

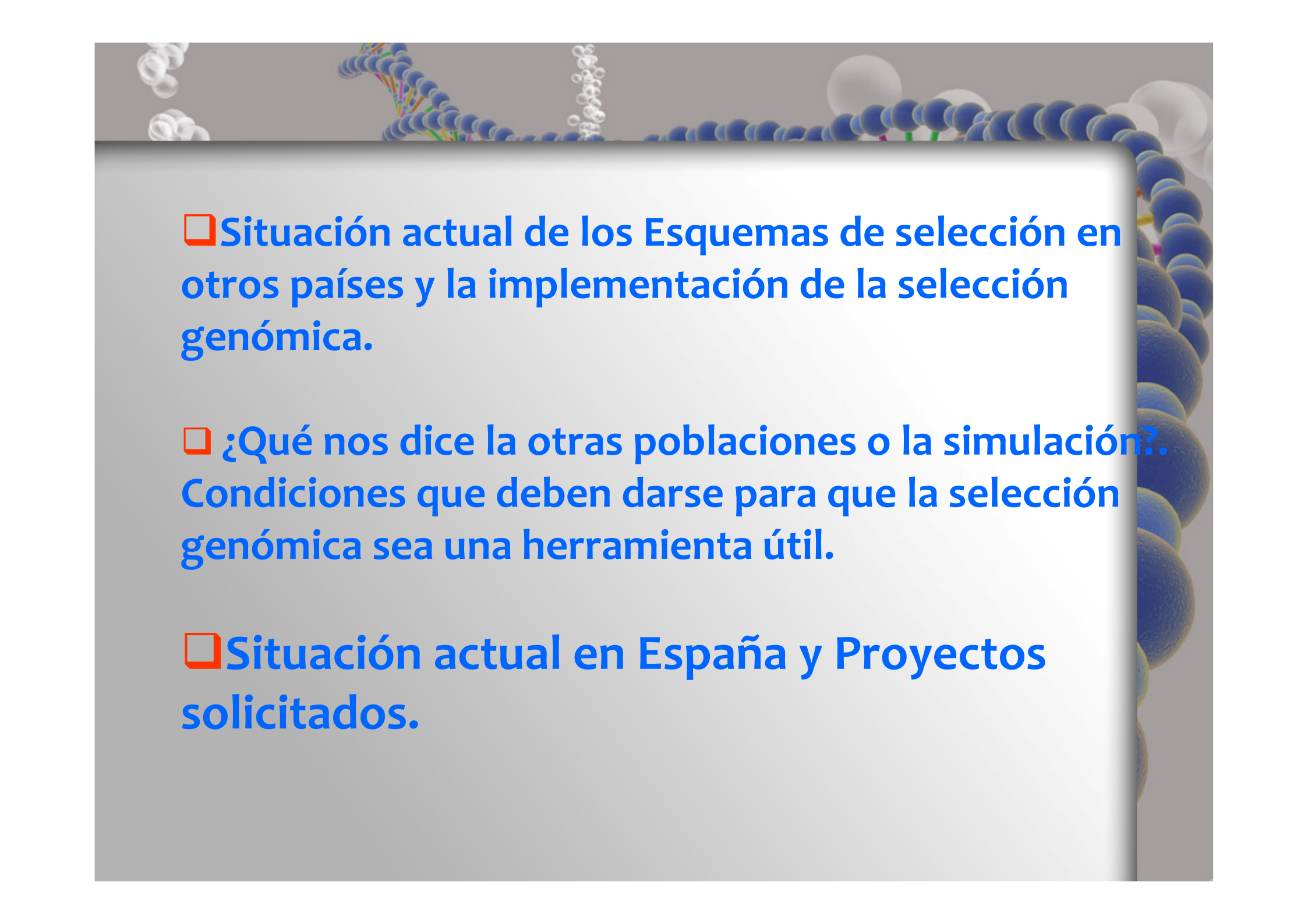
**Posibilidades de la selección genómica en
vacuno de carne y pequeños
rumiantes en España. Presente y futuro**

Clara Díaz, Luis Varona y Eva Ugarte
INIA, UNIZAR, NEIKER



GOBIERNO
DE ESPAÑA

MINISTERIO
DE MEDIO AMBIENTE
Y MEDIO RURAL Y MARINO



Situación actual de los Esquemas de selección en otros países y la implementación de la selección genómica.

¿Qué nos dice la otras poblaciones o la simulación? Condiciones que deben darse para que la selección genómica sea una herramienta útil.

Situación actual en España y Proyectos solicitados.

¿Qué caracteres se han controlado y generan ,EBV, EPD etc.?

Caracteres productivos

-Pesos Distintas
edades: nac,
destete, postdeste,
circunferencia
escrotal, facilidad
de parto.

-Canal: peso canal,
marmoreado, area
del lomo.

Caracteres Productivos Maternos

- Facilidad de parto
materna.

-Leche

Número variable/reducido de toros con altas precisiones

¿Qué caracteres NO se han medido y tienen un impacto en el beneficio de la actividad ganadera?. Análisis de genoma completo

**Calidad de los productos:
Confianza y salud
de los
consumidores**

**Valor añadido de los
productos**

**Mayor eficiencia
de producción:
Fertilidad, Longevidad
Funcional, Consumo residual,
Peso adulto, Enfermedades,**

**Reducción de costes de
producción**

**NUEVOS Fenotipos se obtienen o planean obtener de la
colaboración de Universidades**

Calidad de los productos:

Canal

Sensorial

Confianza y salud

de los

consumidores

Iowa State University+Davis+

¿Qué caracteres No han medido y tienen un impacto en el beneficio de la actividad ganadera?. CONSUMO DE PIENSO RESIDUAL

Canada (Universidad de Alberta + Geulph)

EE.UU (USDA)

Australia (CSIRO)

- Disminuye 10% -12% coste de alimentación de las vacas en las explotaciones.
- Disminuye 15-20% coste de alimentación de cebaderos.
- Disminuye la emisión de metano (25%) Moore et al., 2010.

Inversión para el control individualizado

About 5-10 animals with their own records to get the same power as a progeny proven sire. So we can expect that increasing our numbers to **20,000 animals** with complete performance information and genotypes will still be advantageous. (Miller, 2009)



Resistencia a enfermedades

-3000 machos castrados que se monotorizan para la incidencia de enfermedades respiratorias. University of Colorado.

-Parasitos externos CSIRO.

-EADGENE : Existen un amplio espectro de enfermedades que suponen pérdidas por decomisos de canales, abortos etc

FERTILIDAD

Universidad de New México y CSIRO

Implementación de la selección genómica: Predicciones en población de Angus Americano

