



La selección genómica en el sector vacuno lechero español

Juan Pena Alberdi
CONAFE
juan.pena@conafe.com



**Jornada Sobre Selección Genómica en los Programas de Mejora Genética Animal
5 Mayo 2010**

Selección Genómica

**Pruebas con 60-70% de fiabilidad
!!! ...al nacimiento !!**



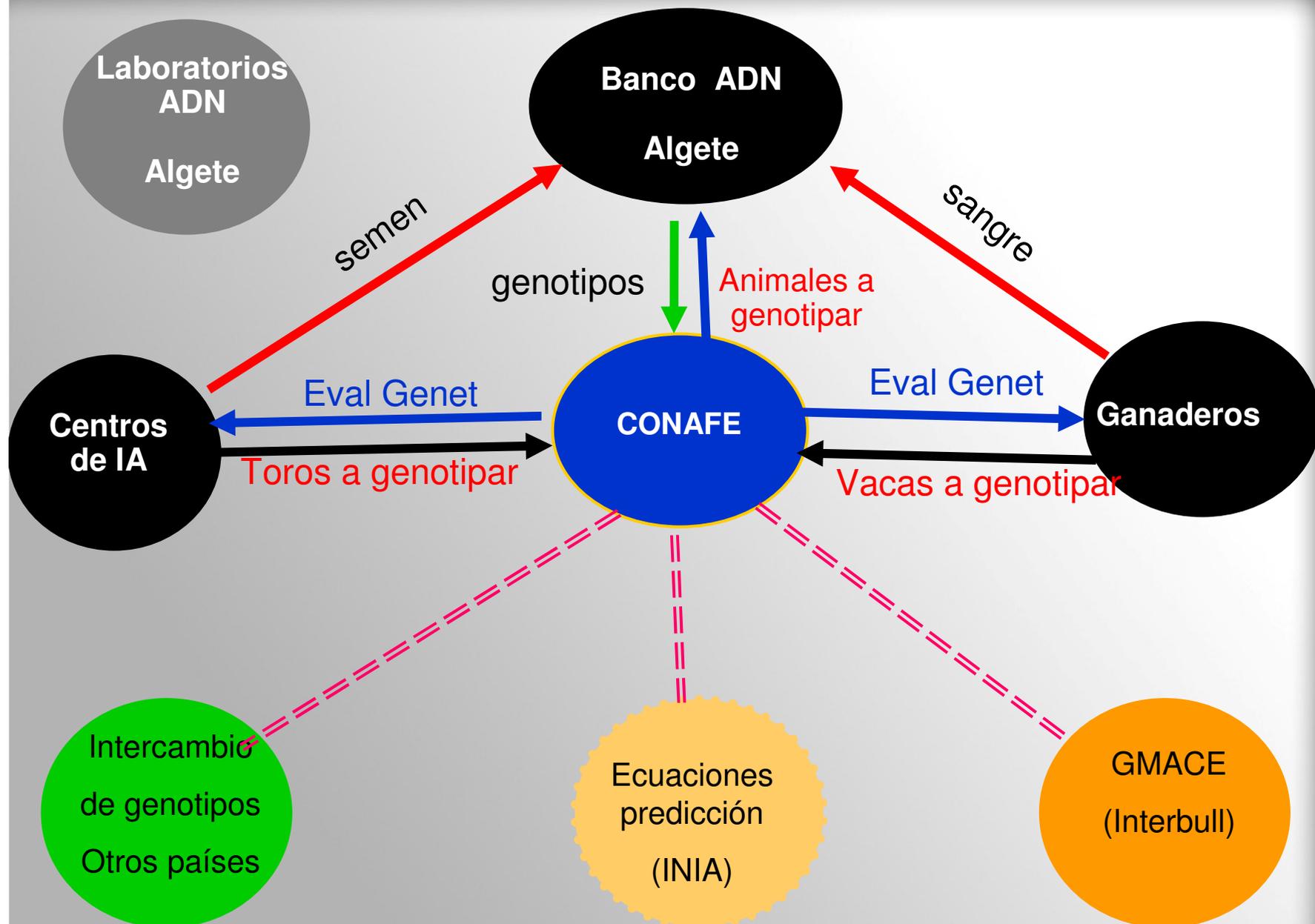
Qué datos para las evaluaciones en ESP

- Datos tradicionales
 - 3,7 millones de animales en genealogía
 - 6,3 millones de lactaciones
 - 2 millones de calificaciones
 - 41 millones de hijas de toros con prueba MACE

supone muchísimo más dinero que el genotipado de unos cuantos miles de toros y vacas

- Nuevos datos: “SNIPS”
 - Genotipos 50K , 3K (o 850K)
 - CONAFE decidirá el uso (estudios, intercambios)
- Nuevos caracteres (p.e. enfermedades)

