

**INFORME SOBRE LA CONSTITUCIÓN DE UNA METAPOBLACIÓN DE RAZAS
OVINAS DE PRODUCCIÓN LECHERA PARA EL DESARROLLO DE LAS
EVALUACIONES GENÓMICAS**

MAGDALENA SERRANO NOREÑA

CIENTÍFICO TITULAR DE OPIS

DEPARTAMENTO DE MEJORA GENÉTICA ANIMAL

INIA, MADRID

MANUEL RAMÓN FERNÁNDEZ

INVESTIGADOR CONTRATADO

IRIAF-CERSYRA, VALDEPEÑAS

INDICE

1.- INTRODUCCIÓN	3
2.- RESUMEN EJECUTIVO	4
3.- EVALUACIÓN GENÓMICA INTRA-RAZA	5
4.- EVALUACIÓN GENÓMICA MULTI-RAZA	10
5.- CONCLUSIONES GENERALES	13
6.- INFORME ICAR RAZAS OVINAS	14

1.- INTRODUCCIÓN

En cumplimiento de las actividades propuestas en la ENCOMIENDA DE GESTIÓN del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA), y en concreto, de la Dirección General de Producciones y Mercados Agrarios (DGPMA) con el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) **para la evaluación de la aplicación de la selección genómica en los programas de mejora genética de ovino lechero (2017-2020)**, y siguiendo el calendario establecido en el pliego de condiciones de dicha encomienda, en este documento se presenta el **INFORME SOBRE LA CONSTITUCIÓN DE UNA METAPOBLACIÓN DE RAZAS OVINAS DE PRODUCCIÓN LACHERA PARA EL DESARROLLO DE EVALUACIONES GENÓMICAS**.

Para la elaboración de este informe se han seguido las pautas establecidas en el pliego de condiciones de la ENCOMIENDA, que fueron explicitadas en los siguientes términos:

El INIA partiendo de los genotipos y de los resultados de las valoraciones genéticas de todas las razas, realizará una evaluación genómica conjunta de todas las poblaciones a partir de la constitución de una meta-población única, y evaluará el beneficio que esta estrategia pueda proporcionar en relación a los resultados obtenidos en cada una de las razas de forma individual.

Si los resultados fueran satisfactorios, coordinaría una propuesta de presentación de resultados al sector.

El INIA presentará un informe al MAPA con los resultados de esta actividad.

A primeros de octubre de 2020, se recibieron los resultados de las evaluaciones genómicas para el carácter leche tipificada a 120 días de lactación de las razas Assaf, Churra, Latxa y Manchega, así como los datos moleculares de los animales genotipados hasta la fecha en cada una de las razas.

A continuación, se describirán y analizarán cada uno de los epígrafes de los que consta el informe sobre la constitución de una metapoblación en razas ovinas lecheras. El informe consta de tres grandes epígrafes: el epígrafe **3. Evaluación genómica intra-raza**, donde se describe el material utilizado en las evaluaciones genómicas llevadas a cabo independientemente en cada raza ovina y los resultados obtenidos; el epígrafe **4. Evaluación genómica multi-raza**, que recoge todos los aspectos que rodean el proceso de evaluación genómica que se realizó en el conjunto de razas ovinas y los resultados de la misma; y finalmente en el epígrafe **5. Conclusiones generales**, donde se comparan los resultados de ambas aproximaciones y el beneficio esperado de la utilización de una metapoblación para las evaluaciones genómicas en el ovino de leche.

2.- RESUMEN EJECUTIVO

OBJETIVO

Evaluar los beneficios/inconvenientes de la utilización de una **metapoblación** de las razas ovinas de leche implicadas en la Encomienda, para la realización de las evaluaciones genómicas

PARTICIPANTES

- Asociaciones de Ganaderos de las razas ovinas de leche:
 - Assaf
 - Churra
 - Latxa (Cara Negra Euskadi, Cara Rubia y Cara Negra Navarra)
 - Manchega
- Genetistas de las cuatro razas
- UEECA, MAPA, FEAGAS, INIA

PROGRAMA DE ACTUACIÓN

- Evaluación genómica intra-raza
- Evaluación genómica multi-raza
- Análisis de resultados de la utilización de una metapoblación para la evaluación genómica de las razas ovinas lecheras

PRINCIPALES RESULTADOS

Evaluación genómica intra-raza

- ✓ La evaluación genómica intra-raza mejora los valores de fiabilidad de las predicciones genéticas respecto a las obtenidas en la valoración genética convencional. Altas correlaciones entre los valores genéticos clásicos y los valores genómicos predichos en cada raza.

Evaluación genómica multi-raza

- ✓ La evaluación genómica de la metapoblación constituida por los registros fenotípicos y genotipos de los animales de las cuatro razas ovinas, no aporta ninguna mejora en términos de fiabilidad de las predicciones genómicas en este caso concreto estudiado.

CONCLUSIONES

- ✓ La constitución de una metapoblación de razas ovinas de leche con el fin de disponer de una masa mayor de animales genotipados para llevar a cabo las evaluaciones genómicas, no supone ninguna mejora respecto a la evaluación genómica intra-raza. La diferenciación genética entre las razas ovinas estudiadas es un factor decisivo de la ineficiencia de la metapoblación.

