

Implementación de la valoración genómica en España

Primeras pruebas genómicas nacionales de la raza FRISONA ESPAÑOLA

Ya están aquí las primeras pruebas genómicas oficiales de la raza Frisona Española. Después de tres años de trabajo en equipo y estrecha colaboración entre CONAFE, el Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente (MAGRAMA), el Instituto Nacional de Investigación Agraria (INIA), y los cuatro programas de testaje españoles (Aberekin, Ascol, Genética y Xenética Fontao), este hecho ya es una realidad.

Las valoraciones genéticas llevadas a cabo por CONAFE en las dos últimas décadas –basadas en los datos del control lechero, de la calificación morfológica y las genealogías registradas en el libro genealógico–, fueron el motor de una mejora genética sostenida de la raza Frisona Española no solo en caracteres productivos, sino también en caracteres morfológicos y funcionales. Dicha mejora ha contribuido a hacer la ganadería española de vacuno de leche más competitiva y rentable.

La incorporación de la información genómica a los procesos de valoración genética va suponer un impulso mayor al progreso genético alcanzado. Dado que se reducen los plazos para tomar decisiones de selección, aumentan las opciones para elegir mejores animales, y suben las fiabilidades con las cuales se publican las pruebas genéticas, y por lo tanto se toman las decisiones.

Esta implementación, va a hacer que la ganadería de vacuno de leche en nuestro país siga avanzando y no pierda terreno en términos de nivel genético medio de sus animales con respecto a países de nuestro entorno que ya han incorporado la información genómica a sus programas en los últimos años. El objetivo de este artículo es presentar las primeras pruebas genómicas de la raza Frisona Española, describir en qué consisten, e intentar explicar las implicaciones que tienen sobre los procesos de selección de los padres de la siguiente generación y las estrategias de acoplamiento que tenemos que seguir en nuestras ganaderías.

1. Ecuaciones de Predicción Genómicas

El cálculo de las ecuaciones de predicción genómicas ha sido realizado por el INIA, sobre una población de referencia de 22.300 animales con pruebas de descendencia de bastante fiabilidad y genotipados con el chip de 50K de Illumina. Una población de referencia bastante amplia que hace que estas ecuaciones sean bastante fiables,

obtenida gracias a la incorporación de CONAFE al acuerdo de intercambio de genotipos, suscrito por varias empresas europeas bajo el nombre de EU-ROGENOMICS.

Las ecuaciones de predicción relacionan las variaciones presentes en las bases del genoma con sus méritos genéticos. Estas variaciones, llamadas polimorfismo de un único nucleótido (SNP), son las que marcan la diferencia entre el mérito genético de un animal y otro. Por ello, estimar el efecto de cada una de esas variaciones sobre cada carácter, nos permite tener una valoración del mérito genético de un animal recién nacido, sin información propia, en cada uno de los caracteres estudiados, a partir de la secuencia de los SNP's presentes en su genoma.

La estima de los efectos de los SNP's y la generación de las ecuaciones de predicción genómicas se actualizará dos veces al año. En cada actualización se incorporarán a la población de referencia los nuevos genotipos de animales que cumplan las condiciones de fiabilidad mínima.

2. Valor Genómico Directo (VGD)

El Valor Genómico Directo (VGD) de un animal para un carácter determinado, se calcula sumando el efecto de cada SNP presente en el genoma de dicho animal. El VGD nos ofrece una valoración con una fiabilidad determinada del mérito genético de un animal obtenida a partir de la información presente en su genoma. Dicha fiabilidad depende de muchos parámetros, como el número de animales en la población de referencia, la fiabilidad de las pruebas de los animales que forman parte de dicha población de referencia, la heredabilidad de cada carácter, el parentesco que hay entre los animales a predecir y los animales que están en la población de referencia, la metodología utilizada para estimar las ecuaciones de predicción, etc.

El cuadro 1, muestra la fiabilidad de los Valores Genómicos Directos calculados para cada carácter calculados sobre nuestra población. Son fiabilidades moderadas, no muy altas, pero se asemejan a valores estimados en otras poblaciones. Una fiabilidad cercana al 60% en muchos caracteres, nos aporta una información equivalente a una prueba de descendencia de un animal con más o menos 10 hijas.

Las fiabilidades de los VGD's de los caracteres morfológicos de patas y días abiertos son algo más bajas que el resto de caracteres, indicando

que las valoraciones genómicas para estos caracteres hay que utilizarlas con precaución. No obstante, nos ofrecen más información que los índices de pedigrí que se suelen utilizar para animales sin información propia.

El cuadro 2 muestra las correlaciones entre los VGD's y los índices genéticos por descendencia para varios caracteres. Son correlaciones moderadamente altas para los caracteres productivos e índices de tipo, y algo más bajas para recuento, índice de patas y longevidad. Estas correlaciones muestran que puede haber variaciones entre los valores genómicos directos y las pruebas por descendencia, una vez el animal empieza a tener información propia. De hecho, en términos generales alrededor del 5% de los animales varía su prueba genómica de su índice de descendencia en más de una desviación típica, pero a medida que va teniendo más hijas las dos pruebas se van haciendo más similares. El hecho de que las dos pruebas puedan ser diferentes para animales concretos, no nos tiene que preocupar, mas bien nos tiene que impulsar a utilizar las pruebas genómicas pero teniendo en cuenta en todo momento que pueden variar y por lo tanto no hacer una apuesta clara por un animal determinado y utilizarlo de forma masiva en nuestra ganadería, por muy buena que sea su prueba genómica.

