

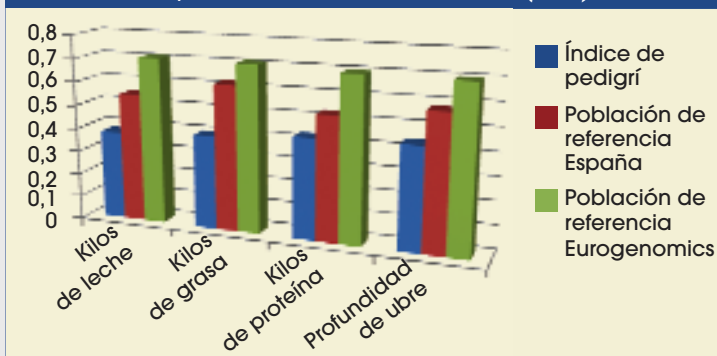
Importancia de la recogida de datos en la era genómica

Mantener la fiabilidad de las evaluaciones

El programa de CONAFE es uno de los pocos privilegiados a nivel mundial por contar con una población de referencia de gran tamaño con más de 25.000 toros probados con hijas. Por tanto puede ofrecer evaluaciones de la máxima fiabilidad. En el gráfico 1, se muestra la correlación entre las predicciones y las pruebas finales por descendencia de nuestros toros cuando estos se habían seleccionado por índice de pedigrí, con genómica usando sólo la población de referencia española (≈ 2.000 toros) o bien usando la población de referencia de Eurogenomics en las primeras evaluaciones de 2012 (≈ 20.000 toros).

Gráfico 1. Precisión del índice de pedigrí y de las predicciones genómicas usando la población de referencia Española y la población completa de Eurogenomics en 2012.

Adaptado de Jiménez-Montero et al, (2012).

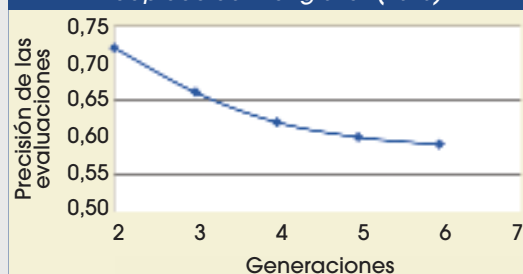


Dentro de esta población de referencia, **los animales que aportan una información de más utilidad son los últimos toros probados por descendencia**, estos portan combinaciones genéticas más parecidas a los animales a evaluar ya que su relación genealógica será más cercana (padres, hermanos...).

Por tanto, para mantener la fiabilidad de las evaluaciones genómicas al nivel competitivo que tenemos ahora, es más necesario que nunca seguir incorporando año tras año nuevos toros probados a la población de referencia. De lo contrario, la fiabilidad de las evaluaciones comenzaría a disminuir. En el gráfico 2 se puede observar cómo afecta a la precisión de las evaluaciones genómicas el hecho de que la distancia (en generaciones) entre los animales evaluados y los que componen la población de referencia aumente.

Gráfico 2. Precisión de los valores genómicos respecto a la distancia en generaciones entre animales en la población de referencia y los animales a evaluar.

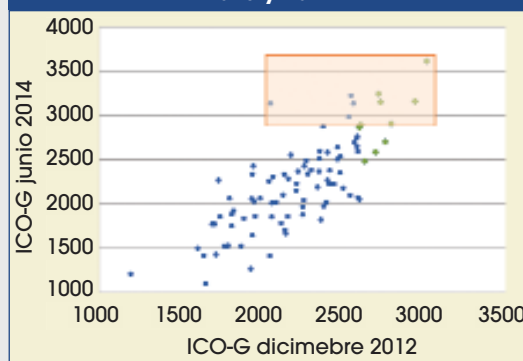
Adaptado de Zhang et al. (2010).



Validación de las predicciones genómicas

El progreso del vacuno de leche se ha basado principalmente en el uso masivo de relativamente pocos toros muy fiables. La selección genómica cambia ligeramente el escenario por un mayor uso de animales que no alcanzan esos niveles tan elevados de fiabilidad y que por tanto deben de validar sus pruebas con hijas para mantener el sistema bajo control. En el gráfico 3 se muestra la comparativa entre el ICO actual de los últimos toros probados y su predicción genómica en las primeras evaluaciones oficiales de Diciembre de 2012.

Gráfico 3. Comparativa entre los valores genómicos en Diciembre 2012 y Junio 2014 de toros que han sido probados por descendencia en 2013 y 2014.



Como ya comentábamos en el número anterior de la revista, el mejor toro por genómica coincide con el mejor toro tras su prueba, además 6 de los 10 mejores toros probados ya estaban entre los 10 mejores por genómica. Sin embargo, **apare-**

cen algunos animales con pruebas mejores a sus predicciones genómicas y otros con resultados opuestos. Esta nueva información es la que permite mejorar las predicciones genómicas en el futuro.