3.- EVALUACIÓN GENÓMICA INTRA-RAZA

Las evaluaciones genómicas intra-raza se llevaron a cabo en cada una de las razas ovinas de aptitud lechera para los animales de los que se disponía de genotipados en septiembre de 2020. El fenotipo utilizado en esta evaluación genómica intra-raza fue el valor genético clásico obtenido mediante la metodología BLUP para el carácter producción de leche a 120 días de lactación. En todas las razas se utilizaron 21.787 SNPs, que son los comunes entre las distintas plataformas de genotipado utilizadas. La metodología utilizada para esta evaluación genómica intra-raza fue en todos los casos un BLUP genómico (GBLUP) utilizando el software AIREMLf90 de la familia de programas de BLUPF90 (<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>) desarrollados por Ignacy Misztal y colaboradores, de la Universidad de Georgia (USA). Mediante este software, además de realizar las evaluaciones genómicas es posible obtener las estimas de componentes de varianza genómicos del carácter evaluado.

En la tabla 1 se muestran los registros, fenotípicos y genotipos, utilizados en cada una de las razas para realizar las evaluaciones genómicas intra-raza.

Tabla 1.- Registros utilizados en cada raza para realizar la evaluación genómica mediante GBLUP. La cifra corresponde tanto a los registros fenotípicos como al número de animales genotipados utilizados en cada caso.

Raza	Número de. registros
Assaf	6.955
Latxa Cara Negra Euskadi	942
Latxa Cara Rubia	983
Latxa Cara Negra Navarra	447
Churra	3.374
Manchega	3.583

En la tabla 2, se muestran los componentes de varianza utilizados en las evaluaciones genéticas clásicas de cada raza ovina y los estimados en las evaluaciones genómicas intra-raza. Como se puede observar en la tabla 2, las estimas de varianza aditiva genómica son más elevadas que las estimadas sin la información molecular. También se puede constatar una reducción muy significativa de la varianza residual estimada en la evaluación genómica para todos los casos. Esto es debido al fenotipo usado en cada uno de los procedimientos: para el BLUP tradicional se usó la producción de leche a 120 días, mientras que para el GBLUP fue el valor genético por lo que es de esperar que la mayor parte de la varianza sea genética, como así se observa.

Tabla 2.- Componentes de varianza estimados para los valores genéticos convencionales (BLUP) y los valores genómicos (GBLUP). Entre paréntesis, los errores de estimación de los componentes de varianzas

Raza	BLUP			GBLUP	
	Va	Vp	Ve	Va	Ve
Assaf	1.858	1.678	5.872	1.931,8 (47,674)	98,047 (7,950)
Latxa Cara Negra Euskadi	307	372	983	601,87 (27,733)	0,0009 (0,005)
Latxa Cara Rubia	454	401	1.206	732,90 (36,738)	14,647 (8,147)
Latxa Cara Negra Navarra	515	311	1.215	484,14 (38,958)	39,367 (12,315)
Churra	353	518	1.184	496,00 (23,451)	40,460 (1,990)
Manchega	738	625	2.261	672,50 (32,99)	78,970 (12,96)

Va = varianza aditiva; Vp = varianza del efecto permanente; Ve = varianza residual.

En la tabla 3 se muestran las fiabilidades medias de las predicciones genéticas clásicas (BLUP) y de las genómicas (GBLUP), para cada una de las razas implicadas en el estudio. El incremento de fiabilidad por la utilización de la información molecular es muy importante en todas las razas. De nuevo, este incremento evidente se debe al uso de un valor genético como fenotipo para el GBLUP. En los modelos de selección genómica mediante single-step, en los que el fenotipo es el carácter de producción y la única diferencia con la metodología clásica es la inclusión de los genotipos, el incremento de fiabilidad es mucho más moderado, del 5-15% según la raza y el carácter, pero igualmente favorable.

Tabla 3.- Fiabilidad media obtenida en la valoración genética convencional (BLUP) y la evaluación genómica de los animales genotipados en cada raza (GBLUP).

Raza	BLUP	GBLUP
Assaf	0,673	0,995
Latxa Cara Negra Euskadi	0,738	0,999
Latxa Cara Rubia	0,744	0,995
Latxa Cara Negra Navarra	0,735	0,988
Churra	0,599	0,999
Manchega	0,510	0,952

Como estudio diagnóstico previo a la evaluación genómica multi-raza, se llevó a cabo un análisis de componentes principales utilizando la información de genotipos de cada una de las razas ovinas. Este tipo de análisis nos permite cuantificar la relación entre las cuatro razas ovinas estudiadas en función de las diferencias genéticas existentes entre las mismas. La figura 1 muestra el análisis de componentes principales llevado a cabo con los 21.787 SNPs comunes a todas las razas.

Los dos primeros componentes principales PC1 y PC2, figura 1a), explican un 38% y un 14%, respectivamente, de la covarianza entre individuos. El primer eje distingue las poblaciones de Churra, Latxas y Manchega de la población de Assaf. El segundo eje separa las razas Assaf y Churra de Manchega y Latxa.