3. Índice Genómico Combinado para cada carácter (IGC)

El índice genómico combinado se calcula combinando el valor genómico directo con el índice de pedigrí o el índice genético de cada carácter aplicando la teoría de los índices de selección.

Los pesos con los cuales se pondera cada fuente de información dependen de la fiabilidad de cada prueba y la ganancia de información que le aporta la genómica.

El cuadro 3, muestra un ejemplo de cómo se calcula el IGC para kilos de leche para 4 toros con distinta casuística. A medida que un animal va teniendo más hijas, la información genómica le aporta menos información y por lo tanto el peso de su VGD va bajando.

Los índices ICU, IPP, ICAP, IGT o ICO no se combinan como tal. Primero, se combinan los caracteres de forma individual, luego se calcula cada índice sobre los caracteres combinados.

4. Fiabilidad del Índice Genómico Combinado

La fiabilidad del índice genómico combinado para cada carácter y para cada animal, se calcula en función de la ganancia en fiabilidad que aporta su prueba genómica a su prueba final. A medida que un animal va teniendo más información propia, la ganancia en fiabilidad debida a la genómica va disminuyendo. Los gráficos 1, 2 y 3 (siguiente página) muestran la contribución de cada tipo de información a la hora de calcular la fiabilidad del Índice Genómico Combinado de Kg de Proteína, Profundidad de Ubre, Recuento de células Somáticas y Longevidad para tres tipos de toros.

La ganancia en fiabilidad de un animal sin información propia para los caracteres productivos varía del 20 al 30%, dependiendo del carácter. Para los caracteres morfológicos, la ganancia varía del 5 al 20%. Los caracteres morfológicos de patas como Vista posterior de patas y Miembros y aplomos, son los que menos ganancia alcanzan. El recuento de células somáticas gana 20% en fiabilidad y la longevidad 11%.

Cuadro 1. Fiabilidad de los valores genómicos directos			
	Fiab. VGD (%)		Fiab. VGD (%)
kilos de leche	58	Inserción Anterior	62
kilos de grasa	60	Inserción Posterior	66
kilos de Proteína	57	Ligamento Suspensor	64
Estatura	58	Profundidad de Ubre	50
Anchura de Pecho	62	Colocación Pez Ant.	56
Profundidad Corporal	64	Colocación Pez Post.	47
Angulosidad	76	Longitud Pezones	48
Angulo Grupa	49	Movilidad	40
Anchura Grupa	50	RCS	51
Vista lateral Patas	47	Longevidad directa	59
Vista Post. Patas	36	Longevidad combinada	65
Angulo Podal	49		
Miembros y Aplomos	40	Días abiertos	47

Cuadro 2. Correlación entre los VGD y los índices genéticos por descendencia	
Carácter	R ²
kg leche	0,91
kg Proteína	0,91
Recuento Células Somáticas	0,82
Longevidad	0,61
Índice Patas	0,79
Índice de Ubre	0,91
Índice de Capacidad	0,89
Índice General Tipo	0,94
ICO	0,92

Cuadro 3. Cálculo del IGC en kilos de leche para 4 toros de distinta casuística				
$IGC_{cada\ carácter} = b_1 * \text{Índice Genético} + b_2 * VGD$				
Donde	$b_1 = \frac{Fiab_{\text{Índ. Genético}}}{Fiab_{\text{Índ. Genético}} + Ganancia_{\text{Genómica}}}$			
	$b_2 = \frac{Ganancia_{\text{Genómica}}}{Fiab_{\text{Índ. Genético}} + Ganancia_{\text{Genómica}}}$			
	Toro A	Toro B	Toro C	Toro D
Año nacimiento	2003	2007	2006	2010
Fiabilidad kg leche	99	91	72	
Hijas	4729	131	25	
rebaños	1624	106	10	
Índice Kilos leche	1037	732	870	
VGD kg leche	1022	351	517	1103
Índice Pedigrí Kg leche				1248
Fiabilidad Índice Pedigrí				30
Ganancia de Genómica (%)	0,90	4,05	12,61	23,76
Toro A: Un animal con muchas hijas $IGC_{kg\ leche} = 0,991 * \text{Ind. Kilos de leche} + 0,009 * VGD_{kg\ leche} = 1037$ Fiab = 99%				
Toro B: Un animal con bastantes hijas $IGC_{kg\ leche} = 0,957 * \text{Ind. Kilos de leche} + 0,043 * VGD_{kg\ leche} = 716$ Fiab = 95%				
Toro C: Un animal con pocas hijas $IGC_{kg\ leche} = 0,851 * \text{Ind. Kilos de leche} + 0,149 * VGD_{kg\ leche} = 817$ Fiab = 85%				
Toro D: Un animal joven sin hijas $IGC_{kg\ leche} = 0,342 * \text{Ind. Pedigrí Kg leche} + 0,659 * VGD_{kg\ leche} = 1152$ Fiab = 70%				

