

SELECCIÓN GENÓMICA EN LA RAZA OVINA DE LECHE LATXA CARA RUBIA

Granado-Tajada^{1*}, I. y Ugarte¹, E.

¹Departamento de producción animal, NEIKER-Tecnalia, Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Campus Agroalimentario de Arkaute s/n, E-01080 Arkaute, España.

*igranado@neiker.eus

INTRODUCCIÓN

Numerosos estudios han mostrado que, también en ovino lechero, incluir información genómica hace posible estimar con mayor precisión los valores genéticos de los animales candidatos a la selección (Baloche et al., 2014; Barillet et al., 2014). La implementación de la selección genómica en la raza Latxa fue estudiada por primera vez en 2014, junto con la de otras razas del Pirineo Occidental (Manech y Basco-Béarnaise) (Legarra et al., 2014). Los resultados obtenidos resultaron de difícil interpretación y no fueron concluyentes ni uniformes para ninguna de las tres variedades de raza Latxa con las que se trabajó. Este hecho se atribuyó a varias razones, entre ellas al limitado número de animales genotipados (exclusivamente machos de inseminación artificial) de los que se disponía y a la débil relación de parentesco existente entre los machos que constituían el grupo de entrenamiento y el grupo de validación. Surgía como consecuencia la necesidad de que, una vez solventados estos problemas, volver a realizar estos estudios y analizar los resultados. Desde entonces, el programa, a la vez que seguía recogiendo los datos fenotípicos, ha ido genotipando todos los machos utilizados en inseminación artificial disponiendo en la actualidad de datos genotípicos más completos. El trabajo que aquí se presenta muestra los resultados obtenidos al analizar, con una base de datos más consolidada, las precisiones obtenidas en las evaluaciones genómicas frente a las obtenidas en las evaluaciones genéticas clásicas, en el caso de Latxa Cara Rubia (LCR) para producción de leche.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio incluyó datos de 392295 lactaciones y 150164 animales en pedigrí procedentes del programa de control lechero y facilitados por la Confederación de Asociaciones de Criadores de Ovino de Raza Latxa (CONFELAC). El número de animales en datos fue de 133230. El carácter evaluado fue la producción de leche estandarizada a 120 días, que presenta una heredabilidad de 0,22 (estimación propia, datos sin publicar). Tras los controles de calidad, se incluyeron 277 machos de inseminación artificial genotipados con Illumina OvineSNP50 BeadChip e información molecular de 39230 SNPs (en el trabajo de 2014, se incluyeron 195 machos).

Tanto para la evaluación genética clásica como para la evaluación genómica se aplicó un modelo animal con repetibilidad incluyendo: rebaño-año-mes, la combinación de edad y número de parto, número de corderos vivos e intervalo parto primer control como efectos fijos y el efecto genético aditivo y permanente ambiental como aleatorios (Legarra, 2002). Ambas evaluaciones se realizaron con programas de la familia Blupf90 (Misztal et al., 2002) utilizando en el caso de la evaluación genómica un single step (ssGBLUP).

Para medir las precisiones obtenidas con cada una de las metodologías, los datos se dividieron en dos subgrupos: subgrupo de validación con machos nacidos entre 2012 y 2014 y subgrupo de entrenamiento en el que se incluyeron todas las cohortes anteriores. El número y características de los machos se muestran en la tabla 1.

La precisión de cada una de las metodologías se estimó a través de la correlación (R) entre los valores genéticos predichos (EBV) y los estimados con datos de progenie (TEBV) en los machos del grupo de validación, midiéndose también los sesgos (b_0) y las pendientes (b_1) en la regresión lineal realizada a tal efecto:

$$TEBV = b_0 + b_1 EBV + e$$

Debido al reducido tamaño del grupo de validación, se utilizó un procedimiento bootstrap repitiendo la estimación de R, b_0 y b_1 1000 veces. La correlación se corrigió utilizando la fórmula planteada por Mäntysaari et al., (2010):

$$R_{\text{validación}} = R(EBV, TEBV) \sqrt{(1+k)/EDC}$$

Donde $k = (4-h^2)/h^2$, EDC = número equivalente de hijas y h^2 = heredabilidad.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la tabla 2 se muestran los valores de la precisión corregida, sesgos y pendiente obtenidos con ambos modelos tanto en el trabajo actual como en el mencionado trabajo anterior. Se aprecia que las estimas de precisión obtenidas al incluir información molecular son superiores (0,42 vs 0,38), lo que representa un aumento del 10%. En el mismo sentido, el sesgo se reduce en el caso de las evaluaciones genómicas. La correlación entre valores genéticos y genómicos para los animales del grupo de validación fue de 0,97.

Respecto a los resultados obtenidos en 2014 por Legarra y col., que también mostraban resultados favorables a la selección genómica para LCR, los valores de estas nuevas estimas son más coherentes ya que un aumento de precisión de 0,30 obtenido en el primer estudio es consecuencia seguramente, tal y como ya se indicaba, de la estructura de datos de la que se disponía. Por otro lado, aquel estudio fue realizado con un modelo macho en el que se utilizó como variable dependiente el DYD (daughter yield deviation), mientras que en este se ha utilizado directamente el dato de producción de las ovejas.

También se ha visto que considerando las valoraciones genómicas, los corderos seleccionados para ser testados proceden de un número mayor de padres (46 respecto de 42) lo que, en principio, resultaría beneficioso en términos de consanguinidad.