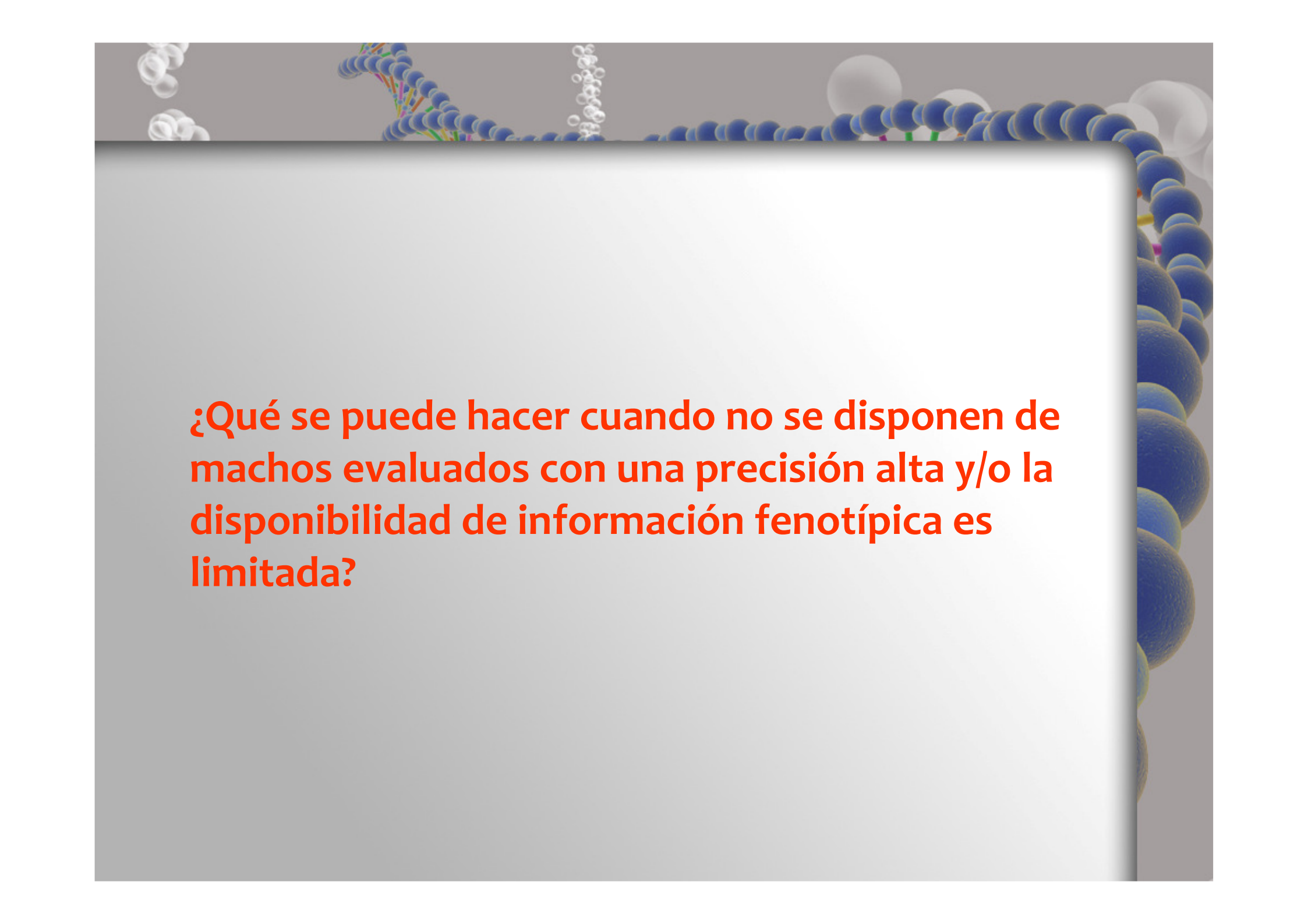
Correlaciones entre EPD y la predicción con el chip de 50K y 600 SNP

Trait	Train 2 & 3 Predict 1 (50k)	Train 1 & 3 Predict 2 (50k)	Train 2 & 3 Predict 3 (50k)	Overall ¹ (50k)	Overall (600 SNP)
FAT	0.71	0.64	0.73	0.69	0.63
CED	0.65	0.47	0.65	0.59	0.61
CEM	0.58	0.56	0.62	0.53*	0.55
MRB	0.72	0.73	0.64	0.70	0.67
REA	0.63	0.63	0.60	0.62	0.56
SC	0.60	0.57	0.50	0.55	0.51
WWD	0.65	0.44	0.66	0.52	0.49
YWT	0.69	0.51	0.72	0.56	0.55

(Garrick, 2010)

La precisión varía con el carácter y con el subgrupo de datos.

La precisión es equivalente a tener entre 6-16 hijos controlados para un carácter de una heredabilidad de 25%.

The background features a grey gradient with a decorative border at the top and right. The border consists of a chain of blue spheres, some of which are connected to other spheres or structures, resembling a molecular model or a DNA double helix. There are also some white and grey spheres scattered in the upper left area.

¿Qué se puede hacer cuando no se disponen de machos evaluados con una precisión alta y/o la disponibilidad de información fenotípica es limitada?

¿Es posible utilizar la información de una raza en otras?

Table 3. Correlations¹ between true and predicted genotypic values from training in purebred Angus (PB) and validating in individual sire breeds that comprised the multi-breed (MB) population.

QTL Scenario ²	Marker Panel ³	Angus	Brahman	Charolais	Hereford	Limousin	MaineAnjou	Shorthorn	Southdevon
QTL50	QTL	0.972	0.969	0.956	0.946	0.955	0.967	0.962	0.958
	QTL & HLD	0.955	0.919	0.936	0.894	0.908	0.942	0.944	0.929
	50k & QTL	0.859	0.858	0.849	0.811	0.810	0.854	0.820	0.836
	HLD	0.608	0.339	0.425	0.408	0.412	0.488	0.421	0.481
	50k w/o QTL	0.511	0.227	0.382	0.336	0.355	0.390	0.437	0.403
QTL100	QTL	0.948	0.918	0.951	0.918	0.938	0.936	0.946	0.930
	QTL & HLD	0.919	0.870	0.905	0.847	0.915	0.903	0.904	0.871
	50k & QTL	0.704	0.582	0.668	0.548	0.659	0.663	0.657	0.665
	HLD	0.623	0.378	0.425	0.426	0.545	0.441	0.422	0.377
	50k w/o QTL	0.386	0.226	0.284	0.158	0.366	0.244	0.363	0.254
QTL250	QTL	0.882	0.881	0.867	0.816	0.834	0.860	0.825	0.806
	QTL & HLD	0.835	0.665	0.781	0.743	0.746	0.805	0.760	0.718
	50k & QTL	0.479	0.144	0.415	0.463	0.427	0.415	0.474	0.289
	HLD	0.590	-0.197	0.401	0.427	0.242	0.414	0.337	0.310
	50k w/o QTL	0.404	-0.026	0.237	0.300	0.193	0.196	0.306	0.104
QTL500	QTL	0.819	0.754	0.783	0.739	0.831	0.771	0.808	0.730
	QTL & HLD	0.760	0.530	0.704	0.680	0.764	0.705	0.694	0.628
	50k & QTL	0.496	0.239	0.380	0.197	0.400	0.260	0.385	0.327
	HLD	0.530	0.084	0.331	0.301	0.400	0.365	0.300	0.313
	50k w/o QTL	0.435	0.124	0.262	0.118	0.276	0.174	0.263	0.247

¹Correlations are average of five replicates for $h^2=0.5$

²QTL50, QTL100, QTL250 and QTL500 represent simulated phenotypes based on 50, 100, 250, and 500 QTL