Flujo de la información



Banco estatal de semen y ADN en 2010

1. En EEUU se centralizó el banco nacional de semen en 1992

2. Contribuciones al banco español

ABEREKIN

ASCOL

CENSYRAS (León, Madrid, Torrelavega, Movera, Badajoz)

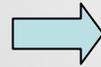
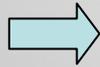
INIA (ADN)

3. Colaboración de Xenética Fontao

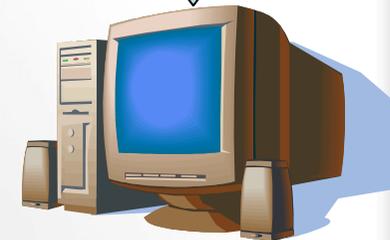
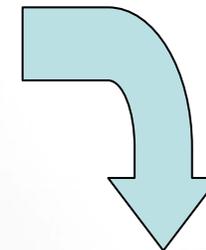
Genotipado inicial de 2000 animales

- **Dirección General de Ganadería del MARM**
 - * Equipamiento del Laboratorio de Algete
 - * 2000 genotipados 50K para poner en marcha la selección genómica en España
 - * Genotipados posteriores: costes por el sector
- Xenética Fontao genotipará sus 625 toros
 - **Total 2.625 toros genotipados**

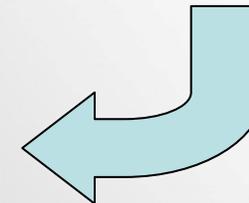
¡ Evaluaciones GENÓMICAS !



¡ Nuevos datos !



España: 2011



Comenzaron a calcularse de forma rutinaria en el
USDA-EEUU en **Abril 2008**
y a partir de ahí todos los países detrás.
En Enero 2009 se incorporan a las evaluaciones oficiales

KP=+60

ICU=+3,00

Fiabilidad=60-70% ¡¡¡ ...al nacimiento !!

(Valor genético = Índice pedigrí + Valor Genómico Directo + Hijas)

Población de referencia por país

(Adaptado de Van Raden, 2010)

País	Toros genotipados y con prueba
Alemania	17,000
Holanda	16,000
Francia	16,000
Dinamarca-Finlandia-Suecia(DFS)	16,000
Estados Unidos	9,300
Canadá	8,800

“Intergenomics HOL” ?? ¿ ~10.000 ?
(CHE, IRL,ISR,ITA,JPN,POL, UK, ESP, ...)

FIABILIDAD al compartir genotipos

Adaptado de Van Raden (2010)

FIAB toros jóvenes

Opciones para añadir datos	Prod.	RCS	Días Abiertos
10,000 toros EEUU +CAN	72%	68%	60%
+7,500 “Intergenomics HOL”	85%	82%	76%
+16,000 Eurogenomics	87%	85%	79%

Población de referencia en España

1. Toros a genotipar: ~2.600 toros

- 1.200 toros españoles nacidos hasta 2005
- 900 toros extranjeros utilizados en España
 - 600 de ellos ya genotipados en Intergenomics HOL
 - 300 con muestra disponible en Intergenomics HOL
- Resto toros extranjeros sin hijas en España