En el caso de los componentes PC1 y PC3, Figura 1b), que explican un 38% y un 10% de la covarianza entre individuos, respectivamente, el primer eje, como en el caso anterior, separa las poblaciones de Churra, Latxa y Manchega de la población de Assaf, mientras que el segundo eje discrimina las poblaciones de Latxa frente a las otras tres razas. Finalmente, en la figura 1c), se muestran los componentes principales PC2 y PC3, que explican un 14% y un 10% de la covarianza entre individuos. En este caso el primer eje separa las poblaciones de Assaf y Churra de las de Latxa y Manchega, y el segundo, los morfotipos de Latxa del resto de razas.

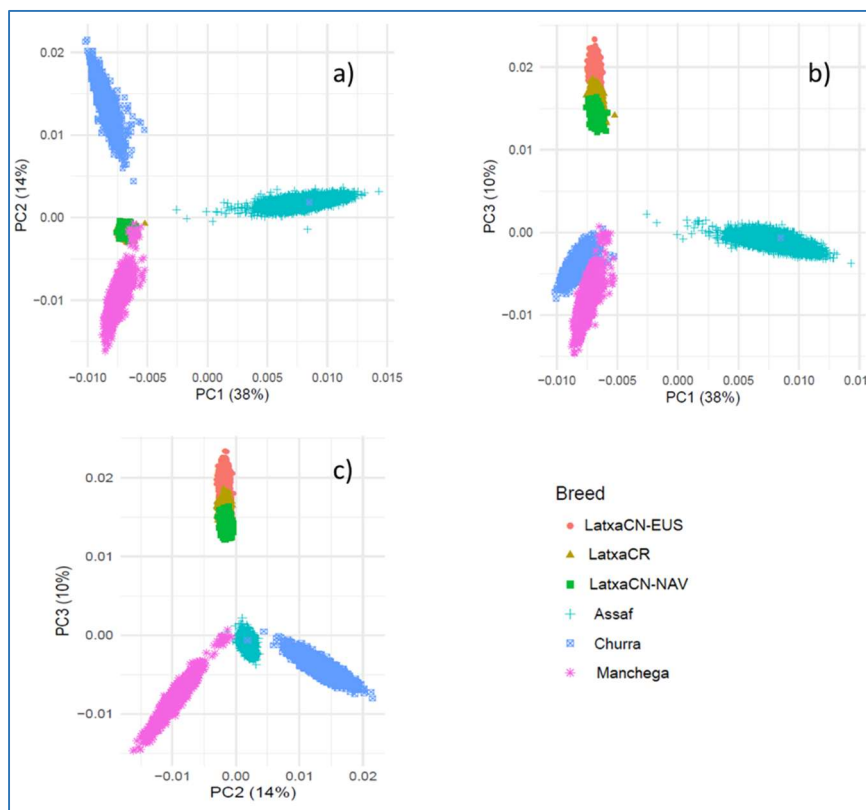


Figura 1.- Análisis de componentes principales realizado con los genotipos de 21.787 SNPs comunes a las cuatro razas ovinas lecheras.

En resumen, podemos afirmar que las poblaciones de las distintas razas ovinas lecheras que son objeto del estudio de la utilidad de una metapoblación que englobe a todas ellas, están suficientemente diferenciadas genéticamente como para predecir la ineficiencia de la constitución de una metapoblación para una evaluación genómica multi-raza.

Otro de los elementos diagnóstico para predecir el posible beneficio de la utilización de una metapoblación del conjunto de razas ovinas, es el estudio de la conservación del patrón de desequilibrio de ligamiento (DL) en las distintas poblaciones ovinas. En el informe sobre la selección genómica realizado en Junio de 2020, se llevó a cabo un análisis del DL en cada una de las razas ovinas participantes en la Encomienda de gestión. Los resultados de este análisis se muestran en la tabla 4. En todas las razas incluidas en el informe el DL se ha estimado mediante el parámetro r^2 , que mide la correlación entre dos SNPs basándose en el conteo de alelos de los genotipos de los marcadores y toma valores entre 0 y 1, siendo 0 no ligamiento o independencia y 1 ligamiento completo.

Tabla 4.- Desequilibrio de ligamiento (r^2) medio y por cromosoma en las distintas razas ovinas para distancias crecientes entre marcadores en Mb.

raza	nº genotipos	nº SNPs	0.05 Mb	0.5 Mb	5 Mb
Assaf	5.877	49.702	0,161	0,066	0,030
Churra	3.374	49.702	0,152	0,061	0,017
Latxa Cara Negra Euskadi	969	31.742	0,164	0,155	0,137
Latxa Cara Rubia	995	31.437	0,162	0,148	0,131
Latxa Cara Negra Navarra	450	31.245	0,164	0,154	0,137
Manchega	5.104	51.570	0,188	0,057	0,055

Como se puede observar en la tabla 4, el patrón de DL varía entre las razas. Para las razas Assaf, Churra y Manchega el patrón de DL es similar con una tendencia de disminución al aumentar la distancia entre SNPs. Para los morfotipos de Latxa el patrón de DL es diferente a las razas antes mencionadas. En este caso, aunque para una distancia de 0,05 Mb el valor medio de DL es similar al de las razas Assaf, Churra y Manchega, la disminución del DL al aumentar la distancia entre SNPs no es tan drástica como la observada en el caso anterior. Es importante tener en cuenta que estos patrones de DL se han estimado en las distintas razas sobre un número muy distinto de animales genotipados, hecho que puede influir de manera importante sobre los valores de DL obtenidos. Las diferencias observadas en DL entre las razas ovinas, es un inconveniente a la hora de establecer una metapoblación de todas ellas con el fin de realizar una evaluación genómica común.

