

ESTUDIO DE LA PRECISIÓN REALIZADA OBTENIDA EN LOS DOS AÑOS DE EVALUACIONES GENÓMICAS EN EL VACUNO LECHERO ESPAÑOL

Jiménez-Montero, J.A.¹, Charfedinne, N.¹ y González-Recio, O.^{2,3}

¹ CONAFE - Confederación de Asociaciones de Frisona Española

² INIA – Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias

³ Department of Environment and Primary Industries (Australia)

Ctra. de Andalucía, km. 23,600 - 28340 Valdemoro (Madrid).

Joseantonio.jimenez@conafe.com

INTRODUCCIÓN

La selección genómica (SG) en vacuno de leche ha supuesto un gran avance en la precisión con la que se predicen los valores genéticos. Las primeras evaluaciones genómicas oficiales españolas se publicaron en Noviembre de 2012 empleando la población de referencia (PR) del consorcio Eurogenomics. La selección de terneros por parte de los centros de inseminación artificial se basa desde entonces en estas predicciones genómicas. Esto supone que los terneros candidatos a sementales proporcionan un mayor salto en el progreso genético de la población. La mayor fiabilidad genera la confianza suficiente como para que el ganadero esté dispuesto a pagar un precio mayor por terneros testados genómicamente. Aunque aún hay una corriente conservadora que prefiere seguir usando toros con prueba de progenie.

Con SG es además posible obtener evaluaciones de hembras con una fiabilidad que previamente sólo era alcanzada por vacas con muchos partos, y por tanto demasiado tarde en la vida del animal como para tomar decisiones de selección. Ahora esta fiabilidad se alcanza antes de la primera cubrición de las novillas (Jiménez-Montero y García-García, 2014). En la actualidad, la mayoría de estas pruebas genómicas se realizan con el chip diseñado específicamente para la población de EUROGENOMICS denominado EuroG10K, que incluye una región privada española modificable año a año donde se pueden incluir SNPs de interés para estudios de investigación en vacuno de leche y carne. En el diseño de actual han intervenido junto a CONAFE el laboratorio Xenetica Fontao, Neiker, la UCM y la UNIZAR dotando al chip de marcadores de interés para distintos propósitos.

En este trabajo comparamos las primeras evaluaciones genómicas en España con las pruebas de descendencia de esos toros que en el 2012 eran toros genómicos. El objetivo es determinar empíricamente la precisión de las primeras evaluaciones genómicas españolas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se usaron valores genómicos de 214 terneros calculados en las pruebas de Noviembre de 2012 con el método Random Boosting (González-Recio et al., 2013). Posteriormente estos valores genómicos directos se combinaron con las pruebas tradicionales para obtener los valores genómicos oficiales. Estas predicciones se compararon con las evaluaciones oficiales de Noviembre de 2014, que fueron realizadas utilizando el método BLUP de prueba de descendencia. Se usaron sólo aquellos toros sin datos de progenie en 2012 y con al menos 20 hijas en producción y tipo en 2014.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Figura 1 muestra la precisión realizada (correlación de Pearson) del índice de pedigrí y de las pruebas genómicas oficiales de Noviembre de 2012, comparadas con las pruebas de progenie de Noviembre de 2014. La prueba genómica fue más precisa para los 12 caracteres analizados, con un incremento medio del 42% en la precisión. En el caso del porcentaje de grasa, el incremento fue más del doble, mientras que el menor incremento se observó para fertilidad, con un 6%. El índice ICO, que combina caracteres de producción, tipo y funcionales, es un 29% más preciso si se usa información genómica (0,68 vs 0,53).

