.058,0.232]	0.087 [0.003,0.186]	0.077 [0.007,0.151]	0.873 [0.728,1.037]	0.671 [0.554,0.791]
Lesiones final control ²	0.141 [0.040,0.245]	0.074 [0.025,0.132]	0.045 [0.001,0.115]	0.026 [0.000,0.071]	0.846 [0.679,1.031]	0.845 [0.684,1.027]
Lesiones en la canal	0.262 [0.122,0.409]	0.264 [0.131,0.404]	0.090 [0.001,0.212]	0.097 [0.000,0.214]	0.587 [0.517,0.662]	0.759 [0.674,0.848]
Androstenone ²	0.375 [0.229,0.524]	0.541 [0.407,0.677]	0.055 [0.000,0.144]	0.130 [0.000,0.262]	0.314 [0.275,0.353]	0.350 [0.309,0.394]

ScatoI ²	0.139 [0.040,0.248]	0.271 [0.121,0.428]	0.084 [0.002,0.194]	0.061 [0.000,0.155]	0.162 [0.143,0.181]	0.270 [0.240,0.302]
Indole ²	0.463 [0.329,0.598]	0.071 [0.010,0.158]	0.201 [0.035,0.370]	0.022 [0.000,0.072]	0.123 [0.107,0.139]	0.114 [0.102,0.126]
Estradiol ²	0.152 [0.037,0.265]	0.209 [0.084,0.339]	0.064 [0.000,0.161]	0.106 [0.001,0.220]	0.114 [0.101,0.127]	0.189 [0.168,0.211]

107

¹variable expresada en % de peso con respecto a la canal; ²Logaritmo de la variable