

CONSANGUINIDAD Y TAMAÑO EFECTIVO EN CINCO LINEAS DE RATON SOMETIDAS A PROCESOS DE SELECCION PARA PROLIFICIDAD O PESO CORPORAL

Por Y. Bayón (1)

L. F. Fuente (1)

F. San Primitivo (1)

INTRODUCCION

Cuando se proyecta un programa de selección en poblaciones cerradas de tamaño constante, es necesario estimar previamente la consanguinidad que se va a alcanzar en cada generación y evaluar el efecto depresivo de dicha endogamia, con el fin de decidir el tamaño de dicha población. Esta preocupación es común en las distintas especies ganaderas y ha sido objeto de numerosas publicaciones: 1, 7, 9, 10, 11, 12, 13.

El incremento de la consanguinidad en poblaciones cerradas depende de los siguientes factores: tamaño de la población, consanguinidad inicial, sistema de apareamiento, selección de reemplazo, etc. 13. La aplicación de esquemas regulares de apareamiento a poblaciones cerradas de tamaño fijo y proporción de sexos constante facilita el cálculo de los coeficientes de consanguinidad.

Las estimaciones teóricas de la consanguinidad en sucesivas generaciones, en poblaciones de tamaño finito cuyos miembros se aparean al azar, pueden obtenerse en función del número de machos y hembras existentes por generación 3, 8, 10. Sin embargo, si la población está sometida a un proceso de selección, el sistema de elección de los progenitores que constituirán cada generación no es aleatorio, lo cual imposibilita la utilización de dichas fórmulas.

Por otra parte los métodos para calcular el coeficiente de consanguinidad en sucesivas generaciones, propuestos por algunos autores 13 para esquemas de apareamiento no aleatorio, no son aplicables a poblaciones con apareamiento restringido.

Los objetivos del presente trabajo fueron el calcular la consanguinidad y el tamaño efectivo, así como la depresión endogámica de cuatro líneas sometidas a selección y una

(1) Cátedra de Genética y Mejora Animal

quinta no seleccionada. También se analizó cómo influye el carácter para el cual se selecciona (prolificidad o peso corporal) sobre el incremento de la consanguinidad.

MATERIAL Y METODOS

ANIMALES

El estudio se llevó a cabo en cinco líneas de ratón albino de laboratorio, estirpe NMRI descritas por FUENTE⁵ y por FUENTE y SAN PRIMITIVO⁶.

Dos líneas (L+ y L-) fueron seleccionadas durante 13 generaciones para aumentar (L+) y disminuir (L-) el tamaño de la camada, tomando como carácter selectivo el número de descendientes nacidos en los tres primeros partos de cada hembra (TNY-3). Otras dos líneas (W+ y W-) fueron seleccionadas para aumentar y disminuir respectivamente el peso corporal a los 42 días. Finalmente, una línea (C), se mantuvo como línea testigo, sin seleccionar.

Cada línea estuvo formada por 50 parejas durante las 9 primeras generaciones de selección y por 40 parejas de la generación 10 a 13. Se utilizó un método de selección individual en las cuatro líneas. La selección para prolificidad se realizó solamente en las hembras (los machos eran elegidos al azar). El sistema de apareamiento en las cinco líneas fue el azar restringido (evitando el apareamiento entre hermanos). El sistema de cría fue monógamo y continuo, es decir, el macho permaneció continuamente con la hembra. Las camadas se estandarizaron a 8 ratones en los días inmediatamente posteriores al parto.

El sistema de reposición o reemplazo en las líneas seleccionadas estuvo determinado por el método de selección. En la línea testigo se tomó un descendiente macho y otro hembra de cada pareja siempre que fue posible. Solamente se reponía con los descendientes de la primera camada.

METODOLOGIA

La consanguinidad media por generación (F_t) fue estimada a través de la media aritmética del coeficiente de consanguinidad individual (F_A).

El coeficiente de consanguinidad individual (F_A) fue calculado por la fórmula dada por WRIGHT^{14, 15}.

$$F_A = \sum (1/2)^{n+n'+1} (1 + F_C) \text{ siendo:}$$

F_C = coeficiente de consanguinidad del antepasado común.

n = número de generaciones hasta el antepasado común, vía materna.

n' = número de generaciones hasta el antepasado común, vía paterna.