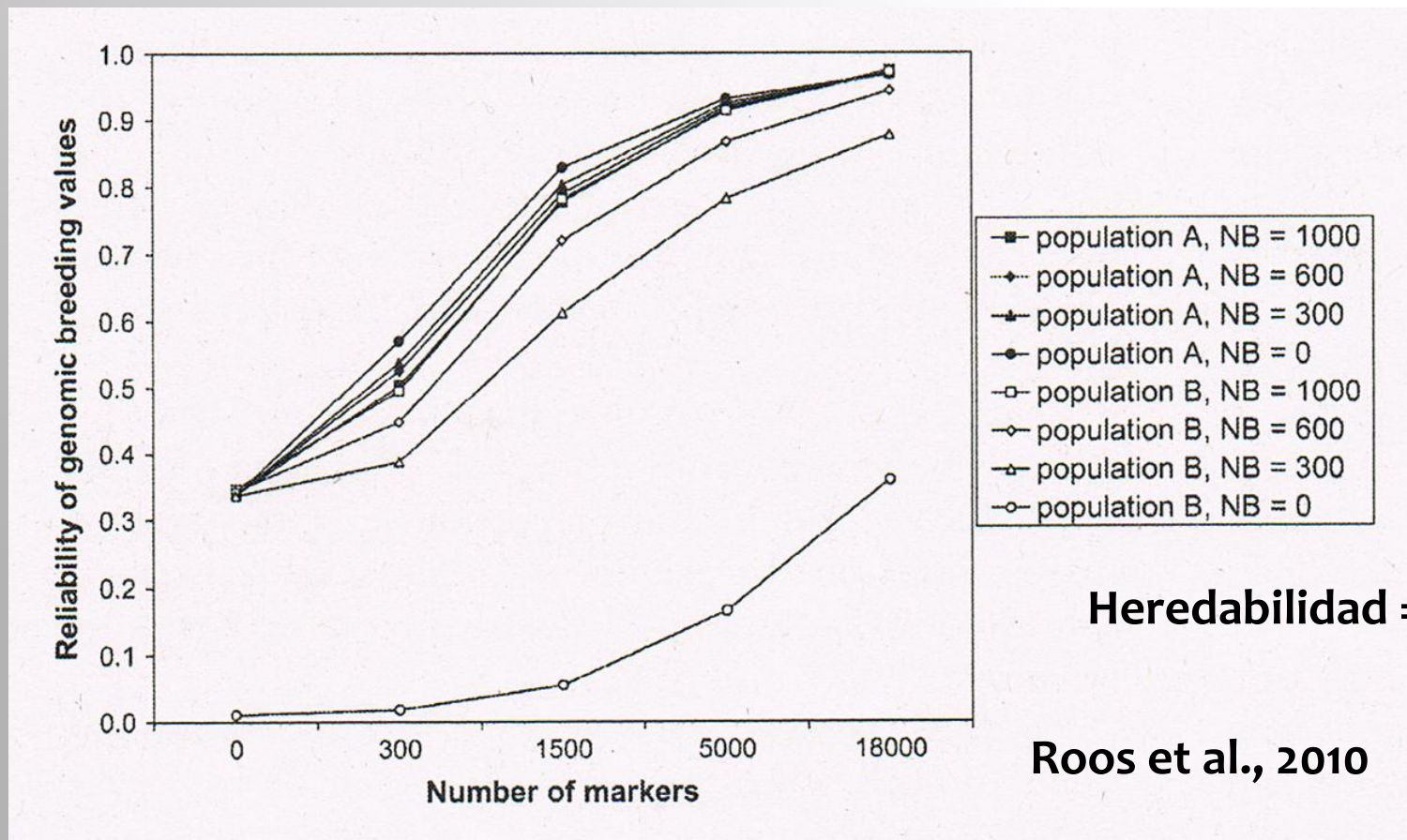
³QTL: Only QTL genotypes in the model, QTL & HLD: QTL and markers highest LD to QTL in the model, 50k & QTL: QTL and 50k markers in the model, HLD: Only markers highest LD to QTL in the model, 50k w/o QTL: Only 50k markers in the model

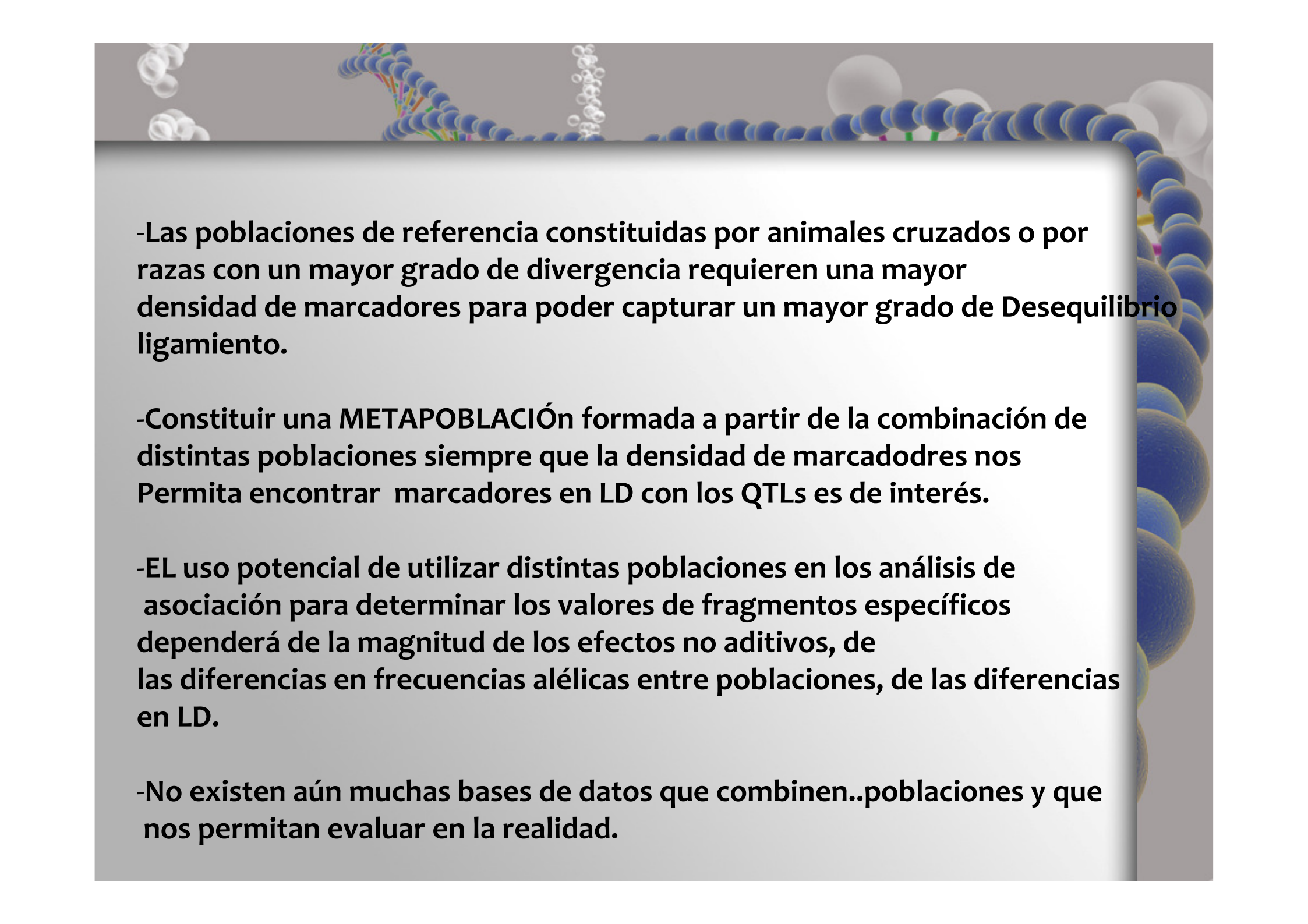
Table 2: Correlations between 50k genomic prediction in one population (purebred PB or multibred MB) and realized performance in another population (MB or PB), from 5 replicates of the training populations of some 1,000 animals for a simulated trait with heritability of 50% that results from 50, 100, 250 or 500 causal genes (Kizilkaya et al., 2009).

Causal genes	Train PB then predict MB	Train MB then predict PB
50	0.42	0.39
100	0.31	0.29
250	0.28	0.25
500	0.30	0.20

