

Cromosomas clave en los distintos caracteres

Como vimos en el número anterior de la revista, es posible identificar la aportación de cada parte del genoma del animal a su valor genómico directo final. Los resultados mostraban cómo los caracteres evaluados en el vacuno de leche están controlados por infinidad de genes localizados en todos los cromosomas. Sin embargo, también es posible determinar cuáles de estos cromosomas tienen un peso mayor.

A partir de las evaluaciones genómicas de noviembre de 2013 se estimaron los valores genómicos por cromosoma de todos los animales evaluados y se analizó –mediante un modelo lineal de regresión– la importancia de cada cromosoma. Finalmente, se escogieron para cada carácter aquellos cromosomas que aportaban más información a partir de los resultados de un análisis *Step-wise* (Tabla 1).

Como se puede observar, los cromosomas 22 a

29 no aparecen en ningún carácter entre los más informativos. Esto es debido a que son los de menor tamaño y por tanto contienen menor cantidad de información genética. Esta es una muestra más de que los caracteres de interés con los que trabajamos están controlados por un número muy elevado de genes de pequeño efecto individual.

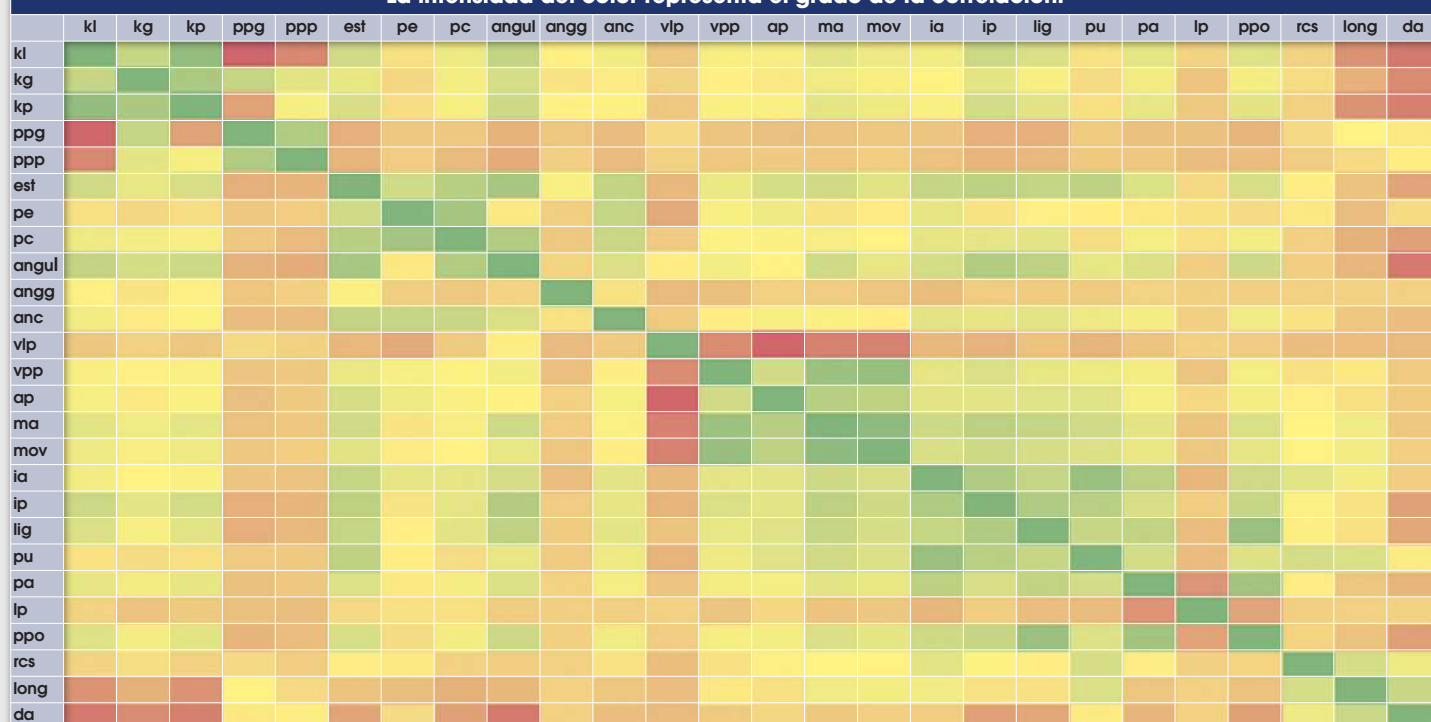
Dentro de los cromosomas marcados, se observa cómo el cromosoma 14 aparece en todos los caracteres de producción excepto Proteína, mientras que el 2 aparece en los componentes y el 5 en Kilos de leche y Porcentaje de grasa. En Porcentaje de proteína tenemos también el 6 y el 20.