En el ANEXO 1 se presenta el efecto en cada raza de los SNPs comunes a todas ellas, la frecuencia del alelo menos frecuente, los alelos de los SNPs y la varianza explicada por cada SNP calculada según la fórmula:

$$Varianza_{SNP} = Efecto_{SNP}^2 \times MAF \times (1 - MAF)$$

siendo *MAF* la frecuencia del alelo menos frecuente.

En las distintas razas estudiadas, el alelo menos frecuente no siempre es el mismo, lo cual depende del tamaño muestral en cada una de ellas y de la estructura del genoma de la propia raza. Esto supone un inconveniente importante a la hora de realizar una evaluación genómica multi-raza, ya que el efecto positivo o negativo de cada SNP podrá corresponder a distintos alelos en cada raza.

La varianza de las soluciones de los SNPs obtenidas en la evaluación genómica intra-raza se muestran en la figura 2.

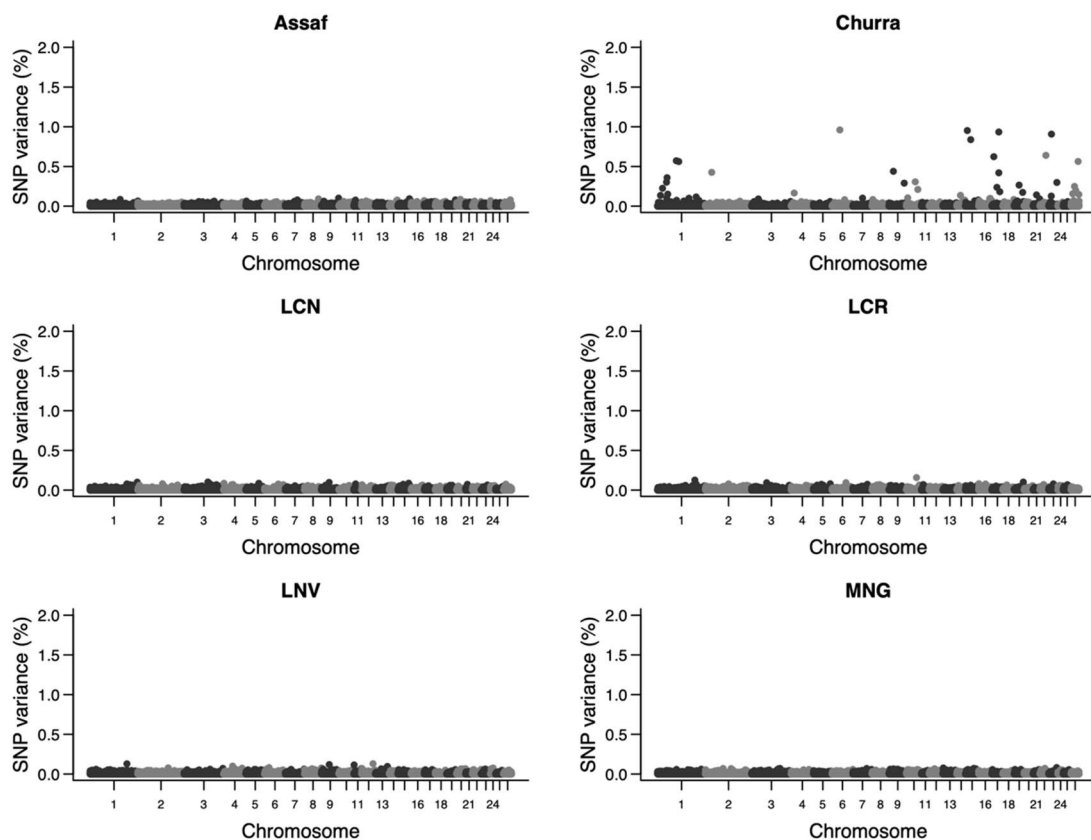


Figura 2. Varianza de los efectos de los marcadores obtenida a partir de las estimas de la evaluación genómica intra-raza (GBLUP). LCN: Latxa Cara Negra Euskadi; LCR: Latxa Cara Rubia; LNV: Latxa Cara Negra Navarra; MNG: Manchega.

El porcentaje de varianza genética del carácter leche a 120 días de lactación explicada por los marcadores genotipados en los animales de las razas ovinas estudiadas es muy pequeña para todos los SNPs, excepto algunos valores más elevados para marcadores puntuales en el caso de la raza Churra. Este patrón es el esperado en caracteres de tipo poligénico, como es el caso del carácter producción de leche.