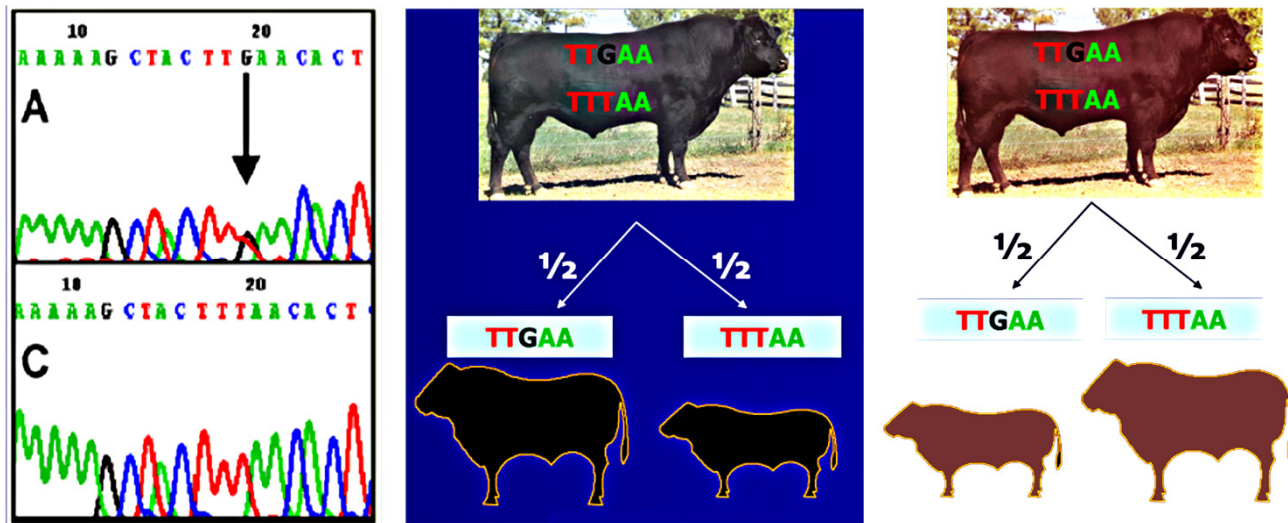
Utilizar una raza pura como base de referencia es mejor que utilizar Poblaciones cruzadas porque éstas presentan < LD y menos extenso.

¿Es posible utilizar la información de una raza en otras?

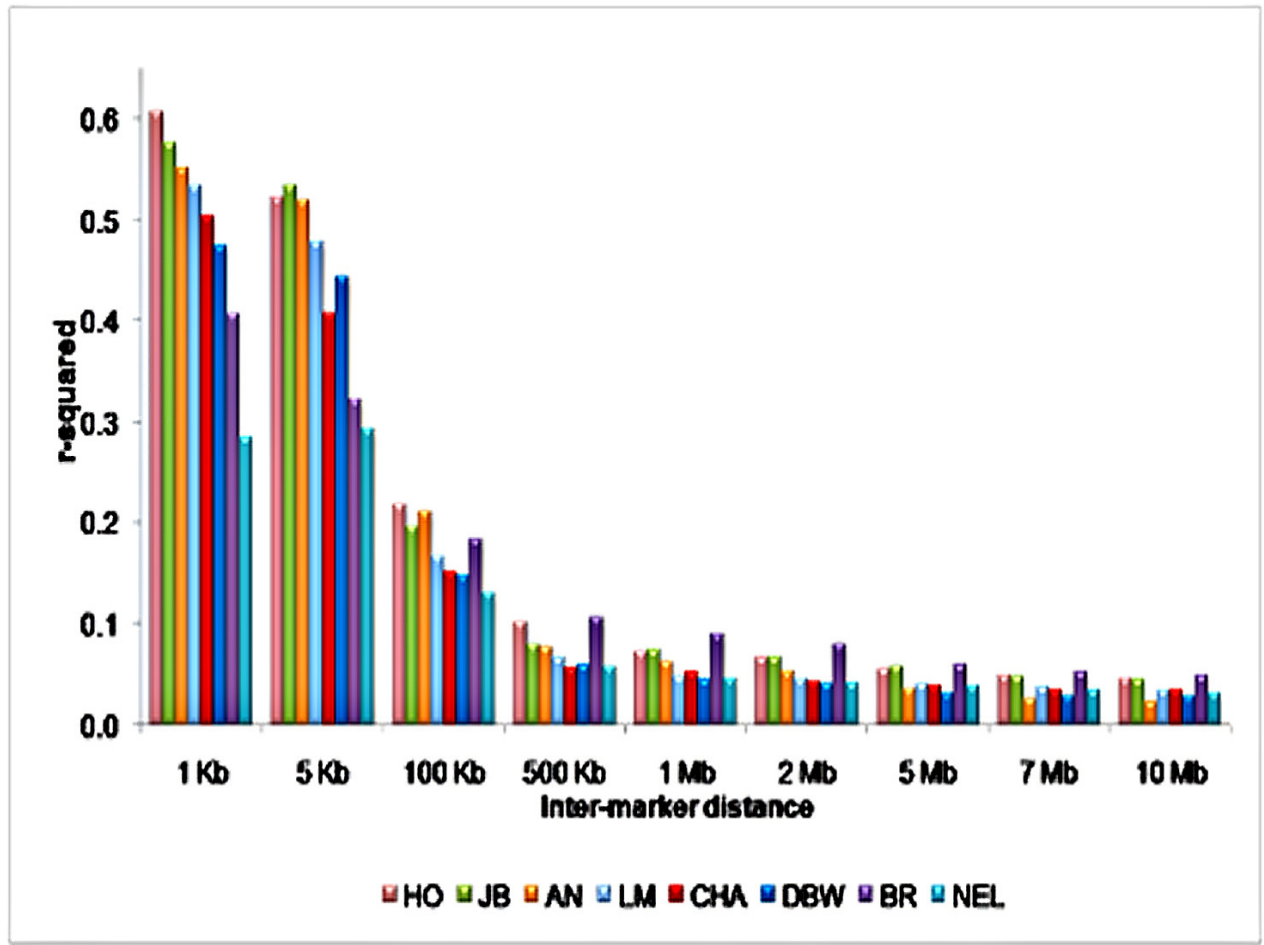


- 
- Las poblaciones de referencia constituidas por animales cruzados o por razas con un mayor grado de divergencia requieren una mayor densidad de marcadores para poder capturar un mayor grado de Desequilibrio ligamiento.
 - Constituir una METAPOBLACIÓN formada a partir de la combinación de distintas poblaciones siempre que la densidad de marcadores nos Permita encontrar marcadores en LD con los QTLs es de interés.
 - EL uso potencial de utilizar distintas poblaciones en los análisis de asociación para determinar los valores de fragmentos específicos dependerá de la magnitud de los efectos no aditivos, de las diferencias en frecuencias alélicas entre poblaciones, de las diferencias en LD.
 - No existen aún muchas bases de datos que combinen..poblaciones y que nos permitan evaluar en la realidad.

EL uso potencial de utilizar distintas poblaciones en los análisis de asociación para determinar los efectos de los marcadores
Dependerá: de la magnitud de los efectos no aditivos, de las diferencias en frecuencias alélicas entre poblaciones, de las diferencias en magnitud y en la fase de LD.

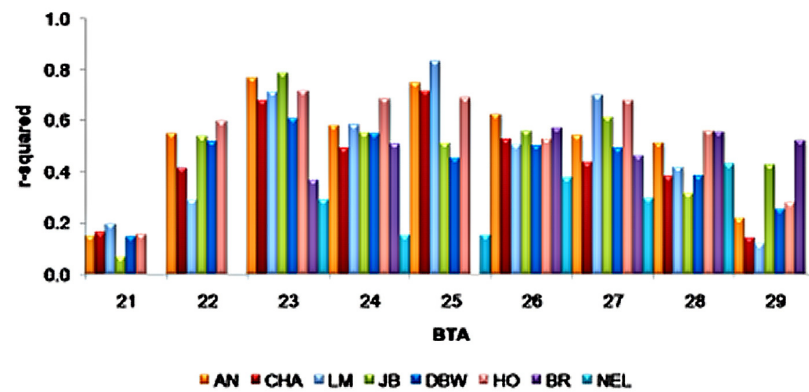
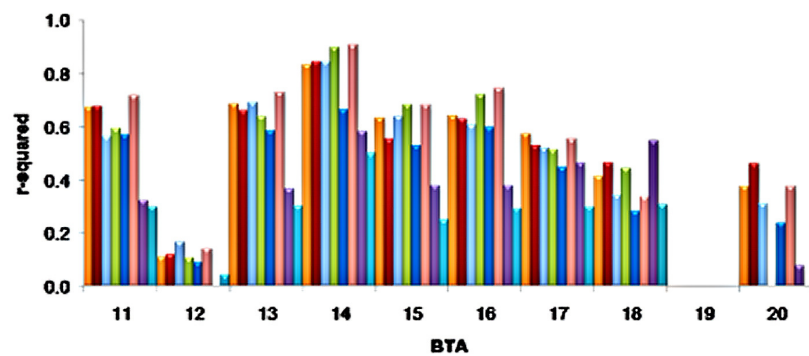
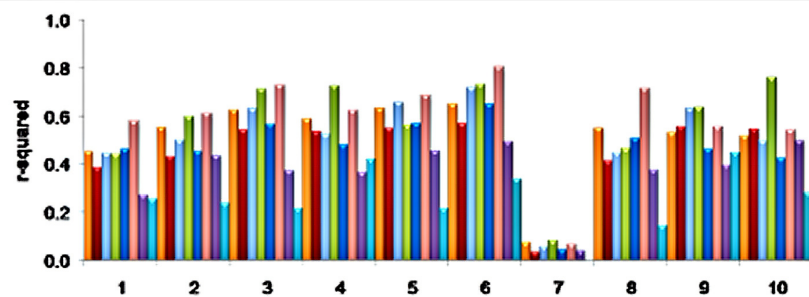


Desequilibrio de Ligamiento en función de la distancia para distintas razas.