La Figura 2 muestra un gráfico de puntos comparando la prueba genómica combinada del 2012, con la prueba de progenie de 2014. La prueba genómica predice la prueba de progenie futura con una menor diferencia con la prueba de progenie que el índice de pedigrí. Un 42% de las pruebas genómica para el ICO tuvo una diferencia de menos de 200 puntos mientras que el índice de pedigrí un 39% de pruebas variaron en menos de 200 puntos. Un 34% de las pruebas de índice de pedigrí variaron en más de 400 puntos, y de éstas, un 35% lo hizo en más de 600 puntos. La prueba genómica se separó en más de 400 puntos sólo

para el 25%, Y sólo un 6% sobre el total varió más de 600 puntos. Mantener el control de rendimientos permite detectar estas desviaciones e incorporar estos toros con nueva información a la PR para futuras evaluaciones. Hay que destacar que estos errores de predicción tuvieron signo positivo o negativo de manera independiente al valor genómico predicho en 2012. No se observa por tanto una sobreestimación sistemática del valor de estos animales siendo el coeficiente de regresión para este grupo de animales de 0.99.

Teniendo en cuenta estos resultados, y asumiendo una reducción del intervalo generacional en la línea padre-hijo de 4 a 3 años y manteniendo el intervalo generacional de la línea madre-hija constante, es posible calcular el incremento en progreso genético en puntos de ICO. En la línea hembra, el progreso genético en ICO utilizando SG aumentaría en un 28%, mientras que en la línea macho, el progreso genético puede aumentar hasta un 71%. El progreso genético en ICO de los toros españoles entre los años 2000 y 2012, antes de la SG, fue de 62 puntos de ICO por año. Con SG, el progreso genético habría sido de 45 puntos más de ICO al año (107) en toros, y de 17 puntos más al año (79) en hembras.

En la figura 3 se muestra el incremento en el uso de toros jóvenes, tradicionalmente el toro en prueba suponía un 30% del total, con la llegada de la genómica estos toros se han convertido en un nuevo producto que está ganando cuota de mercado.

En conclusión, las evaluaciones genómicas implementadas en 2012 en el ganado Holstein español han resultado muy superiores en precisión y fiabilidad a lo ofrecido anteriormente por el índice de pedigrí. Además, el progreso genético en el objetivo de selección se ha incrementado en un 72 y un 28% en las líneas padre-hijo y madre-hija, respectivamente. Es conveniente seguir trabajando para incrementar aún más la fiabilidad de las pruebas genómicas utilizando métodos y procedimientos más precisos, así como en la implementación más efectiva de la SG en las granjas comerciales

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Charfeddine, N., Rodríguez-Ramilo, S.T., Jiménez-Montero, J.A., Carabaño, M.J., & González-Recio, O. 2013. Non parametric vs. GBLUP model for genomic evaluation with large reference population in Holstein cattle. Interbull Bull. 47.
- González-Recio, O., Jiménez-Montero, J.A., & Alenda. R. 2013. The gradient boosting algorithm and random boosting for genome-assisted evaluation in large data sets. J. Dairy Sci. 96:614-624.
- Jiménez-Montero, J.A., García-García, M.E., 2014. La revolución genómica en la mejora genética animal. Su implementación en el vacuno lechero. Ed. Agrícola. P. 54

Agradecimientos: ABEREKIN, ASCOL, XENETICA FONTAO, GENETICAL y MAGRAMA por su colaboración en la puesta en marcha de las evaluaciones genómicas nacionales.

Precisión realizada predicción genómica

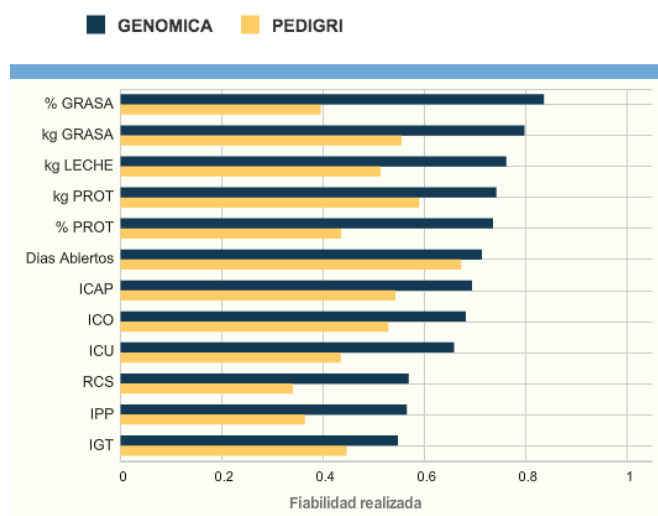


Figura 1. *Fiabilidades realizadas de las pruebas genómicas oficiales de Noviembre de 2012 para los caracteres más importantes en el vacuno lechero español.*