4.- EVALUACIÓN GENÓMICA MULTI-RAZA (METAPOBLACIÓN)

La evaluación genómica multi-raza se llevó a cabo, al igual que en el caso de la intra-raza, utilizando como fenotipo el valor genético predicho con la valoración BLUP clásica. Se realizó una valoración genómica (GBLUP) incluyendo el efecto fijo raza y los genotipos de todos los animales para los SNPs comunes a todas las razas. Se utilizó el programa AIREMLf90 de la familia de programas BLUPF90 (<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>) desarrollados por Ignacy Misztal y colaboradores, de la universidad de Georgia (USA).

En el ANEXO 2 se muestran las predicciones genéticas clásicas (BLUP), las genómicas intra-raza (GBLUP) y las genómicas multi-raza (MultiGBLUP) de los animales de cada raza ovina, así como los valores de fiabilidad de las mismas.

En la tabla 5 se muestran las varianzas estimadas en cada raza para los valores genéticos clásicos (BLUP), los valores genómicos intra-raza (GBLUP) y los valores genómicos predichos en la metapoblación (MultiGBLUP).

Tabla 5.- Estimaciones de componentes de varianza para los valores genéticos clásico (BLUP) y genómicos intra-raza (GBLUP) y multi-raza (MultiGBLUP).

Raza	BLUP			GBLUP		MultiGBLUP	
	Va	Vp	Ve	Va	Ve	Va	Ve
Assaf	1.858	1.678	5.872	1.931,8 (47,674)	98,047 (7,950)		
Latxa Cara Negra Euskadi	307	372	983	601,87 (27,733)	0,0009 (0,005)		
Latxa Cara Rubia	454	401	1.206	732,90 (36,738)	14,647 (8,147)	485,41	220,51
Latxa Cara Negra Navarra	515	311	1.215	484,14 (38,958)	39,367 (12,315)	(12,076)	(4,3745)
Churra	353	518	1.184	496,00 (23,451)	40,460 (1,990)		
Manchega	738	-	2.261	672,50 (32,99)	78,970 (12,96)		

Va = varianza genética; Ve = varianza residual

Como se puede ver en la tabla 5, la ganancia en varianza genética y la disminución de la varianza residual observadas en la evaluación genómica intra-raza (GBLUP) respecto a la valoración genética convencional para todas las poblaciones ovinas, se pierde en la aplicación del BLUP genómico en la metapoblación. En este caso, el aumento de la varianza residual es consecuencia de las diferencias que existen en el fenotipo (valor genético clásico) entre las distintas razas, en términos de magnitud y variabilidad.

La tabla 6 muestra las correlaciones entre los valores genéticos clásicos (BLUP), los valores genómicos estimados dentro de cada raza (GBLUP) y los valores genómicos predichos en la metapoblación (MultiGBLUP). Las correlaciones más altas en todos los casos son aquellas entre los valores BLUP y GBLUP estimados para cada raza por separado. Estas correlaciones disminuyen tanto en la comparación BLUP-MultiGBLUP como en la comparación GBLUP-MultiGBLUP.

Tabla 6.- Correlaciones entre el valor genético clásico (BLUP), el valor genómico intra raza (GBLUP) y el valor genómico multi-raza (Multi-GBLUP) para cada raza ovina y para el conjunto de todas las razas.

Raza	BLUP-GBLUP	BLUP-MultiGBLUP	GBLUP-MultiGBLUP
Assaf	0,996	0,953	0,972
Latxa Cara Negra Euskadi	1	0,947	0,947
Latxa Cara Rubia	1	0,967	0,970
Latxa Cara Negra Navarra	0,997	0,940	0,950
Churra	0,870	0,768	0,687
Manchega	0,994	0,943	0,966
Global	0,947	0,939	0,949

Esta comparación entre las estimas de los valores genéticos/genómicos obtenidos en los animales de cada raza mediante los tres métodos, se muestra de manera gráfica en la figura 3, donde se puede apreciar claramente la mayor correspondencia entre las predicciones genéticas/genómicas obtenidas con el método clásico (BLUP) y el genómico intra-raza (GBLUP).