Estos resultados avalan el interés de implementar la selección genómica en LCR. No obstante, y dado que el aumento de precisión observado es moderado en comparación con lo reportado en otras razas ovinas (Buisson et al., 2014), será necesario estudiar las posibles estrategias que permitan implementar de forma rentable tanto técnica como económicamente la selección genómica en Latxa Cara Rubia. A tal efecto se analizará el interés de genotipar otro tipo de animales (machos de monta natural, hembras, etc.) y se desarrollará una propuesta de implantación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Baloche, G., Legarra, A., Sallé, G., Larroque, H., Astruc, J. M., Robert-Granié, C. & Barillet, F. 2014. Assessment of accuracy of genomic prediction for French Lacaune dairy sheep. *J Dairy Sci*, 97, 1107-1116.
- Barillet, F., Astruc, J. M., Baloche, G., Buisson, D., Lagriffoul, G., Aguerre, X., Boulenc, P., Fidele, F., Fregeat, G., Giral-Viala, B., Guibert, P., Panis, P., Soulas, C., Larroque, H. & Legarra, A. 2014. Genomic selection in French dairy sheep: Main results and design to implement genomic breeding schemes. 39th ICAR Session. Berlin (Germany).
- Buisson, D., Lagriffoul, G., Baloche, G., Aguerre, X., Boulenc, P., Fidele, F., Frégeat, G., Giral-Viala, B., Guibert, P., Panis, P., Soulas, C., Astruc, J.M. & Barillet, F. 2014. Genomic breeding schemes in French Lacaune and Manech dairy sheep: design and expected genetic gain. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver (Canada).
- Legarra, A., Baloche, G., Barillet, F., Astruc, J. M., Soulas, C., Aguerre, X., Arrese, F., Mintegi, L., Lasarte, M., Maeztu, F., Beltrán de Heredia, I. & Ugarte, E. 2014. Within- and across-breed genomic predictions and genomic relationships for Western Pyrenees dairy sheep breeds Latxa, Manech, and Basco-Béarnaise. *J Dairy Sci*, 97, 3200-3212.
- Legarra, A. 2002. Optimización el esquema de mejora de la raza Latxa: Análisis del modelo de valoración e introducción de nuevos criterios en el objetivo de selección. Departamento de Producción Animal. Universidad Pública de Navarra.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: Proc. 7th WCGALP. Commun. 28-07. Montpellier (France).
- Mäntysaari, E., Z. Liu, and P. VanRaden. 2010. Interbull validation test for genomic evaluations. *Interbull Bull*. 41:17–21.

Agradecimientos:

A CONFELAC, por la aportación de datos de control lechero. Al Departamento de Desarrollo Económico e Infraestructuras de Gobierno Vasco, por la ayuda de formación de jóvenes investigadores en formación y tecnólogos. A POCTEFA por la financiación del proyecto ARDI (EFA208/16) en el que se encuadra este trabajo.

Tabla 1. Número de machos, campaña de nacimiento y EDC medio para cada grupo de animales.

Grupo de entrenamiento				Grupo de validación		
Nº genotipados	Nº no genotipados	Campaña nacimiento	EDC* medio	Nº genotipados	Campaña nacimiento	EDC medio
184	1158	1984-2011	79.76	93	2012-2014	40.26

*: EDC= equivalent daughter deviation.

Tabla 2. Sesgo, pendiente y precisión de las evaluaciones clásicas, genómicas y de su diferencia para producción de leche. Comparación entre resultados de 2014 y 2018.

Estudio	Modelo	Sesgo	Pendiente	R
2018	Pedigrí	34,40±2,28	0,60±0,12	0,38±0,07
	Genómica	15,60±4,65	0,53±0,09	0,42±0,06
	G-P	-18,80±2,37	-0,07±0,03	0,04±0,01
Legarra et al., 2014	Pedigrí	145,81±51,72	-0,08±0,39	-0,05±0,26
	Genómica	91,05±36,72	0,33±0,27	0,26±0,20
	G-P	-50,34±29,12	0,37±0,22	0,30±0,13

GENOMIC SELECTION ON THE LATXA RED FACED DAIRY SHEEP BREED

ABSTRACT:

Several studies have showed that also in dairy sheep the use of genomic information makes the estimation of more accurate breeding values possible. The implementation of genomic selection on Latxa sheep was studied for the first time in 2014 with other Western Pyrenees breeds (Manech and Basco-Béarnaise). Results were neither conclusive nor uniform for the three Latxa breeds considered. This fact was attributed to the limited available genomic data and to the weak relationship between animals from training and validation groups. Therefore, it was considered that the study had to be repeated when more complete and stronger genotyping data were available. This updated study was based on 392295 lactations data, pedigree information of 150164 individuals and genotypes of 277 artificial insemination males to obtain pedigree index estimations (by BLUP) and genomic estimations (by ssGBLUP). The accuracy was estimated as the correlation between predictions of validation group and the evaluation obtained by progeny test. The results showed a rise of 10% in accuracy, when genomic information was included. However, the increase in accuracy was not as high as that reported for other sheep breeds and further studies must be done to determine the best way to implement genomic selection into the breeding programme.

Keywords: Genomic selection, dairy sheep, accuracy, Latxa breeds