

Consanguinidad genómica

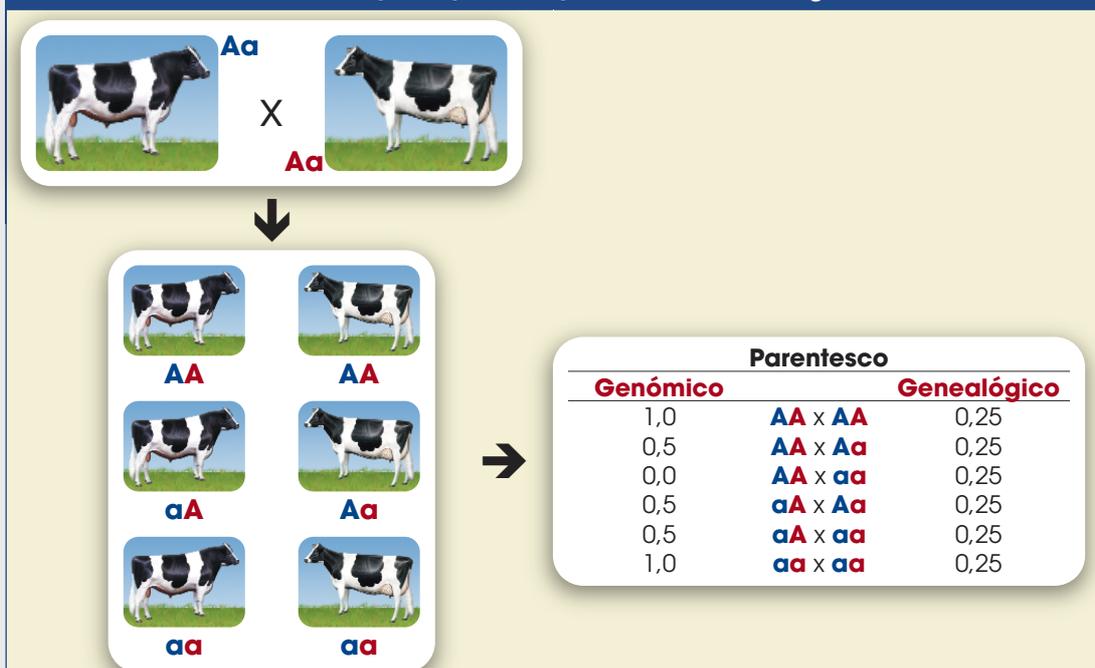
En un número anterior de la revista, Nino Gutiérrez de Sdad. Coop. El Pandío nos comentaba que, al igual que para otros muchos ganaderos, **su mayor problema era la consanguinidad**. Como principal consecuencia exponía la dificultad cada vez mayor a la hora de utilizar toros élite, ya que éstos se encontraban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

Tradicionalmente, el parentesco entre individuos y su consanguinidad se han estimado a partir de la información genealógica. El programa de mejora genética de CONAFE integra esta información estimando los posibles efectos sobre la producción, la morfología y la funcionalidad de los animales. Por tanto, la primera recomendación sería el **uso de un programa de acoplamiento como el CONAFEMAT** disponible en www.conafe.com; este tipo de programas ayudan a gestionar la consanguinidad 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, permiten tomar estas decisiones de forma automática.

Afortunadamente, en este momento podemos hacer algo más. Gracias al genotipado masivo es posible conocer con más precisión el grado de parentesco entre dos individuos.

En el ejemplo de la Figura 1 se muestran un toro y una vaca que tras ser genotipados se observa que son heterocigotos, es decir, han recibido un alelo distinto de su padre y de su madre ("A" y "a") en una posición concreta del genoma, un SNP por ejemplo. Si tras hacer embriones con la vaca estos dos individuos dejan descendencia (tres hijos y tres hijas), esta progenie podrá portar los siguientes genotipos para esa posición: "AA", "Aa" o "aa". Teniendo en cuenta estos genotipos posibles, el parentesco genómico, es decir, la probabilidad de que un descendiente reciba el mismo alelo ("A" o "a") del padre y de la madre, entre estos hermanos variaría entre 0 y 1, tal y como se muestra en la Figura 1. Es decir, para una posición en concreto nos podemos encontrar con que el toro y la vaca porten "AA" y por tanto todos sus hijos recibirían el mismo alelo en ese punto (parentesco genómico = 1), o bien que uno sea "AA" y el otro "aa" y por tanto todos sus hijos recibirán un alelo distinto de su padre y de su madre, "A" de uno y "a" del otro (parentesco genómico = 0). Sin embargo, el parentesco genealógico entre este

Figura 1. Comparación entre el cálculo del parentesco genómico y el genealógico entre hermanos completos para una posición concreta del genoma

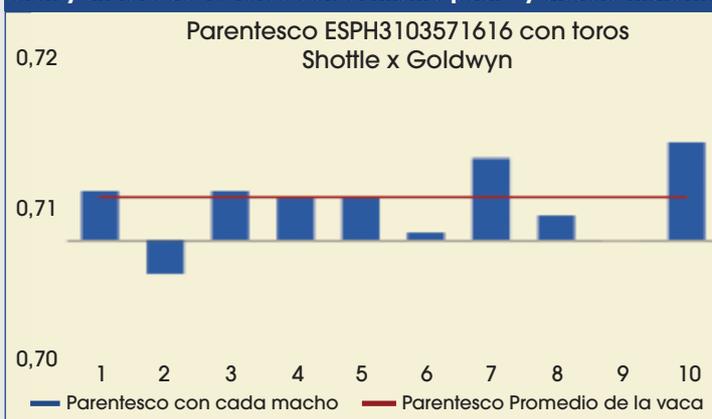


José Antonio Jiménez, Delfino Hernández, Dpto. Técnico de CONAFE y Silvia T. Rodríguez-Ramilo, Dpto. de Mejora Genética Animal del INIA

grupo de hermanos sería siempre 0.25 (la probabilidad que podemos estimar si no conocemos el genotipado real de cada individuo).