Gráfico 1. Fiabilidad del Índice Genómico Combinado para un Toro con más de 400 hijas



Gráfico 2. Fiabilidad del Índice Genómico Combinado para un Toro con menos de 100 hijas

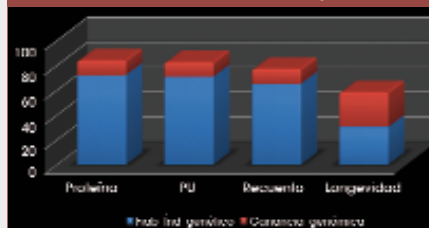
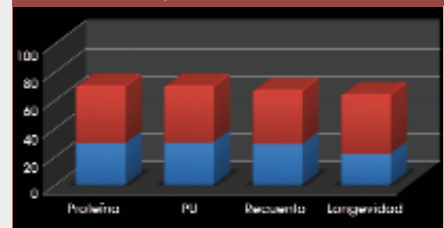


Gráfico 1. Fiabilidad del Índice Genómico Combinado para un Toro sin hijas: "Genómico"



5. Publicación de las pruebas

Las pruebas genéticas que se publican tanto en la revista como en la web de CONAFE, son pruebas combinadas, que combinan la prueba genómica con la prueba de descendencia, y se indica con la letra "G" en el campo TPG. Si un animal no fue genotipado, dicho campo estará vacío, y su prueba corresponde solamente a su prueba de descendencia.

Los toros en prueba, ahora prácticamente son todos toros con prueba genómica, llamados comúnmente "Genómicos". En cada evaluación CONAFE, publicará un listado con los 50 mejores toros genómicos que tienen como mínimo una edad de 11 meses y que están en servicio. Estos animales, nos ofrecen una genética nueva, con una prueba basada en su información genómica y su índice de pedigrí, con una fiabilidad del 70%. Es una fiabilidad razonable para arriesgar algo mas y utilizar este tipo de animales en nuestra ganadería, pero siempre diversificando, y nunca apostando por un solo animal por muy buena que sea su prueba genómica.

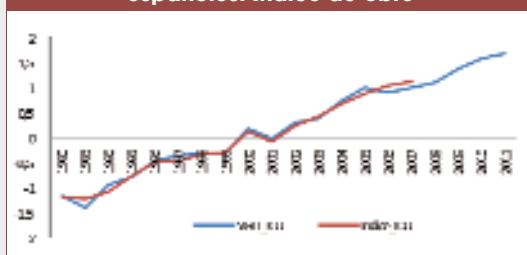
6. Progreso genético

Las gráficas 4, 5 y 6 muestran el progreso genético de los toros españoles estimado a partir de las pruebas de descendencia y a partir de las pruebas genómicas. Se ve claramente que el nivel genético medio para los índices de kilos de proteína, ICU e ICO, estimado a través de las pruebas de descendencia o a través de las pruebas genómicas es prácticamente idéntico. Lo que confirma, que las dos fuentes de información estiman de forma similar el mérito genético de los animales.

Gráfico 4. Progreso Genético de los toros españoles: kilos de proteína



Gráfico 5. Progreso Genético de los toros españoles: Índice de Ubre



Se espera que una vez que las decisiones de selección tomadas en los programas de testaje empiecen a basarse en información genómica, la pendiente de la curva del progreso genético se acentuará más hacia arriba en cada una de estas características, dado que se recorta el intervalo entre generaciones, y aumentará la intensidad de selección y la fiabilidad de las pruebas.

7. Servicio de valoración genómica continuo: CONAFE GENÓMICO

CONAFE pone a disposición de los ganaderos el nuevo servicio de valoración genómica de hembras. La valoración genómica de los machos es disponible solo para los programas de testaje españoles, porque así lo exige el acuerdo con EU-ROGENOMICS.

Hay dos modalidades para genotipar, el genotipado de baja densidad y el de alta densidad. Para las hembras, el más adecuado, es el de baja densidad, dado que es más económico, aunque es ligeramente menos preciso.

En la tercera semana de cada mes, se calcularán los índices genómicos de los animales enviados a genotipar el mes anterior. El índice genómico de una novilla o una ternera, es una herramienta muy útil a la hora de tomar decisiones de selección y planificar las estrategias de acoplamiento en nuestra ganadería.

Las pruebas genómicas de las hembras son muy informativas en comparación con los índices genéticos calculados hasta ahora, dado que el índice genómico de una ternera recién nacida nos estima el mérito genético de dicho animal en kilos de leche con una fiabilidad del 70%, sin embargo el índice genético en kilos de leche calculado para una vaca que ha terminado su primera lactación alcanza como mucho una fiabilidad del 43%.

La genómica brinda una herramienta muy útil para mejorar el nivel genético de nuestras vacas seleccionando bien las madres de la siguiente generación y planificando bien el acoplamiento ideal para cada una de ellas.



Gráfico 6. Progreso Genético de los toros españoles: ICO