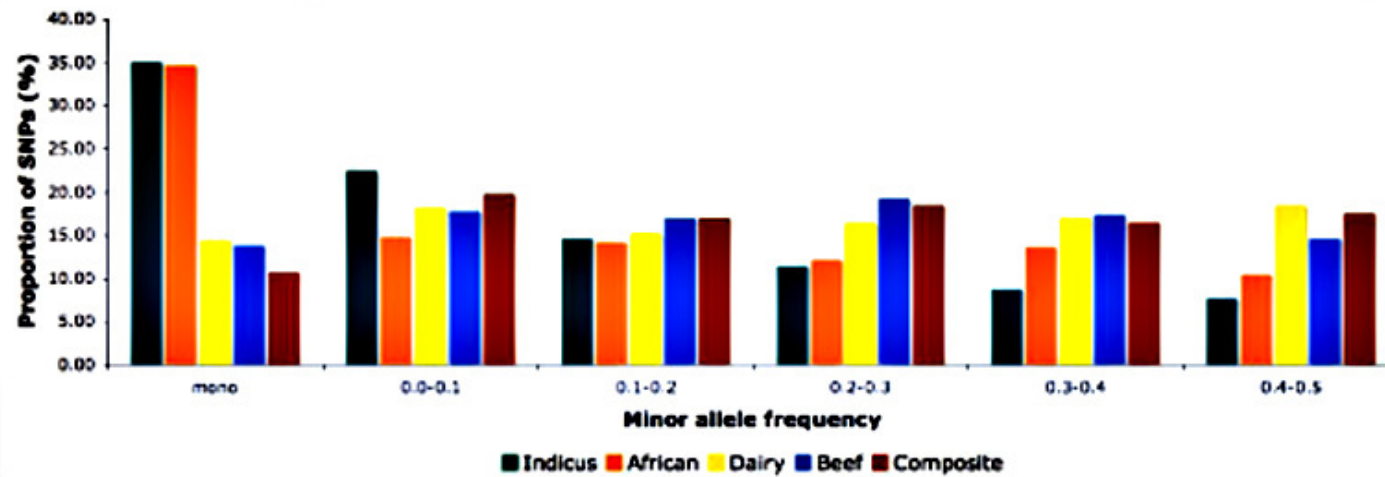
Mackay et al., 2007

¿Magnitud ?



¿Interacción cromosoma por raza?

Breeds and number of animals in the sample.



¿Cómo afecta no formar parte del diseño de los chips?



¿Qué caracteriza la implementación de la selección genómica en vacuno de carne?

- 1.- Oportunidad para ampliar el espectro de caracteres a controlar y estudiar su base molecular y mecanismos responsables.
- 2.- Cooperación entre Instituciones-Países y/o Asociaciones.
- 3.- La simulación indica una población de referencia multiracial constituida por **X** razas ¿es real?



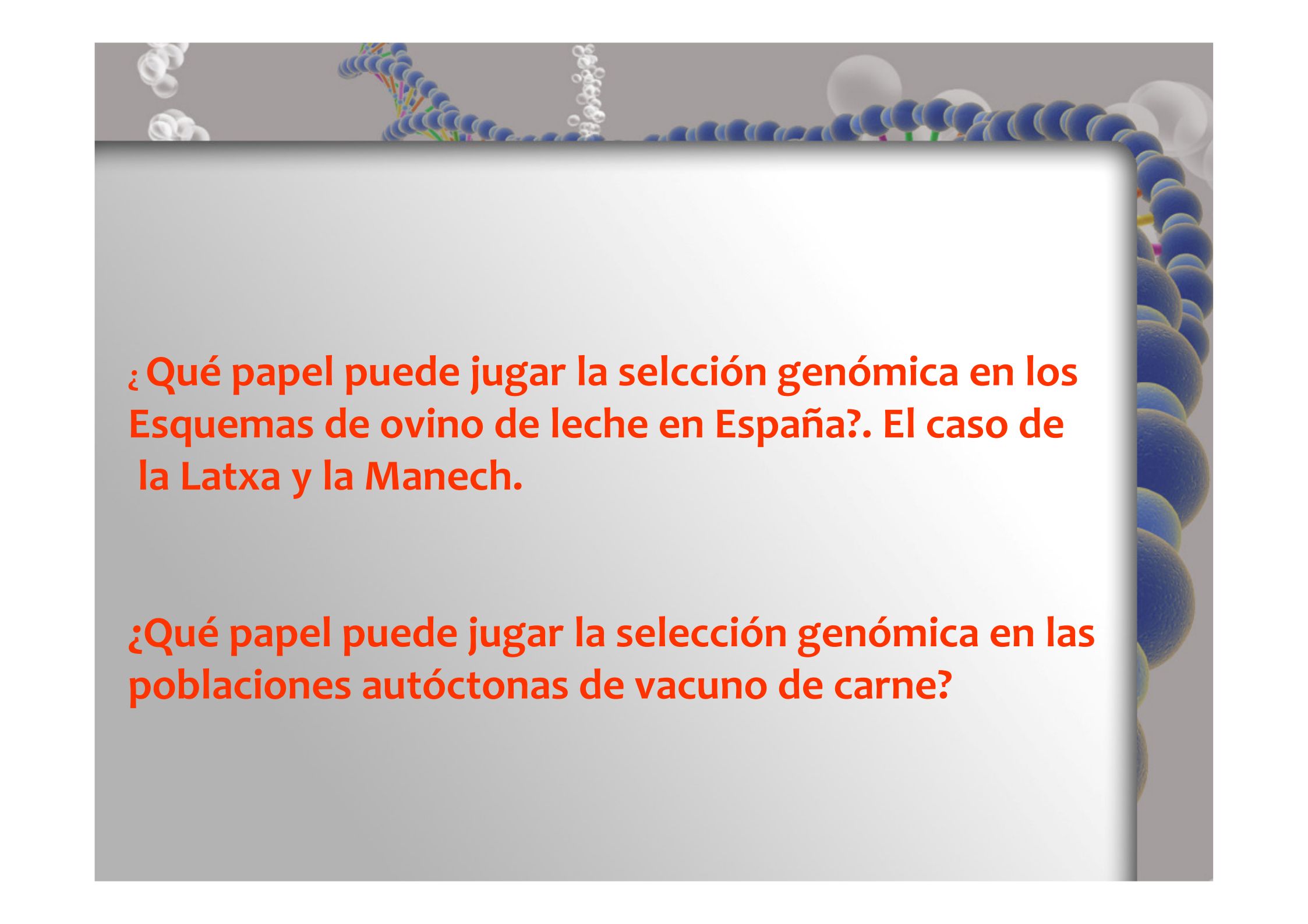
4.- La utilización de la información genómica se visualiza como una Herramienta complementaria a las NCES (Legarra et al., 2009; Garrick et al., 2010).

5.- ¿Qué ocurre con la diversidad de sistemas de producción?