La estimación se realizó a partir de los datos genealógicos, teniendo en cuenta los antepasados comunes de las cinco generaciones anteriores a cada individuo.

El tamaño efectivo (N_e) se estimó a partir del incremento promedio del coeficiente de consanguinidad (F_t) en las 13 generaciones mediante la fórmula siguiente:¹⁶

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t \text{ siendo:}$$

$$\Delta F = 1 / 2 N_e$$

También se estimó el tamaño genético efectivo (N_e) a partir de la varianza del tamaño de la familia, suponiendo apareamiento aleatorio, a partir de la fórmula siguiente:^{2,17}

$$N_e = 4N / (2 + \delta^2_k)$$

RESULTADOS Y DISCUSION

El coeficiente de consanguinidad medio en cada generación y su error se presenta en la tabla I. La evolución de este coeficiente a través del experimento, en función del carácter seleccionado, se representa gráficamente en la figura I para la línea C, líneas L (seleccionadas para prolificidad) y líneas W (seleccionadas para el peso corporal).

En la tabla II se incluyen, para cada línea, algunos resultados de interés respecto al proceso endogámico y de selección como: coeficiente de consanguinidad, tamaño efectivo, intensidad de selección, tamaño de la familia y su varianza, etc.

Como era de esperar, la línea no seleccionada (línea C) presentó menor consanguinidad (1,22 % después de 13 generaciones de selección) que las líneas seleccionadas (ver fig. I). El coeficiente de consanguinidad medio de las líneas L+ y L- (6,72 % y 6,39 %, respectivamente) fue superior que el correspondiente a las líneas W+ y W- (2,83 % y 3,63 %, respectivamente).

La diferencia entre la línea C y las seleccionadas fue originada por el diferente sistema de reposición utilizado. En la línea C, la reposición se efectuaba a partir del mayor número posible de progenitores (el 78,54 % de los progenitores contribuían a la formación de la siguiente generación) y la varianza del tamaño de la familia era muy baja (0,58).

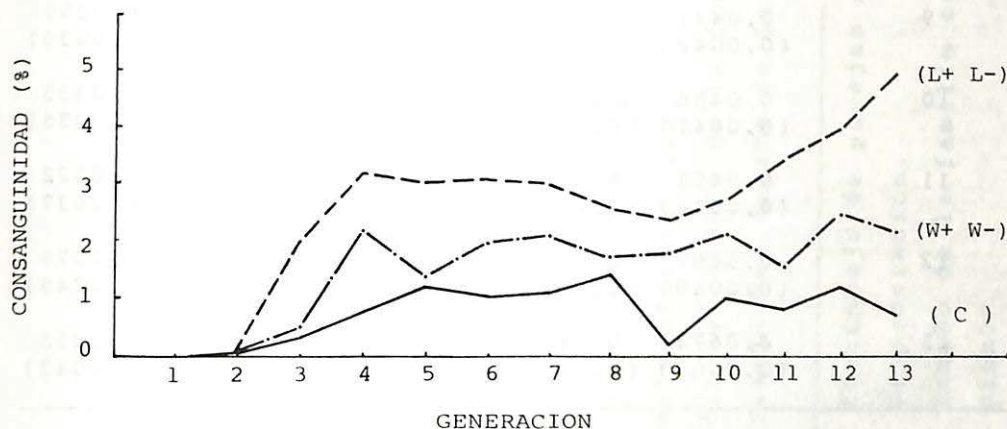


Fig. 1. Evolución del coeficiente de consanguinidad en función del carácter seleccionado.

Por el contrario, en las líneas seleccionadas la reposición estaba condicionada por el valor fenotípico del carácter selectivo, y por tanto el porcentaje de padres que contribuían a la formación de la siguiente generación fue menor que en la línea C. Este porcen-

TABLA I
Coefficiente de consanguinidad medio en cada generación y para cada una de las líneas