Incorporación de nuevos caracteres

A todo lo comentado anteriormente hay que añadir que gracias a la selección genómica podemos trabajar eficazmente con nuevos caracteres que hasta ahora eran difícilmente incorporables en los programas de selección. Para ello **el punto clave es sin duda ninguna la buena recogida de datos**. Ejemplos de estos caracteres serán la salud podal (Figura 1) cuya toma de datos se realiza desde la aplicación I-SAP accesible desde la web de CONAFE.

Otro ejemplo muy de actualidad es la eficiencia alimenticia que mediante la colaboración internacional en proyectos como el GMDI en el que se encuentra integrado CONAFE, permitirá obtener evaluaciones genómicas.

En el gráfico 4 se muestra la correlación entre las pruebas genómicas de ingesta de materia seca en 78 vacas y sus fenotipos. Puede apreciarse que todavía queda mucho camino por recorrer en este tipo de caracteres pero que ya es posible comenzar a seleccionar por ellos y por tanto conseguir animales más rentables.

Conclusiones

A lo largo de la historia de la ganadería, se han ido desarrollando distintas metodologías y tecnologías que permiten aumentar la eficacia con la que se identifican aquellos animales cuya descendencia estará más adaptada a los objetivos de selección. Sin embargo, **la base de la mejora siempre ha sido, es y será conocer y recoger aquellas características (datos) de nuestros animales que tienen relación con dichos objetivos**.

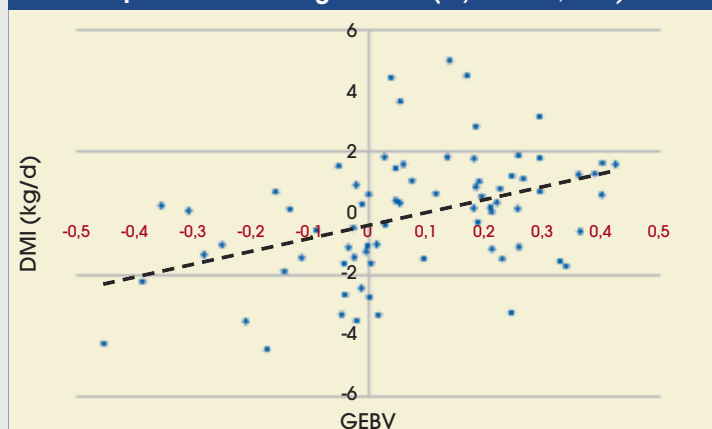
Bibliografía

- Jiménez-Montero, J.A., O. González-Recio, R. Alenda, and J. Pena. 2012. Genomic evaluation using machine learning algorithms in the Spanish Holstein population. *Interbull Bull.* 46:66-71.
- Pryce, J.E., O. Gonzalez-Recio, J.B. Thornhill, L.C. Marett, W.J. Wales, M.P. Coffey, Y. de Haas, R.F. Veerkamp, and B.J. Hayes. 2014. Short communication: Validation of genomic breeding value predictions for feed intake and feed efficiency traits. *J. Dairy Sci.* 97:537-542.
- Zhang, Z., J. Liu, X. Ding, P. Bijma, D.-J. de Koning, and Q. Zhang. 2010. Best Linear Unbiased Prediction of Genomic Breeding Values Using a Trait-Specific Marker-Derived Relationship Matrix. *PLoS ONE.* 5:e12648. doi:10.1371/journal.pone.0012648.

Figura 1. Captura de pantalla del programa ISAP donde se identifican los principales problemas podales identificados en nuestros animales para un correcto seguimiento de los tratamientos aplicados y para su incorporación en futuras evaluaciones genéticas.



Gráfico 4. Valores genómicos (GEBV) para DMI calculados para 78 vacas lecheras australianas usando una predicción multinacional (Australia, Holanda y Reino Unido) frente a los fenotipos para DMI corregidos por los efectos fijos (estado de gestación y número de parto). La línea de puntos es la regresión del fenotipo sobre el valor genómico (Pryce et al., 2014)



“...para mantener la fiabilidad de las evaluaciones genómicas (...), es más necesario que nunca seguir incorporando año tras año nuevos toros probados a la población de referencia. De lo contrario, la fiabilidad de las evaluaciones comenzaría a disminuir.”

Consultorio

Genómico

¿Qué es lo más importante en un programa genómico?

Desde los inicios de la selección genómica como nueva herramienta, han surgido voces que pronosticaban el fin de la recogida de datos como base fundamental de los programas. Pronto se demostró lo contrario, los datos son incluso más necesarios y útiles que antes, ya que dan lugar a mayores progresos genéticos.

En esta sección tratamos 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”