6.- ¿Existen interacciones Genotipo Ambiente que podrían limitar ?

7.- Relación coste-beneficio: requiere de una inversión en genotipado y fenotipado.

8.- ¿Existen mutaciones privadas en las poblaciones?



¿Qué papel puede jugar la selección genómica en los Esquemas de ovino de leche en España?. El caso de la Latxa y la Manech.

¿Qué papel puede jugar la selección genómica en las poblaciones autóctonas de vacuno de carne?



Fotos: "Autochthonous Livestock in Spain". MARM y Feagas

¿Cuál es el balance de los Esquemas de Selección en las razas de vacuno de fomento en España?

Caracteres productivos

-Pesos Distintas
edades: nac,
destete, postdeste,
facilidad de parto.

-Canal: peso canal,
Conformación,
estado de
engrasameinto,
rdto.

Caracteres Productivos Maternos

- Facilidad de parto
materna.

-Leche

Número limitados de toros con altas precisiones/población y capacidad relativa de obtener un suficiente número de fenotipos

Caracteres rutinarios + Valoraciones genéticas disponibles

Caracteres productivos

- LECHE
- % GRASA Y PrOTEINA
- Extracto seco.
- Células somáticas.
- Morfología mamaria

- Existen tendencias genéticas.
- Gastos del Testaje elevados.

Longevidad funcional,
fertilidad,
parasitosis,
paratuberculosis etc...

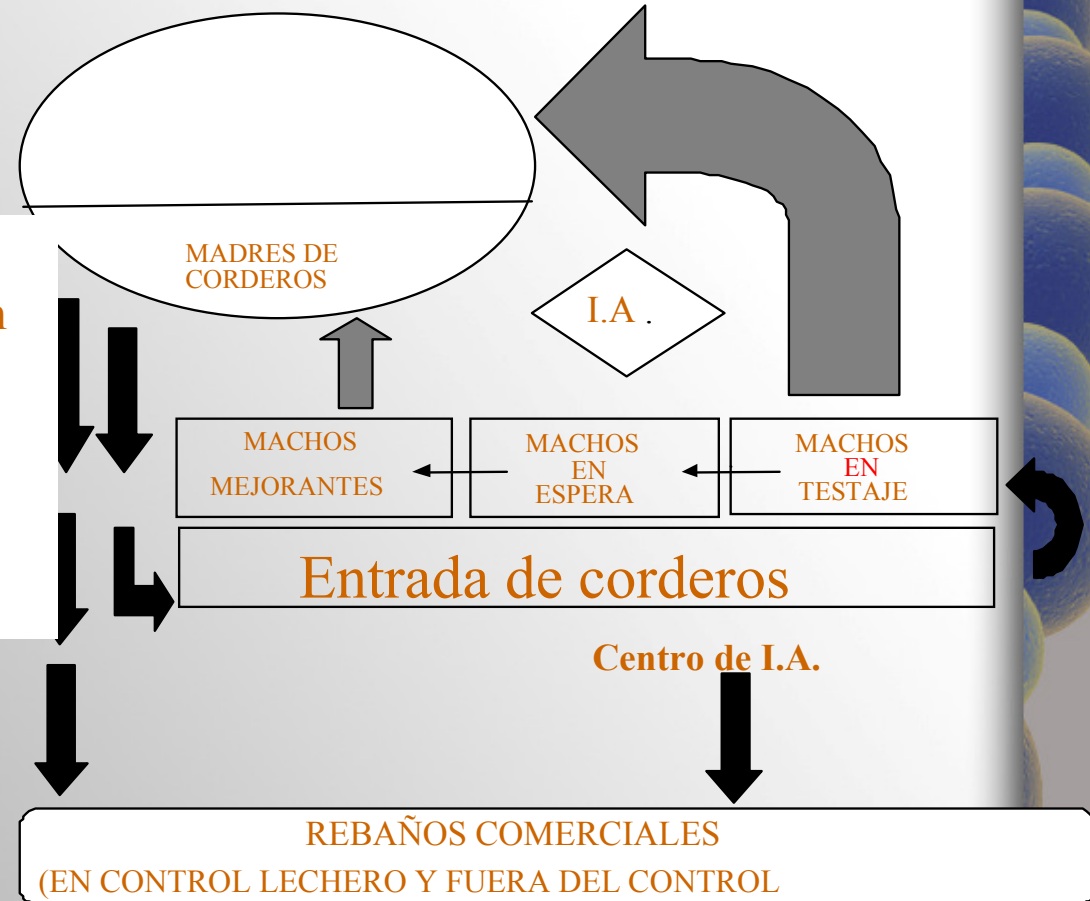
ICAR: ESTRATEGIA DE IMPLEMENTACION DE LA
SElección GENÓMICA En OVINO

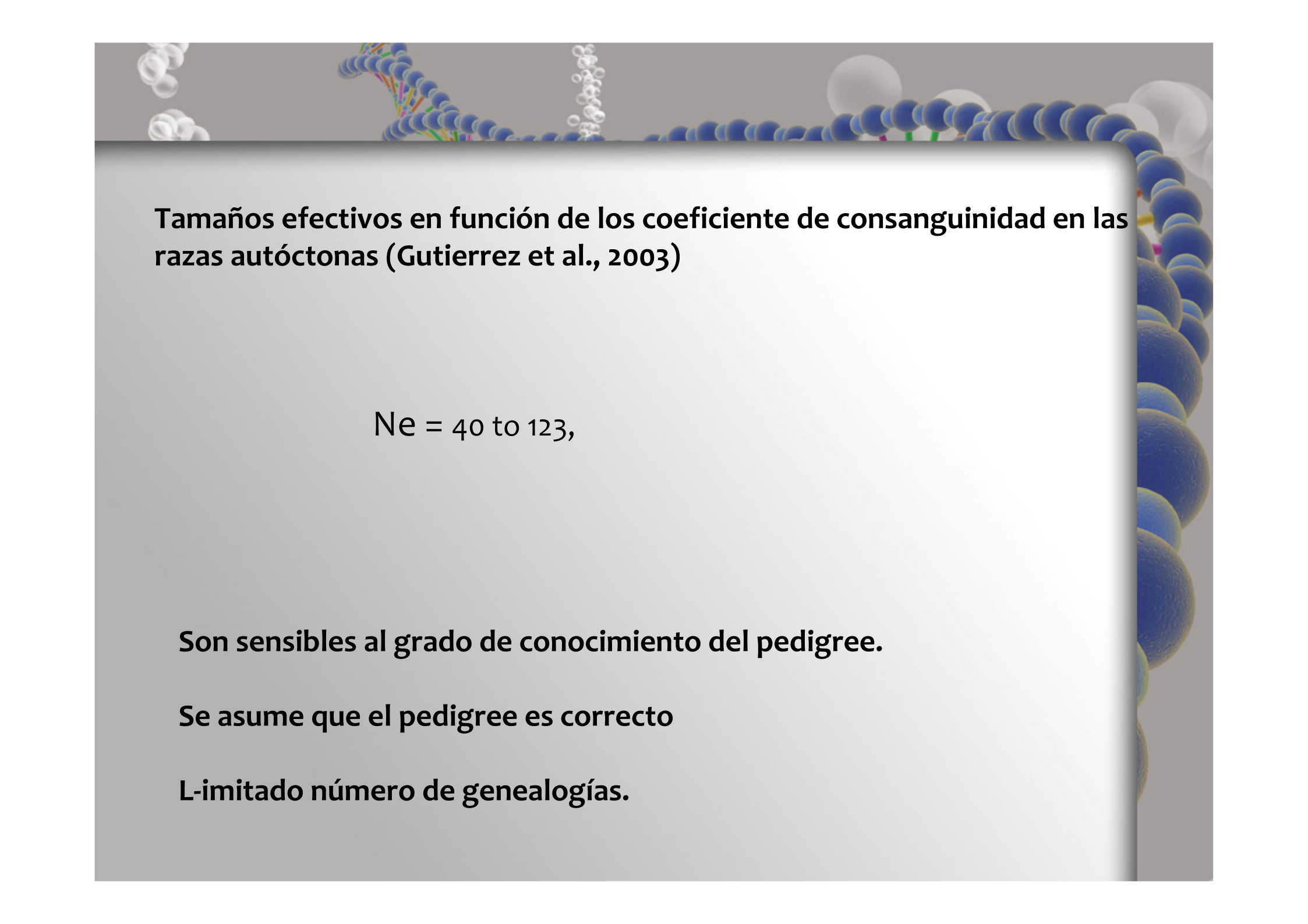
ESQUEMA DE SELECCION DE LA LAXTA

Tiempo necesario para
testaje

- MES 0: nace el cordero
- MES 5: entra al centro de selección
- MES 15*: se utiliza en testaje
- MES 20: nace su primera hija
- MES 41*: comienzan la lactación
- MES 45: terminan la lactación
- MES 46: sale valorado