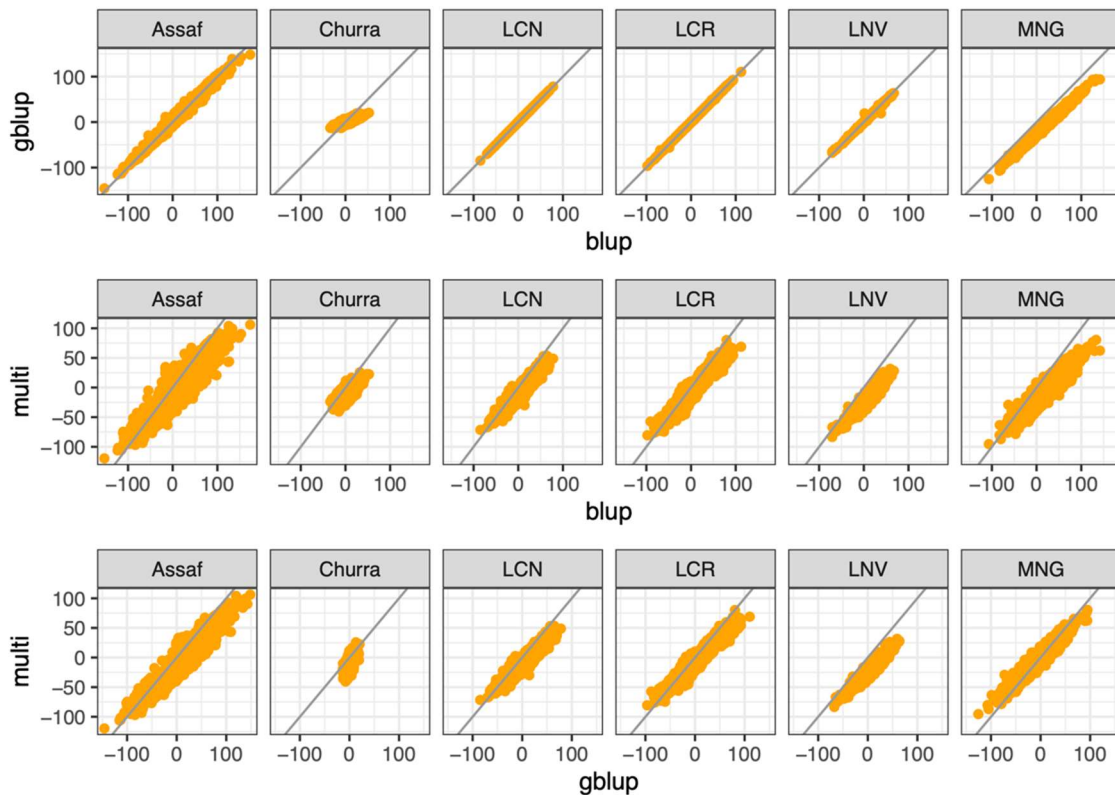


Figura 3.- Comparación estimas valores genéticos para los tres métodos de estimación: valoración genética clásica (BLUP), evaluación genómica intra-raza (GBLUP) y valoración genómica multi-raza (multi). LCN = Latxa Cara Negra Euskadi; LCR = Latxa Cara Rubia; LNV = Latxa Cara Negra Navarra.

En la tabla 7 se muestran los valores de fiabilidad de cada tipo de predicción genética, valor genético clásico (BLUP), valor genómico predicho en cada raza (GBLUP) y valor genómico predicho en la metapoblación (MultiGBLUP). Como se puede observar, las fiabilidades aumentan en todos los casos a valores próximos a 1 con la aplicación del BLUP genómico en cada raza. Para el caso de la valoración genómica en la metapoblación, las razas Assaf, Churra y Manchega, las que tienen más cantidad de animales genotipados, si ven incrementados sus valores de fiabilidad respecto a la valoración genética clásica, pero son muy inferiores a los obtenidos con el BLUP genómico intra-raza. En el caso de los morfotipos de Latxa, las fiabilidades de la valoración genética convencional y las obtenidas con la metapoblación son muy similares. La pérdida de precisión de la evaluación multi-raza respecto al GBLUP se debe, en parte, a que en las distintas razas el fenotipo (valor genético clásico) es diferente, es decir, si bien representa la aptitud de los animales de transmitir a su descendencia la capacidad de producir leche, la magnitud y variabilidad

es muy diferente en las distintas razas, así como la varianza aditiva (ver tabla 5) lo que sin duda se traducirá en pérdidas de precisión.

Tabla 7.- Medias de fiabilidad para los tres métodos de estimación de valores genéticos: valoración genética clásica (BLUP), valoración genómica intra-raza (GBLUP) y valoración genómica en la metapoblación (MultiGBLUP).

Raza	BLUP	GBLUP	MultiGBLUP
Assaf	0,673	0,995	0,809
Churra	0,363	0,999	0,795
Latxa Cara Negra Euskadi	0,738	1,000	0,729
Latxa Cara Rubia	0,732	0,995	0,724
Latxa Cara Negra Navarra	0,735	0,988	0,718
Manchega	0,510	0,952	0,761

5.- CONCLUSIONES GENERALES

Los resultados de este trabajo confirman la ya bien documentada ineficiencia de las predicciones genómicas para un conjunto de razas genéticamente diferenciadas. De hecho, los únicos casos donde las evaluaciones genómicas multi-raza pueden ser eficientes son aquellos en los que las poblaciones están altamente relacionadas entre sí, de tal modo que pueden considerarse una única población, como ocurre en el caso de cruces de razas. Los estudios de diagnóstico previos al desarrollo de la evaluación genómica en la metapoblación, análisis de componentes principales y estudio del DL en las distintas razas ovinas, mostraron resultados que permitieron prever la ineficiencia de una evaluación genómica multi-raza, dada la divergencia genética entre las razas ovinas incluidas en el estudio y las diferencias en los patrones de desequilibrio de ligamiento.