Generación	Línea				
	L+	L-	C	W+	W-
1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
3	0,0137 (0,0043)	0,0280 (0,0039)	0,0037 (0,0021)	0,0051 (0,0025)	0,0051 (0,0037)
4	0,0293 (0,0036)	0,0344 (0,0045)	0,0081 (0,0029)	0,0258 (0,0040)	0,0080 (0,0028)
5	0,0253 (0,0036)	0,0351 (0,0053)	0,0127 (0,0028)	0,0149 (0,0035)	0,0137 (0,0028)
6	0,0452 (0,0048)	0,0470 (0,0041)	0,0149 (0,0027)	0,0244 (0,0037)	0,0280 (0,0023)
7	0,0442 (0,0039)	0,0501 (0,0048)	0,0162 (0,0032)	0,0270 (0,0041)	0,0359 (0,0029)
8	0,0401 (0,0043)	0,0396 (0,0042)	0,0194 (0,0033)	0,0257 (0,0031)	0,0279 (0,0039)
9	0,0441 (0,0042)	0,0418 (0,0032)	0,0056 (0,0007)	0,0256 (0,0042)	0,0256 (0,0030)
10	0,0458 (0,0041)	0,0378 (0,0052)	0,0132 (0,0030)	0,0226 (0,0039)	0,0335 (0,0036)
11	0,0495 (0,0044)	0,0421 (0,0044)	0,0151 (0,0026)	0,0239 (0,0034)	0,0322 (0,0037)
12	0,0607 (0,0048)	0,0575 (0,0043)	0,0163 (0,0035)	0,0285 (0,0037)	0,0379 (0,0048)
13	0,0673 (0,0053)	0,0639 (0,0046)	0,0122 (0,0019)	0,0288 (0,0042)	0,0363 (0,0043)

Los números entre paréntesis corresponden al error típico de cada valor.

TABLA II
Resultados sobre consanguinidad, intensidad de selección, tamaño efectivo y tamaño de la familia en cada línea

	<u>Línea</u>				
	L+	L-	C	W+	W-
Nº de parejas por generación	46,92	46,92	46,92	46,92	46,92
% de animales seleccionados	29,19	32,04	---	35,15	36,40
Parejas que contribuyen (%) *	29,19	32,04	78,54	60,81	60,16
Intensidad de selección (i)	1,18	1,12	---	1,06	1,04
Coef. de consanguinidad (F13) (%)	6,73	6,39	1,22	2,88	3,63
ΔF por generación (%)	0,53	0,50	0,09	0,22	0,28
Tamaño efectivo (Ne)	93,35	98,66	528,47	222,52	175,89
Media del tamaño de la familia **	6,73	6,12	2,52	3,09	3,36
Varianza del tamaño de la familia (σ_k^2)	4,02	4,60	0,58	3,29	4,29

* Porcentaje de parejas que contribuyen con algún descendiente a la siguiente generación.

** Tamaño de la familia con que contribuye cada pareja a la siguiente generación.

taje de contribución fue mayor en las líneas W+ y W- (60,81 % y 60,16 %, respectivamente) que en las líneas L+ y L- (29,19 % y 32,04 %, respectivamente).

Se detectaron diferencias en el coeficiente de consanguinidad según la dirección de la selección. Así, en las líneas seleccionadas para prolificidad se observó un mayor coeficiente de consanguinidad en la dirección ascendente, mientras que en las líneas seleccionadas para el peso corporal éste fue mayor en la dirección descendente.

En la línea L+ el tamaño medio de familia con que cada pareja contribuye a la siguiente generación (6,73) fue superior a la L- (6,12). Esta diferencia fue la causa del mayor coeficiente de consanguinidad de la línea L+, ya que en ésta los descendientes elegidos

TABLA III
Coeficientes de regresión de los caracteres indicados sobre el coeficiente de consanguinidad individual^a

	Línea				
	L+	L-	C	W+	W-
Tamaño camada ^b	-0,165 (0,019)	0,057* (0,028)	-0,164* (0,048)	0,064 (0,034)	-0,060* (0,029)
Tamaño 1ª cam. ^c	-0,033 (0,033)	-0,044* (0,035)	-0,010 (0,062)	-0,075 (0,041)	-0,076* (0,031)
Tamaño 2ª cam. ^c	-0,048 (0,045)	-0,078 (0,039)	-0,013 (0,074)	-0,097* (0,047)	-0,119* (0,040)
Tamaño 3ª cam. ^c	-0,067 (0,066)	0,013 (0,046)	-0,146 (0,105)	0,077 (0,056)	-0,100 (0,078)
TNY-3 ^d	-0,405* (0,100)	-0,164 (0,093)	-0,221 (0,171)	0,002 (0,113)	-0,364* (0,095)