BASE DE SELECCIÓN





Tamaños efectivos en función de los coeficiente de consanguinidad en las razas autóctonas (Gutierrez et al., 2003)

$$N_e = 40 \text{ to } 123,$$

Son sensibles al grado de conocimiento del pedigree.

Se asume que el pedigree es correcto

L-limitado número de genealogías.



EXPLORING THE USE OF GENOMIC SELECTION TOOLS TO IMPROVE AUTOCHTHONOUS LOCAL BEEF CATTLE BREEDS IN SPAIN

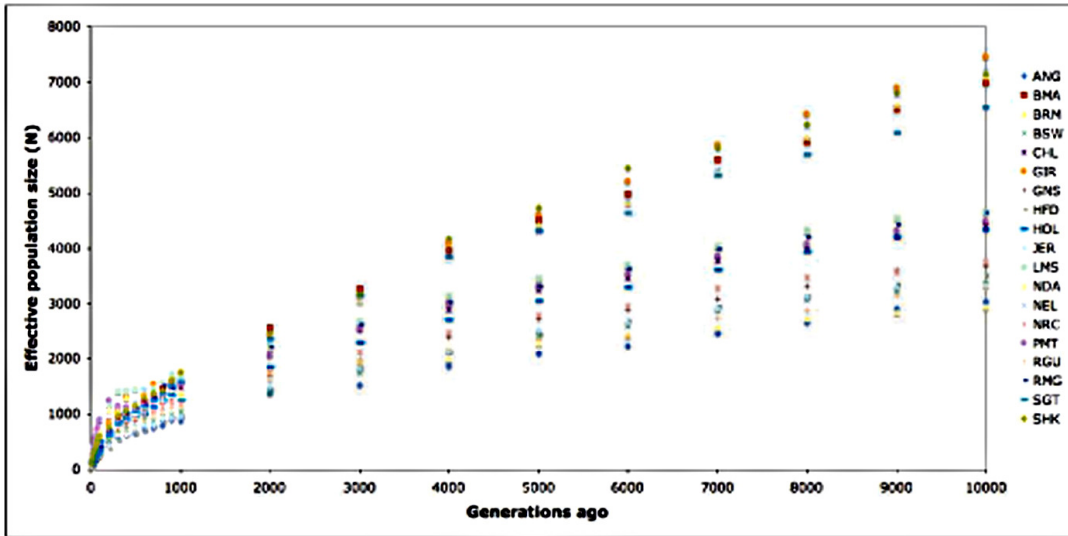
Evaluar distintas estrategias y escenarios para la implementación de la selección genómica en las poblaciones españolas y analizar su viabilidad.

Coordinador: Luis Varona Aguado (UZ)

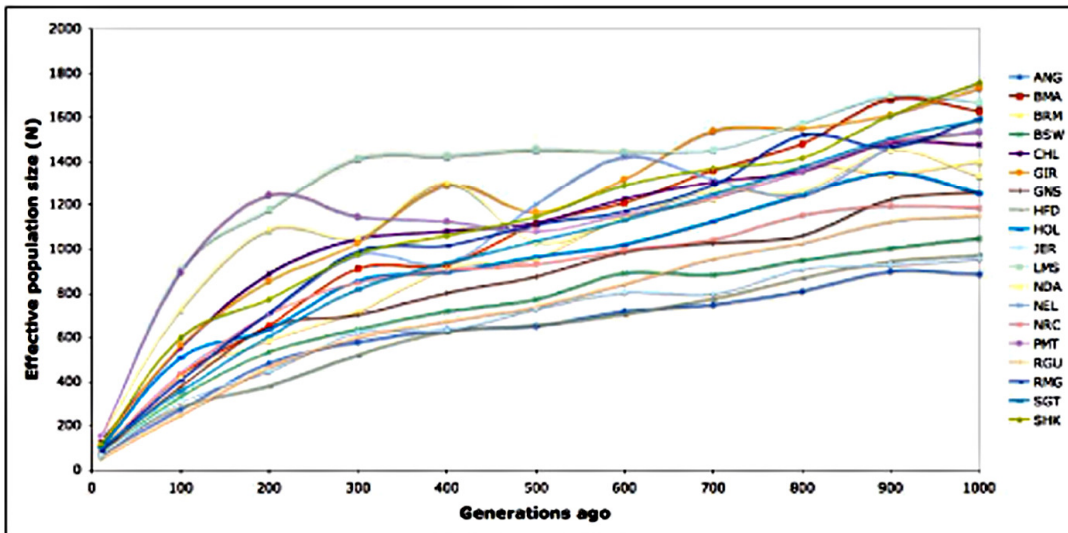
Instituciones: UZ: Universidad de Zaragoza, INIA: Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agroalimentaria. UAB: Universitat Autònoma de Barcelona, UCO: Universidad de Córdoba. UVA: Universitat de Valladolid. UOVI: Universidad de Oviedo ,

Razas involucradas:

Asturiana de los Valles (AV), Avileña Negra Ibérica (ANI), Bruna dels Pirineus (BP), Morucha (MO), Retinta (RE), Rubia Gallega (RG) and Pirenaica (PI).