Otra de las limitaciones más importantes reside en los objetivos de selección de cada raza: producción de leche a 150 días en Assaf, a 120 días en Latxa, y producción de leche el día de control en Churra y Manchega. Plantear realizar una valoración genómica conjunta no parece viable en este momento, al buscarse objetivos de mejora diferentes. Incluso si se busca un objetivo común, la producción de leche diaria o la producción a 120 días como se ha considerado en este trabajo, existen limitaciones asociadas a las características del fenotipo en cada raza, con una variabilidad marcada entre ellas. Sería necesario plantear otras estrategias, como una valoración multi-carácter. En cualquier caso, y de acuerdo con lo indicado más arriba, las diferencias de estructura genómica entre razas podrían hacer que no se tradujese en un aumento de la fiabilidad de las estimas de los valores genéticos.

Como conclusión, el beneficio esperado de la evaluación genómica en la metapoblación en términos de incremento de la fiabilidad de las predicciones genómicas de los animales de las distintas razas, no se produjo. Asimismo, las particularidades de los programas de mejora de cada raza limitan la implementación de una evaluación multi-raza en la actualidad.

6.- INFORME ICAR RAZAS OVINAS

Como parte de los trabajos de la Encomienda de gestión entre el MAPA y el INIA, se ha llevado a cabo una auditoría de ICAR en cada una de las razas ovinas lecheras participantes en la misma, para la emisión del Certificado de Calidad de esta institución. El Auditor fue en todos los casos Jean Michel Astruc (Francia).

La auditoría ICAR se ha llevado a cabo sobre los siguientes aspectos de los programas de mejora relativos a:

- IO Identificación de los animales
- MLRO Control lechero
- HB Libro genealógico
- LC Recogida de fenotipos de conformación
- DP Procesado de los datos
- GO Evaluación genética

Dada la situación de la pandemia del COVID-19 las visitas a las asociaciones fueron reemplazadas por videoconferencias de 2 horas de duración con los representantes de las asociaciones y sus genetistas.

- CONFELAC Lourdes Mintegi y Eva Ugarte (NEIKER) por la raza Latxa
- ANCHE Teodoro López y Luis Fernando de la Fuente (ULE) por la raza Churra
- ASSAFE Fernando Freire y Noelia Domínguez Merino (ASSAFE) y María Ángeles Jiménez (INIA) por la raza Assaf
- AGRAMA Roberto Gallego, Oscar García y César Domínguez Fernández (AGRAMA), y Manuel Ramón y María Dolores Pérez-Guzmán (CERSYRA-IRAF), por la raza Manchega

Comentarios generales a los distintos aspectos auditados en el conjunto de las asociaciones de ovino lechero:

Identificación de los animales

La identificación de los animales esta llevada a cabo cumpliendo la legislación Europea. Hay un único sistema de identificación a nivel nacional que consiste en crotales y bolos ruminales. Además, en cada asociación hay un segundo crotal que lleva la identificación genealógica (no oficial), la identificación oficial se utiliza en el IT, en el proceso de los datos y en la evaluación genética. El ganadero es el responsable del mantenimiento de los dispositivos de identificación.

A este respecto no hay aspectos importantes a señalar por parte del auditor.

Libro genealógico

Cada asociación ha sido reconocida por el MAPA para gestionar los libros genealógicos de sus razas. Se realiza la verificación de filiación mediante marcadores microsatélite en los machos que van a ingresar en el centro de inseminación artificial y en un grupo de hembras, que en el caso de ANCHE y CONFELAC es una muestra de las disponibles, y en el caso de ASSAFE y AGRAMA son todas las hembras de reposición. Son varios laboratorios los que realizan estos análisis: Xenetica Fontao, CERSYRA-IRIAF, ABC, Laboratorio central de Veterinaria de Algete y Nasertic. La verificación de filiación de toda la reposición que realizan ASSAFE Y AGRAMA es una herramienta muy importante para obtener todas las relaciones de parentesco, incluso las de machos de monta natural.

A este respecto el informe del auditor resalta dos puntos a tener en cuenta:

- ✓ Con el desarrollo de las evaluaciones genómicas y el genotipado de animales para este fin, se puede ir sustituyendo la verificación de filiaciones con microsatélites por la de marcadores de tipo SNP, que son los contenidos en las plataformas de genotipado, evitando así el que se dupliquen los análisis de filiación e implementando un modelo más económico.
- ✓ Las reglas para incorporar a los animales en las distintas secciones de los Libros Genealógicos no están explicitadas. No está claro si la sección principal y las anexas están gestionadas por las asociaciones.

Control Lechero

El número de rebaños sujetos a control lechero es de 215 en raza Latxa, 139 en raza Manchega, 119 en raza Assaf y 44 en raza Churra. Cada asociación utiliza sus propios dispositivos para la realización del mismo: MIBO en Latxa, BERANGO en Churra y GRUPANOR en Manchega.

