

Combinación ideal de cromosomas en la población genotipada

VGD_ICO 9992

Los caracteres e índices evaluados con la ayuda de la información procedente del genotipado se suelen publicar para cada individuo como **Valor Genómico Directo (VGD)** o **Combinado (GEBV)**, junto a la información de las evaluaciones tradicionales.

Sin embargo, para cada animal se pueden calcular sus valores genómicos referidos a cada uno de los 29 pares de Autosomas (Cromosomas no sexuales). De esta forma, es posible identificar los puntos fuertes y débiles del genoma de un animal en concreto y buscar el acoplamiento ideal en función de los mismos.

Tras realizar la evaluación genómica de noviembre 2013, se han calculado los valores genómicos directos de los 29 cromosomas de cada animal genotipado localizando las 29 mejores parejas de cromosomas (Tabla 1).

parte, los novillos genómicos **Arco**, **ESPM0911095862**, **Ursus** y **Pastor** poseen los cromosomas de más valor 17, 21, 22 y 25 respectivamente.

Se puede observar que en el listado aparecen animales de alto valor genómico que superan la barrera del 3000, y otros animales con valoraciones más modestas, incluso por debajo de 1500, cuya genética –desde este punto de vista– también podría ser interesante.

Teóricamente, combinando los 29 animales portadores de estos cromosomas obtendríamos el animal ideal (Figura 1) con un VGD_ICO de **9992**.

Los cromosomas donde se han identificado animales con un mérito genético mayor con respecto a la media de la población son el 3, 5, 6, 11 y 14, en los cuales la mejor pareja de cromosomas obtendría más de 350 puntos sobre la media. Por el contrario, las parejas 27 y 29 explican una menor

Tabla 1. País de procedencia y sexo de los animales portadores de cada una de las 29 parejas de autosomas con el mayor Valor Genómico Directo para ICO (VGD_ICO), valor de dicho cromosoma y VGD_ICO Total del animal calculado como la suma de las 29 parejas de cromosomas.

Pareja de cromosomas	País/Sexo	VGD_ICO Cromosoma*	VGD_ICO	Pareja de cromosomas	País/Sexo	VGD_ICO Cromosoma*	VGD_ICO
1	EE UU/M	328	2390	16	Holanda/M	398	1769
2	España/H	376	3796	17	España/M	423	2900
3	Holanda/M	358	3416	18	Holanda/M	728	1718
4	Holanda/M	562	3174	19	Gran Bretaña/M	135	1773
5	Finlandia/M	585	1044	20	Francia/M	648	2799
6	Holanda/M	168	3106	21	España/M	301	2590
7	Holanda/M	491	3406	22	España/M	297	2831
8	Dinamarca/M	217	2284	23	Alemania/M	340	3919
9	España/H	330	2746	24	Dinamarca/M	345	1912
10	Alemania/M	70	1885	25	España/M	313	3363
11	Gran Bretaña/M	420	3214	26	Francia/M	162	1674
12	Dinamarca/M	250	1479	27	Francia/M	227	2237
13	Holanda/M	311	1386	28	EE UU/M	427	3551
14	Holanda/M	199	1188	29	Francia/M	229	2491
15	EE UU/M	354	2862	Suma total VGD_ICO_Cromosoma: 9992			

* La media de la población para cada cromosoma individual presenta valores distintos de 0 por lo que estos valores máximos no son indicativos de la importancia del cromosoma en el VGD_ICO.

En el listado de animales portadores de alguna de las mejores parejas de cromosomas nos encontramos con seis animales españoles: cuatro machos y dos hembras. Por ejemplo, la novilla número 2 del ranking **Caneda Yona Mascalse** y la vaca **Diputacio Bolton 478** son las portadoras de las mejores parejas de cromosomas 2 y 9. Por su

proporción del VGD_ICO total; aun así es posible encontrar individuos con más de 150 puntos sobre la media debidos a estos cromosomas. Al ser los efectos estimados aditivos, todo el genoma tiene efecto sobre el valor VGD_ICO del animal.

Conclusión

Como era de esperar, los caracteres de importancia económica en la producción de vacuno lechero son complejos desde el punto de vista del

José Antonio Jiménez y Noureddine Charfeddine.
Departamento Técnico de CONAFE

área del genoma con efecto sobre los mismos. Por tanto, es necesario tener en cuenta todo el genoma del animal para detectar animales mejorantes.

Algunos de los cromosomas más interesantes para un programa de selección pueden encontrarse en animales cuyo mérito genético total no sea extraordinario, identificar estos animales y trabajar con ellos puede resultar en nuevas combinaciones de alto valor genético.

Los valores máximos encontrados en la población y la media para cada cromosoma de la misma serán los dos puntos de referencia a la hora de presentar los resultados de valores genómicos directos por cromosoma. De esta forma será posible visualizar para qué cromosomas es mejorante el animal y, también, la distancia que le separa del máximo alcanzable. Como ejemplo, en la figura 2 se presentan los VGD_ICO por cromosoma de **Heidenskipster Salnes** el toro número 1 del catálogo de genómicos noviembre 2013. En el valor 0 se sitúa la media de la población genotipada para cada cromosoma y en la columna de fondo el valor máximo observado.