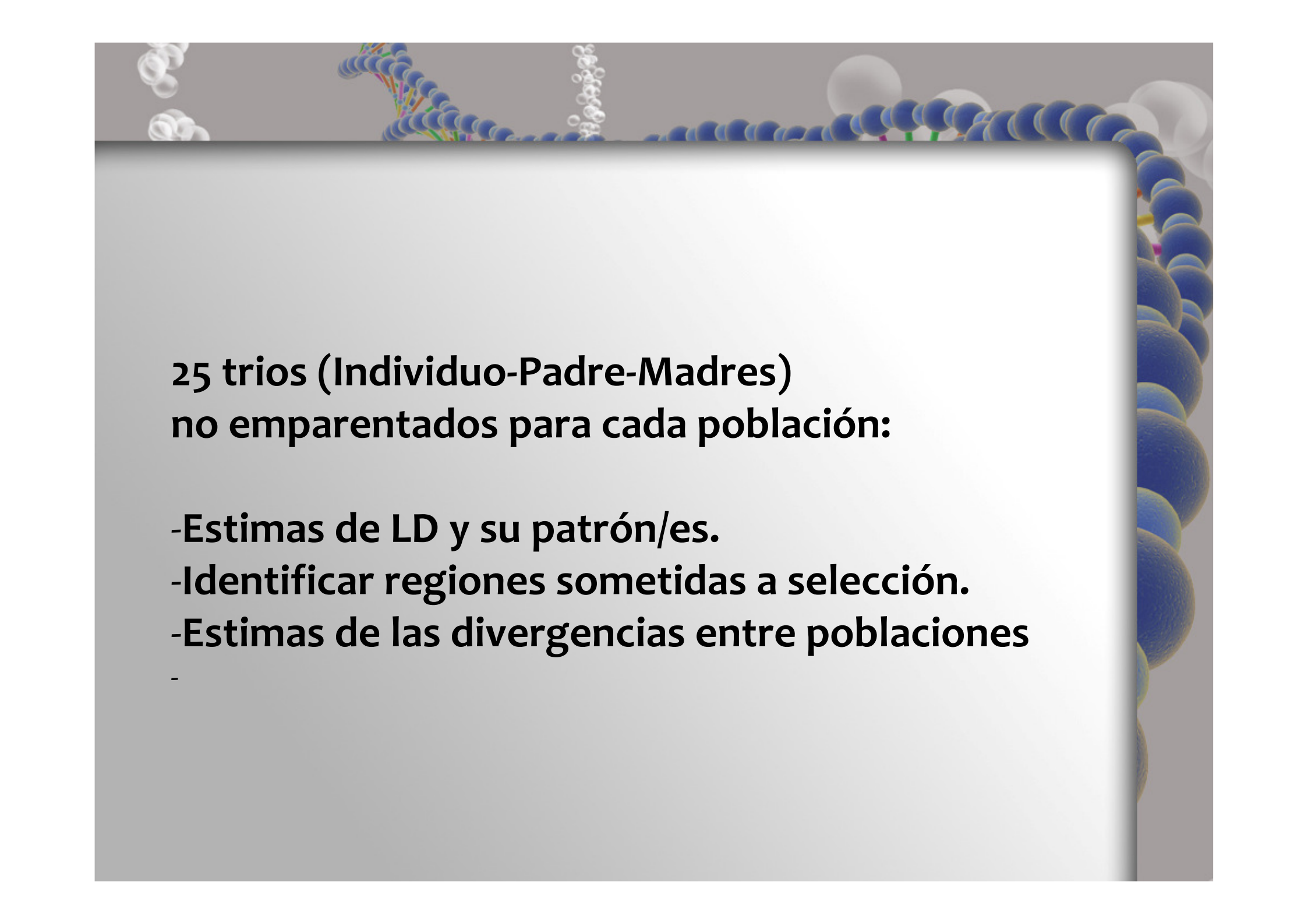


(a)



(b)

HAPMAP
 CONSORTIM,
 2009



**25 trios (Individuo-Padre-Madres)
no emparentados para cada población:**

- Estimas de LD y su patrón/es.**
- Identificar regiones sometidas a selección.**
- Estimas de las divergencias entre poblaciones**

-

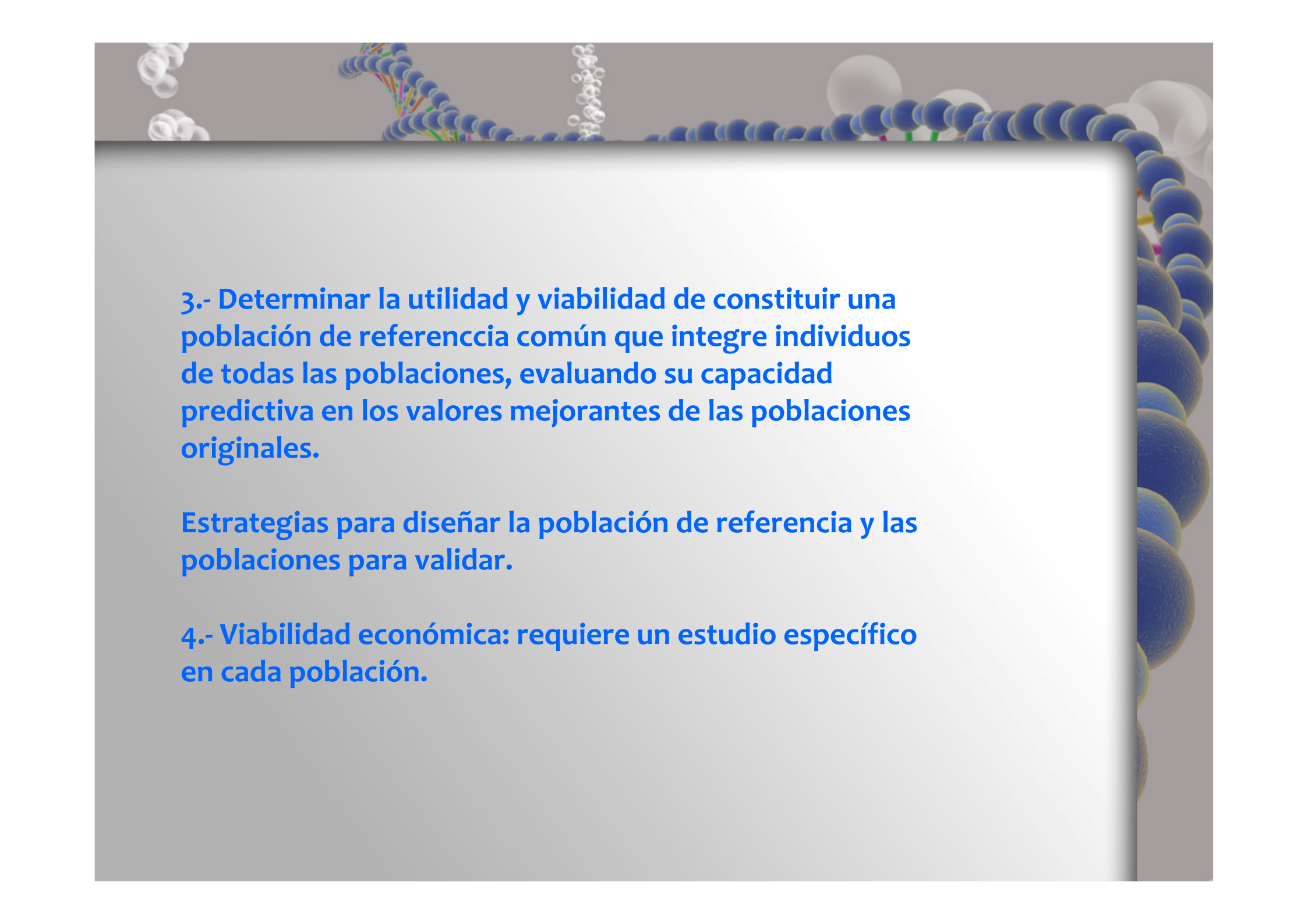


A partir de dichos parámetros se simularán poblaciones que mimeticen las involucradas en el proyecto

**“Simulación del genoma completo” en diversos escenarios:
Modelo selección-mutación-Deriva**

- a) número de genes causales,
- b) densidad de los marcadores,
- a) número de individuos genotipados,
- b) procedimiento de selección de los individuos genotipados,
- c) heredabilidad de los caracteres y
- d) número de individuos con fenotipo.

Complementarias a las evaluaciones genéticas (Legarra et al., 2009)



3.- Determinar la utilidad y viabilidad de constituir una población de referencia común que integre individuos de todas las poblaciones, evaluando su capacidad predictiva en los valores mejorantes de las poblaciones originales.

Estrategias para diseñar la población de referencia y las poblaciones para validar.

4.- Viabilidad económica: requiere un estudio específico en cada población.



A modo de conclusiones:

- 1.-** Los análisis de genoma completo son una herramienta potencial para la mejora de las poblaciones de vacuno de carne y pequeños rumiantes.
- 2. Oportunidad para ampliar el espectro de caracteres a controlar especialmente caracteres difíciles de medir, que se manifiestan tarde en la vida del animal.**
- 3.- COORDINACIÓN entre Instituciones-Países y/o Asociaciones es necesaria. LA OPTIMIZACIÓN DE LOS RECURSOS EN SU IMPLEMENTACIÓN ES NECESARIA. **Interbeef-Icar****
- 4.- La simulación indica una población de referencia multiracial constituida por **X** razas PODRÍAN SER una SOLUCIÓN.**



A modo de conclusiones,

5. La utilización de estas técnicas nunca puede suplir un mal manejo.

6.- ¿Está el sector de vacuno de carne y ovino español preparado para incorporar valoraciones genómicas cuando no es evidente que haga un uso masivo de las herramientas BLUP de las que dispone en la actualidad?