Este ejemplo trata de explicar cómo se calcula el parentesco genómico y que es lo que significa empleando única y exclusivamente una posición genómica. Sin embargo, en la realidad no se usa una sola posición para realizar el cálculo sino muchas. En el gráfico 1, se muestra un ejemplo real con las posiciones genómicas que usamos habitualmente en las evaluaciones genómicas (52,886 SNPs). Las barras muestran el parentesco genómico entre una vaca de nuestra población y diez toros con la misma genética (Padre y Abuelo Materno). La línea de la que parten las barras indica el parentesco genómico promedio de nuestra población (0.708), y la línea roja indica el parentesco promedio de esa vaca en concreto con el resto de animales genotipados (0.710). Como se observa es una vaca más emparentada con el resto de animales que la media. De la misma forma, los toros proceden de dos líneas muy utilizadas en los últimos años (Shottle y Goldwyn). Por lo tanto, no es de extrañar que de la mayoría de los acoplamientos se espere que produzcan descendencia más consanguínea que la media. Sin embargo podemos observar como el acoplamiento con los toros 2, 6, 8 y 9 resultaría en un parentesco inferior al promedio para esa vaca. Incluso con el toro 2 la consanguinidad genómica se estima que estaría por debajo de la media de la población. Es decir,

Gráfico 1. Parentesco genómico entre una vaca de la población y un lote de 10 toros con el mismo padre y abuelo materno



estos toros minimizarían el incremento en el nivel de consanguinidad de la explotación en este caso concreto.

Gracias al genotipado es posible conocer qué acoplamientos entre parientes comparten menos material genético que el esperado. Por tanto, para gestionar de forma más precisa la consanguinidad de nuestra explotación, es fundamental avanzar en el genotipado de nuestras vacas.

Consultorio Genómico

En esta nueva sección trataremos de dar respuesta a las preguntas que van surgiendo en relación con la selección genómica. Os animamos a enviar vuestras preguntas a conafe@conafe.com, referencia "Consultorio Genómico"

¿Qué es un animal genómico?

En vacuno lechero, un animal es genómico cuando se ha estimado su potencial genético para los caracteres de interés utilizando la información de su genoma¹. Pero ¡OJO!, el animal sigue siendo el mismo, igual de bueno o de malo que antes. Cuando genotipamos² un ternero o una novilla, obtenemos una información sobre su potencial genético más fiable que el índice de pedigrí³. Por tanto, conocemos mejor lo que transmitirán a la descendencia.

Habitualmente, los machos que se comercializan en base exclusivamente a su prueba genómica tienen valores muy altos. En algunos casos, la prueba de descendencia cuando tenga muchas hijas será inferior a lo

predicho por la genómica, pero estos casos serán menos y con menor caída que los antiguos toros en prueba sin genómica. Por supuesto, otros serán incluso mejores a lo predicho por la genómica. Debemos recordar siempre que en términos de fiabilidad, un toro genómico es un paso intermedio entre un antiguo toro joven en prueba y un toro probado.

En definitiva, usar toros genómicos con valores altos significa usar los mejores animales del mercado, pero, asumiendo el riesgo de que alguno de ellos (pocos) no serán finalmente tan buenos como se ha predicho.

¿Se llama ICO al índice con información genómica?

Sí, el ICO es nuestro índice de se-

lección donde se integra la información del control lechero, las calificaciones morfológicas, la importancia económica de cada una de ellas y las relaciones genealógicas de todos los animales de la población. El objetivo es utilizar toda la información disponible para evaluar nuestros animales de la mejor forma posible.

Siguiendo este mismo criterio, para aquellos animales genotipados se añade la información procedente de su evaluación genómica mejorando de esta forma la fiabilidad. Es decir, reduciendo las diferencias entre la predicción en ese momento y lo que sería la futura prueba de descendencia con muchas hijas.

Por tanto, todos los animales están evaluados en la misma escala mediante el ICO. Aquellos donde se ha utilizado información genómica están marcados con una G. El objetivo es mostrar al usuario la información a partir de la cual se obtiene la valoración, de forma similar a como se detalla el número de hijas.

¹ **Genoma:** Todo el ADN contenido en un organismo o célula, es decir, el material hereditario donde se encuentran los genes.

² **Genotipado:** Análisis de laboratorio donde a partir de una muestra biológica del individuo se determina la composición del ADN del individuo en distintas posiciones

³ **Índice de pedigrí:** Valor genético de un individuo sin dato propio o de su descendencia que se calcula por tanto a partir del valor genético de su padre y de su madre.