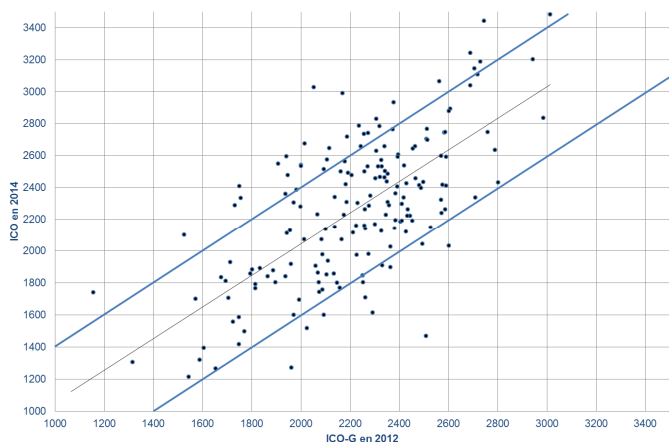


Figura 2. *Gráfico de puntos y recta de regresión entre los valores genómicos combinados de 177 toros sin hijas en Noviembre 2012 y con al menos 20 hijas con dato en producción y tipo en Noviembre de 2014*

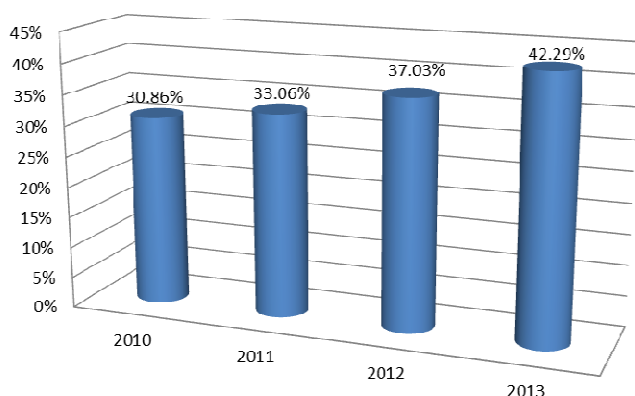


Figura 3. *Uso de toros en España con edad inferior a 24 meses respecto al total*

STUDY ON THE REALIZED ACCURACY OBTAINED DURING THE TWO YEARS OF GENOMIC EVALUATIONS IN THE SPANISH DAIRY CATTLE

ABSTRACT: Genomic-assisted evaluations were first officially implemented in the Spanish dairy cattle in November 2012. Those genomic bulls are now progeny tested. Here, we evaluated the realized reliability of the first genomic evaluations by comparing the genomic predictions with the progeny proof. The genomic proofs were more accurate than the pedigree index for the 12 analysed traits. The genomic proofs were, in average, 42% more accurate than the pedigree index. For the total merit index (ICO), the genomic proof was 29% more accurate compared to the pedigree index. Bias was also smaller with the genomic proofs, with prediction closer to the ‘a posteriori’ observed progeny proofs. Almost half of the genomic predictions (42%) differed in less than 200 points of ICO from the posterior progeny proof, compared to the 39% for pedigree index. Further, 12% of the pedigree indices varied in more than 600 points of ICO compared to the progeny proof, whereas only 6% of the genomic proofs had such a large prediction bias. The genetic progress for the total merit index (ICO) increased between 28 and 71 % for the dam-cow and sire-bull paths.

Keywords: Genomic selection, genomic evaluations, realized reliability.