Peso 21 días ^e	-0,004 (0,023)	-0,069* (0,0260)	0,053 (0,033)	0,074* (0,037)	-0,023 (0,036)
Peso 42 días ^e	-0,078* (0,028)	-0,083* (0,029)	0,031 (0,043)	-0,019 (0,159)	-0,064* (0,032)
Peso adulto ^e	0,005 (0,042)	-0,022 (0,051)	-0,011 (0,074)	-0,030 (0,058)	-0,084 (0,048)

Los números entre paréntesis corresponden al error típico de cada valor.

a- Coeficiente de regresión estimado con el coeficiente de consanguinidad expresado en porcentaje.

b- Atribuyendo el carácter a los descendientes.

c- Atribuyendo el carácter a las madres.

d- Número total de nacidos en las tres primeras camadas.

e- Medido solamente en las hembras.

para formar la siguiente generación procedían de un menor número de parejas, lo que permitía una mayor presión de selección. En las líneas seleccionadas para el peso corporal, el porcentaje de parejas que contribuyeron a la formación de la siguiente generación fue similar en ambos casos (60,81 % en la W+ y 60,16 % en la W-). En este sistema de selección la mayor varianza del tamaño de la familia en la línea W- fue la causa del mayor incremento de la consanguinidad en la selección descendente.

El tamaño genético efectivo (N_e) estimado en cada línea a partir del incremento de la consanguinidad media en cada generación, por la fórmula de WRIGHT¹⁶ aplicable a nuestra población fue: 134,10, 149,92, 552,55, 277,18 y 221,90 en las líneas L+, L-, C, W+ y W-, respectivamente. Esta superioridad del tamaño efectivo, N_e , sobre el tamaño real ($N = 46,92$ parejas) fue originada por el sistema de apareamiento utilizado (el azar restringido).

Para comprobar la eficacia de la restricción de apareamiento entre hermanos, se estimó el tamaño efectivo a partir de la varianza del tamaño familiar (δ^2_k) y del tamaño real (N), por la fórmula de WRIGHT¹⁷ y CROW². Este método nos permite estimar N_e suponiendo que el apareamiento hubiese sido totalmente aleatorio. Los tamaños efectivos obtenidos por esta fórmula fueron: 62,35, 56,87, 145,48, 70,95 y 57,83 en las líneas L+, L-, C, W+ y W-, respectivamente. Así pues, la restricción de apareamiento permitió obtener un tamaño efectivo muy superior al que correspondería a un sistema de apareamiento aleatorio.

También se estudió la depresión endogámica en las cinco líneas, mediante el cálculo del coeficiente de regresión de algunos caracteres reproductivos y de peso corporal sobre el coeficiente de consanguinidad individual (ver tabla III). La mayoría de los coeficientes de regresión no fueron significativamente distintos de cero, posiblemente debido al pequeño grado de consanguinidad alcanzado al final del experimento. Además, FALCONER⁴ indica que cuando el incremento en el coeficiente de consanguinidad se produce de una forma lenta no se manifiesta el efecto de la depresión endogámica. No obstante, los coeficientes de regresión obtenidos presentan en su mayoría signo negativo, lo que indica que al aumentar el coeficiente de consanguinidad disminuye la eficacia biológica de dichas líneas.

RESUMEN

Se realizó el cálculo del coeficiente de consanguinidad en cuatro líneas de ratón sometidas a selección durante 13 generaciones y una quinta línea no seleccionada, C, que se mantuvo como testigo. Dos líneas fueron seleccionadas para aumentar (L+) y disminuir (L-) el tamaño de las tres primeras camadas. Otras dos líneas fueron seleccionadas para aumentar (W+) y disminuir (W-) el peso corporal a los 42 días de edad.

La estimación se realizó a partir de los datos genealógicos, teniendo en cuenta los antepasados comunes a las cinco generaciones anteriores a cada individuo. También se estimó el tamaño efectivo, así como la depresión endogámica, analizando las diferencias que se originaban en el incremento de la consanguinidad según el carácter para el cual se selecciona (prolificidad o peso corporal).

Después de 13 generaciones de selección el coeficiente de consanguinidad medio en cada línea fue: 6,72 %, 6,39 %, 1,22 %, 2,83 % y 3,63 %, en las líneas L+, L-, C, W+ y W-, respectivamente. Apenas se detectó efecto de la depresión endogámica, probablemente debido a que el incremento en el coeficiente de consanguinidad fue relativamente pequeño y se realizó de forma lenta.