2. Necesidad de compartir genotipos con otros programas “pequeños”

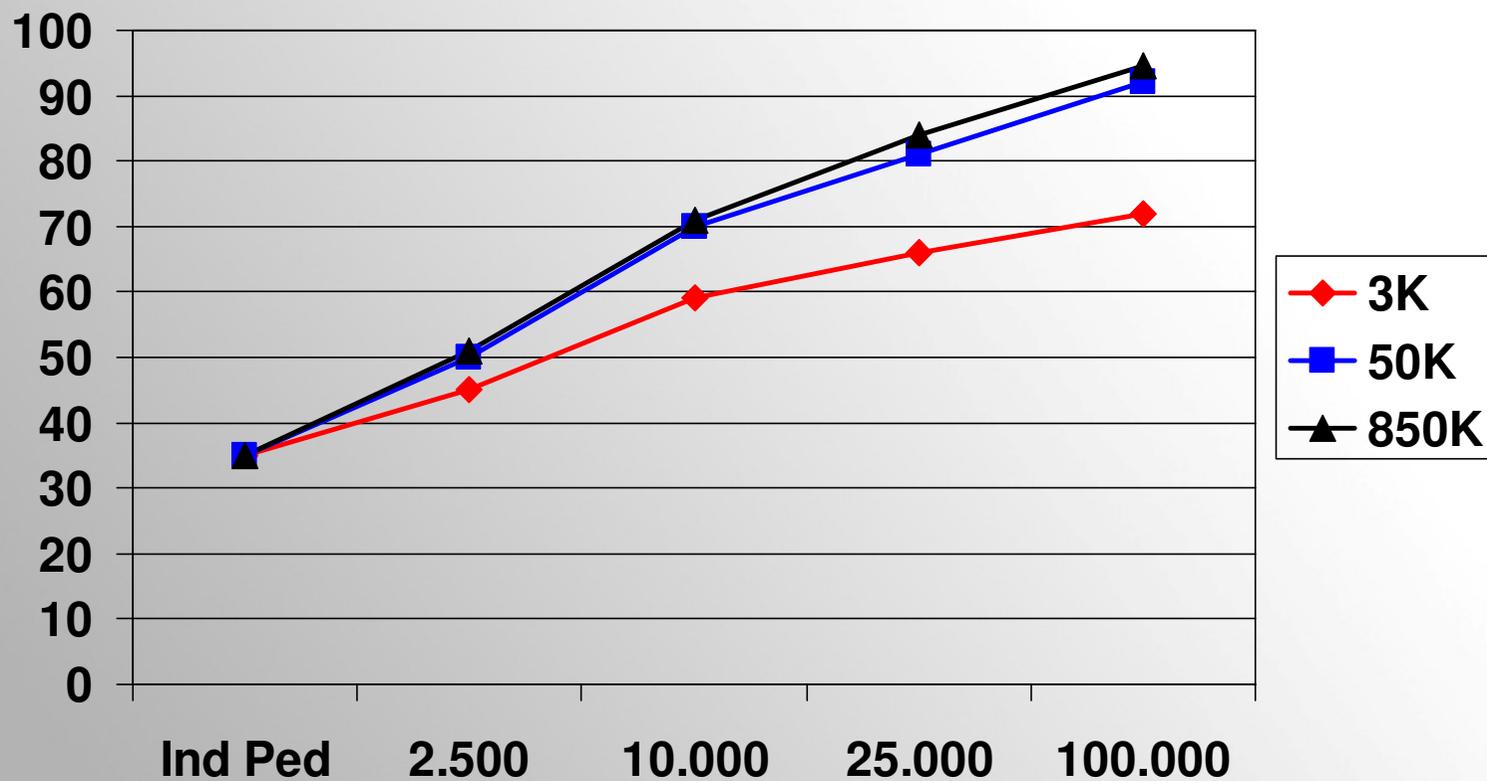
Intergenomics HOL ~10.000 toros

3. ¿Genotipar vacas para la población de referencia?

- genotipado masivo de vacas con el chip 3K? Intercambios? CMACE?