Podemos apreciar cómo este toro tiene un genotipo excepcional por encima de la media en 27 de las 29 parejas de cromosomas, siendo muy destacado en 1, 3, 15, 18 y 28. Pese a ello, es fácil apreciar el potencial de mejora que incluso el

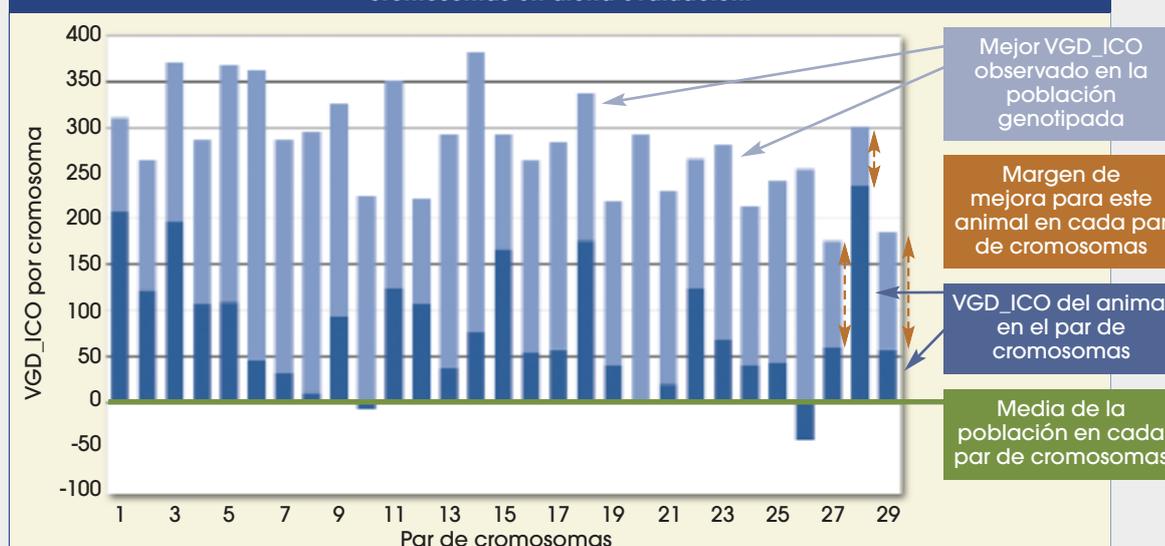
mejor animal de la población tiene; en este caso las parejas 10 y 26 se encuentran por debajo de la media y en otras, como la 6, 7, 8, 20 o incluso la 14, aunque están por encima de la media, todavía se puede mejorar mucho.



Figura 1. VGD_ICO de las 29 mejores pares de autosomas detectados en la población genotipada con respecto al VGD_ICO medio para cada una de ellos.



Figura 2. VGD_ICO por cromosomas del toro "Heidenskipster Salnes" según la evaluación genómica noviembre 2013 de CONAFE, frente al valor máximo observado para cada par de cromosomas en dicha evaluación.



en el próximo número...

En un estudio paralelo se está analizando la aportación de cada cromosoma en la mejora de los distintos grupos de caracteres. Los resultados preliminares muestran que el principio en que se basa la selección genómica (Modelo infinitesimal de Fisher) por el cual los caracteres de interés están controlados por un número elevado de genes con pequeño efecto, se cumple en la mayoría de los casos y por tanto el análisis del genoma completo (o mediante chip de alta densidad) es el sistema ideal para tratar de estimar el valor genómico de un individuo.

A pesar de ello, es posible trabajar a nivel de cromosoma para optimizar el progreso en caracteres concretos. Por ejemplo el cromosoma 14 –que es el cromosoma de los componentes de leche por excelencia– lo encontramos como determinante en producción seguido del 2, el 5 y el 7. Los cromosomas 6 y 3 aparecen entre los primeros para proteína, pero no en leche y grasa.

Los cromosomas 5 y 7 –que destacan para productivi-

dad– son los más importantes en capacidad, lo cual confirmaría la correlación existente entre producción de leche y estructura y capacidad.

Respecto al resto de grupos, no hay cromosomas tan destacados, pero los más relevantes son comunes entre patas y ubres variando el orden: 11, 8, y 10 en patas y 10, 11 y 8 en ubres. El cromosoma 11, aparte de expresar una parte importante de la variabilidad genética de los caracteres de patas y ubre, es determinante a la hora de analizar la longevidad; asimismo contribuye, aunque con menos importancia, en expresar la variabilidad del recuento celular.

En los tres caracteres de funcionalidad –Recuento, Días Abiertos y Longevidad– encontramos destacado el cromosoma 6, un cromosoma que ya ha sido definido como el de la proteína; podría ocurrir que los efectos en estos caracteres fuesen en sentido antagónico entre productividad y funcionalidad. Estos datos orientativos son preliminares y serán completados en futuros estudios.