El tamaño genético efectivo fue 134,10, 149,92, 552,55, 277,18 y 221,90 en las líneas L+, L-, C, W+ y W-, respectivamente. La causa de este elevado tamaño efectivo se encuentra en el sistema de apareamiento utilizado: «el azar restringido».

SUMMARY

INBREEDING COEFFICIENT AND EFFECTIVE POPULATION SIZE IN LINES OF MICE SELECTED FOR LITTER SIZE OR BODY WEIGHT

The inbreeding coefficient was calculated in four lines of mice selected through 13 generations and another line, C, maintained as a control. Lines were selected as follows: large (L+) and small (L-) size of the first three litters, large (W+) and small (W-) body weight at 42 days.

Estimates were obtained from genealogical data, considering the common ancestors of five generations previous to each individual. The effective population size and the inbreeding depression were also estimated. The influence of the selected trait (litter size or body weight) on the increase of the inbreeding coefficient was analyzed.

After 13 generations of selection the average inbreeding coefficient was: 6.72 %, 6.39 %, 1.22 %, 2.83 % and 3.63 % in the L+, L-, C, W+ and W- lines, respectively. No clear effect of inbreeding depression was observed probably due to the small inbreeding coefficient.

The effective population size was: 134.10, 149.92, 552.55, 277.18 and 221.90 in the L+, L-, C, W+ and W- lines respectively. The mating system avoiding sib-mating caused the high estimates of the effective population size.

BIBLIOGRAFIA

- 1) COLLEAU, J. J. (1975).- La mesure de l'évolution génétique des populations au moyen des lignées témoins. *Bull. Tech. Dép. Génét. Anim.*, 19: 4-20.
- 2) CROW, J. (1954).- Breeding structure of populations. II. Effective population number. *Statistics and Mathematics in Biology*. Ed. O. Kempthorne, T. A. Bancroft, J. W. Gowen, and J. L. Lush. Ames: Iowa State College Press. pp. 543-556.

- 3) FALCONER, D. S. (1960) - *Introducción a la genética cuantitativa*. Ed. Ceesa. Méjico.
- 4) FALCONER, D. S. (1960) - The genetics of litter size in mice. *J. Cell Comp. Physiol.*, 56: 153-167.
- 5) FUENTE, L. F. (1983) - Selección para prolificidad y peso corporal en el ratón (*Mus musculus*). *Tesis doctoral*. Facultad de Veterinaria. León.
- 6) FUENTE, L. F. y SAN PRIMITIVO, F. (1983) - Parametros genéticos y fenotípicos de una población de ratón albino (*Mus musculus*) estirpe NMRI. *An. Fac. Vet. León*, 29: 167-177.
- 7) HILL, W. G. (1972) - Effective size of populations with overlapping generations. *Theor. popul. Biol.*, 3: 500-505.
- 8) KEMTHORNE, O. (1969) - *An introduction to Genetic Statistics*. The Iowa State. University Press.
- 9) MATHERON, G. y CHEVALET, C. (1977) - Conduite d'une population témoin de lapins. Evolution à court du coefficient de consanguinité selon le schéma d'accouplement. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, 9: 1-13.
- 10) OLLIVIER, L. (1973) - Le calcul de l'effectif génétique des populations animales. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, 5: 363-368.
- 11) ROCHAMBEAU, H.; CHEVALET, C. y MALAFOSE, A. (1979) - Le controle de la consanguinité dans les petites populations. *Bull. Tech. Dep. Génét. Anim.* 31. INRA, Paris, 122 pp.
- 12) ROBERTSON, A. (1964) - The effect of non-random mating within inbred lines on the rate of inbreeding. *Genet. Res.*, 32: 157-179.
- 13) SOLANO, A. (1980) - Consanguinidad y parentesco originados por diversos esquemas de apareamiento en poblaciones cerradas de tamaño constante. *Genet. Iber.* 32: 157-179.
- 14) WRIGHT, S. (1922) - Coefficients of inbreeding and relationship. *Am. Nat.*, 56: 330-338.
- 15) WRIGHT, S. (1923) - Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurements of inbreeding and relationship. *J. Hered.*, 14: 339-348.
- 16) WRIGHT, S. (1931) - Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16: 97-159.
- 17) WRIGHT, S. (1940) - Breeding structure of populations in relation to speciation. *Amer. Nat.*, 74: 232-248.