Respecto a los caracteres de capacidad, tenemos el 5 que aparece en Estatura, Anchura de pecho, Profundidad corporal y Angulosidad, mientras que el 1 aparece en Ángulo de grupa y el 19 en Anchura de grupa. También tendrían importancia el 7 en Estatura y el 10 en Angulosidad.

Tabla 1. Pares de cromosomas con mayor información genómica para cada carácter.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
Kilos de Leche (kl)					X									X															
Kilos de Grasa (kg)		X												X															
Kilos de Proteína (kp)		X												X															
% de Grasa (ppg)					X									X															
% de Proteína (ppp)						X								X						X									
Estatura (est)					X		X																						
Anch. Pecho (pe)					X																								
Prof. Corporal (pc)					X																								
Angulosidad (angul)					X					X																			
Angulo Grupa (angg)	X																												
Anch. Grupa (anc)																			X										
ICAP					X																								
Vista Lateral Patas (vlp)			X																										
Vista Posterior Patas (vpp)													X																
Angulo Podal (ap)		X																											
Miembros y Aplomos (ma)													X																
Movilidad (mov)													X																
IPP													X																
Inserción Anterior (ia)													X	X															
Inserción Posterior (ip)					X							X																	
Ligamento Susp (lig)												X	X																
Prof. Ubre (pu)												X	X																
Col. Pez. Ant. (pa)																					X								
Long. Pezones (lp)					X																								
Col. Pez. Post. (ppo)													X																
ICU												X	X																
IGT					X							X																	
RCS													X																
Longevidad (lon)						X					X																		
Días Abiertos (da)						X																							
ICO							X				X																		

Figura 1. Gráfico de correlaciones entre los valores genómicos directos de la población genotipada. Verde: correlaciones positivas; rojo: correlaciones negativas; amarillo: caracteres incorrelacionados. La intensidad del color representa el grado de la correlación.



En patas tenemos el 11 en Vista posterior, Miembros y aplomos y Movilidad mientras que el cromosoma más importante en Vista lateral es el 3 y en Ángulo podal el 2.

En cuanto a los caracteres de ubre, el 11 aparece en Ligamento, Profundidad y Colocación de pezones posteriores; el 10 en Inserción posterior y Ligamento; y el 5 en Inserción posterior y Longitud de pezones. También tenemos el 12 y 13 en Inserción anterior y el 21 en Colocación de pezones anteriores.

En relación a los caracteres funcionales, el 12 aparece en recuento, el 6 y 11 en longevidad y el 6 en días abiertos.

Finalmente, con respecto al ICO, los dos cromosomas más informativos serían el 11 –que como se ha visto es importante en varios caracteres de tipo– y el 7, que a priori sólo aparecía destacado

en Estructura pero sin embargo sí tiene importancia en muchos caracteres.

La pregunta es, **¿cómo podemos ayudarnos de esta información para seleccionar los animales de la forma más eficaz?**

Es bien conocido que dentro de un programa de selección donde influyen varios caracteres, aparecen correlaciones genéticas negativas entre ellos; es decir, en ocasiones cuando mejoramos un carácter empeoramos otro (Figura 1).

En esta figura podemos observar en color rojo las principales correlaciones genómicas negativas observadas en los animales genotipados en nuestra población. Comenzando por la parte superior izquierda, vemos las que relacionan de forma negativa los Porcentajes de grasa y proteína con Kilos de leche, como era de esperar.

También son destacables las que encontramos



Distribuidores
exclusivos de
PONDEROSA HOLSTEINS
para España
y Portugal



EmbrioVet

EmbrioMarket

• **ANGUS, la raza llamada a liderar el mercado de carne de calidad**

- **WAGYU, BROWN SUISSE, FLECKVIEH, PUSTERTALER SPRINZEN...**
¿cuál está buscando? Pídanos información.
- **¿PREÑAR VACAS DIFÍCILES? Solución: TRANSFERENCIA EMBRIONARIA TERAPÉUTICA.**
Embriones disponibles.
- **RAZA HOLSTEIN: LOS MEJORES PEDIGRÍS EN NUESTRO CATÁLOGO.**
Opción de embriones disponibilidad inmediata y animales para contratar.
Consulte condiciones.
- **VENTA DE ANIMALES HOLSTEIN. Posibilidad de financiación.**

GANDAGRO 2014
Visite Nuestro stand
promociones
solo en feria

¡AÚN NO TIENE SEGURO EN SU EXPLOTACIÓN!
¡Pídanos PRESUPUESTO SIN COMPROMISO! ¡Financiación total sin coste adicional!



daniel@embriovet.es
administración@embriovet.es
móvil 649 809 064
javiersabin@embriovet.es
móvil 616 138 613

javier@embriomarket.com
administración@embriomarket.com
móvil 636 977 610



TODA LA INFORMACIÓN QUE NECESITES EN:

www.embriomarket.com • Tel: 981 791 843 - 649 239 488

entre Vista lateral de patas con el resto de caracteres de patas.