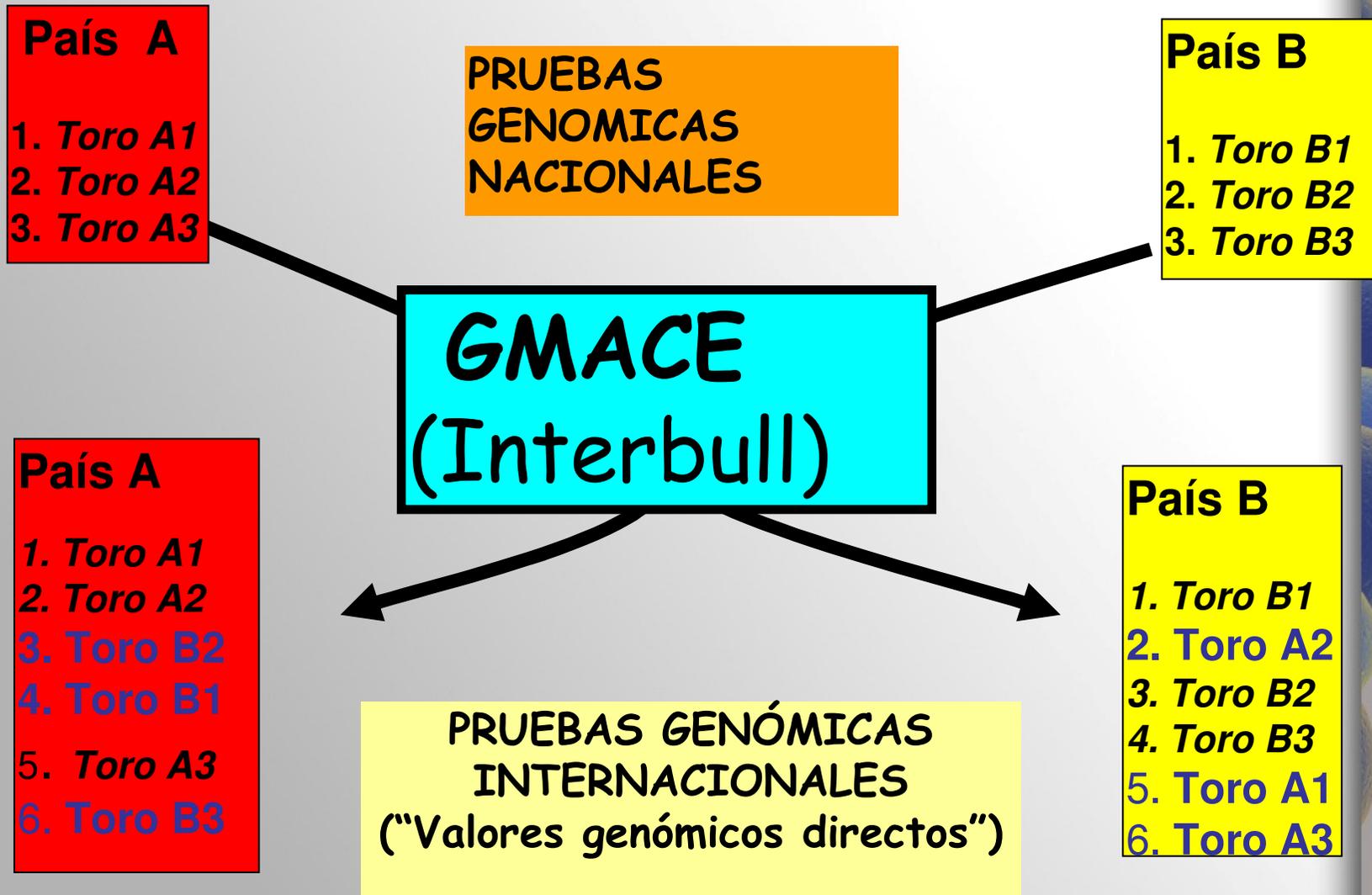
FIAB usando 3K, 50K o 850K

y según el número de toros genotipados



Van Raden (2010)

Evaluación Genómica Internacional: GMACE





Ideas a retener

1. Nuevos datos para las evaluaciones genéticas (“SNIPS”) son una parte pequeña del coste de todos los datos necesarios
2. Compartir genotipos con otros programas “pequeños” nos puede permitir competir mejor con EEUU-CAN y Eurogenomics
3. Interbull debe validar las evaluaciones genómicas nacionales para que la UE las considere oficiales.
4. GMACE para convertir valores genómicos directos entre países

Impacto en el Holstein español (1)

1. Aumento del uso de los toros jóvenes (ojo al precio)

- Presión comercial sobre el ganadero para que use toros con pruebas genómicas de toros sin hijas (“bull teams”)
- Ver la aceptación por los ganaderos
- la clave es si se pretenden vender a precio de toros con prueba de descendencia
- umbral crítico de fiabilidad: 80%

2. Menor importancia de los toros probados, pero convivirán los dos mercados

3. Necesario mantener toda la recogida de datos de control lechero, calificaciones y genealogías...y ampliarla (p.e. enfermedades)

5. Mayor progreso genético al utilizar más toros jóvenes de mayor valor genético medio y mejores toros probados (fiab=88% en primera tanda)

Impacto en el Holstein español (2)

6. Mayor progreso genético en los caracteres funcionales

	ICO 2003	ICO 2010	ICO 2011 ?
Kg Leche	12%	22%	?
Kg Grasa	12%	5%	?
Kg Proteína	32%	30%	?
% proteína	3%	-	?
Patas	10%	11%	?
Ubres	16%	18%	?
Tipo Global	<u>9%</u>	-	-
RCS	3%	3%	?
Longevidad	3%	<u>8%</u>	?
Días abiertos	-	<u>3%</u>	?

Impacto en el Holstein español (3)

7. Acceso de nuevos rebaños al mercado de madres de sementales

¡Cuando tengamos las ecuaciones de predicción !

8. Uso masivo de chips de media densidad (3K) a bajo precio

- * Aumento de la población de referencia???
- * Verificación o identificación de parentesco en base a 100 SNP (ISAG)
- * Selección novillas de reposición
- * Programas acoplamiento con los genotipos (*¡incluso sin pedigrí!*)

9. Al genotipar las mejores vacas de la población se constatará que algunas de ellas están sobrevaloradas con las evaluaciones tradicionales

10. Consanguinidad genómica frente a la genealógica

Correlacionadas solo 0.68 (Van Raden, 2009)

Especialmente importante en situaciones de genealogías desconocidas

Pendiente

1. Validación de las evaluaciones genómicas nacionales (Interbull)
2. Mace GENÓMICO
3. Acuerdos de compartir genotipos con otros programas “pequeños”
4. Evaluaciones genómicas en España en 2011