Por otro lado, en el extremo superior derecho tenemos las correlaciones negativas entre Longevidad y Días abiertos con los caracteres de producción. Además Días abiertos también presenta correlaciones negativas con Angulosidad y de forma más débil, con Profundidad, Estructura, Inserción posterior y Colocación de pezones posteriores.

Para contestar a la pregunta que planteábamos antes, una posible respuesta sería tratar de buscar zonas del genoma donde no se produzcan estas correlaciones negativas y tratar de seleccionar

animales en base a este conocimiento.

Obviamente las correlaciones más claras como por ejemplo entre Kilos de leche, grasa y proteína y Porcentajes de grasa y proteína responden en realidad al mismo proceso metabólico y por tanto, la correlación negativa, como era de esperar, es negativa en todas las áreas del genoma.

Sin embargo, en el caso de otras correlaciones negativas menos fuertes o no tan claramente definidas como puede ser el caso de Longevidad y producción, encontramos regiones como, por ejemplo, los cromosomas 10, 18, 24, 25, 28 y 29 donde la correlación es incluso positiva (Figura 2).

Figura 2 Gráfico de correlaciones por cromosoma entre los valores genómicos directos en longevidad y los caracteres de producción

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
kg grasa																													
kg leche																													
kg prote.																													



Utilizando esta información sería posible hacer más eficiente la selección de algunos de los caracteres clave minimizando los efectos negativos sobre otros.

Conclusión

Debemos continuar insistiendo en que los caracteres evaluados en vacuno lechero están controlados por un número muy elevado de genes distribuidos a lo largo de todo el genoma. También es cierto que existen diferencias entre los distintos pares de cromosomas en cuanto a su efecto sobre dichos caracteres.

Detectando estos pares de cromosomas, la selección genómica nos permite hacer más eficiente la selección, por ejemplo, haciendo mayor hincapié en las regiones con efecto sobre los caracteres clave y que a su vez no suponen un deterioro de ciertos caracteres. O bien, en aquellas otras regiones donde se encuentran combinaciones de genes positivas para varias características.

en el próximo número...

Consanguinidad genómica

En el número anterior de la revista, Nino Gutiérrez de Sdad. Coop. El Pandío nos comentaba que, al igual que para otros muchos ganaderos, **su mayor problema era la consanguinidad**. Como principal consecuencia exponía la **dificultad cada vez mayor a la hora de utilizar toros élite**, ya que estos se encontraban muy emparentados con las vacas de su explotación.

El programa de mejora genética de CONAFE tiene en cuenta la consanguinidad y los posibles efectos sobre la producción, la morfología y la funcionalidad de los animales. **Mediante el programa de acoplamiento CONAFEMAT es posible controlarla de forma eficiente**. Con respecto a otros caracteres no incluidos en los índices, como pueden ser las enfermedades asociadas a genes recesivos, el control se realiza mediante la identificación de toros portadores, quedando como decisión del ganadero asumir el riesgo de usarlos o no.

De nuevo, los programas de acoplamiento, cuyo uso recomendamos encarecidamente,

permiten tomar estas decisiones de forma automática. Con estas herramientas podemos manejar la consanguinidad de la explotación, pero tienen el coste de limitar el uso de algunos toros top como nos comentaba Nino. Sin embargo se puede hacer algo más...

Actualmente, **es posible mejorar notablemente la forma en que nos enfrentamos a la consanguinidad**. En el próximo número de Frisóna Española entraremos en más detalle en cómo las herramientas genómicas nos permiten controlar la consanguinidad y sus posibles efectos adversos de una forma mucho más eficaz.

Sirva como adelanto un ejemplo en el que dispongamos de un grupo de toros genómicos top que sean hermanos completos o hijos del mismo padre. En este caso es factible, a día de hoy, determinar el nivel de parentesco a nivel genómico entre estos sementales y nuestras vacas. De esta forma, es posible realizar acoplamientos entre parientes que, sin embargo, comparten menos material genético que el esperado a partir de la información genealógica.

Por tanto, para obtener el mayor rendimiento de las herramientas genómicas, **es fundamental avanzar en el genotipado de nuestras vacas**.