El tipo de control lechero utilizado es en todos los casos el AT4. En Latxa algunos rebaños utilizan el AC. En todas las razas solo se recoge dato de un ordeño. La estrategia de recogida de muestras depende de la asociación, así, se colecta una parte o de todos los rebaños controlados, de todas las ovejas del rebaño o de algunas parideras o de hijas nacidas de machos de inseminación artificial. El análisis de las muestras de leche también depende de cada asociación o laboratorio. El contenido de grasa y proteína y el recuento de células somáticas se analizan siempre; en algunos casos se analizan también otros componentes tales como lactosa, urea, materia seca y cetonas.

El cálculo de la lactación es heterogéneo en el grupo de razas ovinas, utilizando la leche total mamada por el cordero más la ordeñada (TSM) y la leche total ordeñada (TMM) estandarizada o no a un número fijo de días de lactación (120 o 150 días).

La organización del control lechero, y el cálculo de la lactación son realizadas adecuadamente y siguiendo las recomendaciones de ICAR. Los ganaderos reciben un documento informativo de su producción poco después del día de control. El sistema permite disponer de datos adecuados para realizar las evaluaciones genéticas.

Respecto al control de rendimientos el auditor señala dos puntos a tener en cuenta:

- ✓ Proporcionar una mejor descripción de los dispositivos electrónicos utilizados para determinar si están o no certificados por ICAR. En esta misma línea, describir mejor si los dispositivos electrónicos utilizados se benefician de la antigua cláusula acordada por ICAR.
- ✓ A pesar de que la estrategia de muestreo, el cálculo de la lactación, la analítica de las muestras y los dispositivos de control son importantes para cada asociación, sería interesante intentar armonizar estos elementos a nivel nacional o quizá redactar un documento oficial justificando los motivos de las distintas situaciones.

Calificación de la conformación

Cada asociación recoge los datos de conformación de ubre de sus animales. Los caracteres lineales medidos en todas las razas son: profundidad de ubre, inserción de ubre, posición de los pezones y longitud de los pezones. La conformación general de ubre se mide en las razas Churra, Manchega y Assaf.

Los registros de conformación de ubre se toman una vez al año en el primer y segundo parto de las ovejas. La metodología seguida por todas las razas es la propuesta por De la Fuente y está definida en las recomendaciones ICAR.

El auditor propone respecto a este apartado:

- ✓ Dado que el número de calificadores es muy escaso en cada una de las razas sería útil una armonización de las calificaciones organizando una sesión conjunta con todos los calificadores de las asociaciones (por ejemplo, una vez cada dos años).

Evaluación genética

Cada asociación posee su propia organización para el desarrollo de las valoraciones genéticas y su propio centro de evaluación para llevarlas a cabo: Neiker en el caso de la raza Latxa, la Universidad de León en la raza Churra, el INIA en la raza Assaf y el CERSYRA en la raza Manchega. Todos los centros que realizan las evaluaciones disponen de un equipo de expertos. Los centros de evaluación realizan las valoraciones genéticas y tareas de investigación y desarrollo. Se realizan las valoraciones genéticas de los caracteres lecheros y de conformación de la ubre. Para la evaluación genética de los caracteres de producción lechera se utilizan distintos modelos genéticos en cada raza (TSMM 120, test-day, TMM 120 y TMM 150). Los contenidos de grasa y/o proteína se evalúan en todas las razas excepto en Manchega. En todas las razas, excepto la Manchega, se calcula y difunde un Índice de Mérito Genético Global (TMI). El recuento de células somáticas solo se evalúa en la raza Assaf pero no se incluye en el TMI. Los modelos utilizados están bien documentados. Cada asociación envía los datos brutos a su centro de evaluación y recibe las predicciones genéticas de sus animales (EBVs). La evaluación genómica ha comenzado a realizarse recientemente en las razas Latxa y Assaf.

Respecto al apartado de valoraciones genéticas, el auditor señala que:

- ✓ Aunque se mantengan cada uno de los centros de valoración genética de cada raza, sería beneficiosa una coordinación de todas las razas de ovino lechero a nivel nacional. Puede que exista, pero no queda claro en las entrevistas realizadas.

Procesado de los datos

Cada asociación de ganaderos tiene su propio sistema de manejo y procesado de los datos. El sistema se basa en un lector utilizado por el ganadero o el técnico para recoger los datos (Psion Workabout, Gesreader, Felixcan ...). Los registros recogidos son cargados en un ordenador (software del ganadero o del técnico) y enviados al servidor de la asociación. Probablemente en esta etapa de lectura se realice algún chequeo de los datos. Los datos de los laboratorios (datos de calidad de la leche y de genotipos) llegan a las asociaciones vía internet. Los resultados e informes son enviados directamente a los ganaderos unos días después de la realización del control lechero, en un pdf por email o en papel. También, en algunos casos, pueden descargarse del servidor de la asociación. Las lactaciones estandarizadas se calculan mediante el método Fleischmann. El intercambio de datos entre las asociaciones y sus centros de evaluación genética se realiza vía internet.

En este apartado el auditor no propone ningún punto de atención.

Como **Conclusión** de la auditoría, el Auditor Jean Michel Astruc indica que el modo de trabajo de las asociaciones de ovino lechero auditadas es bueno, lo que permite generar información y servicios a los ganaderos, a saber, informes mensuales y valoraciones genéticas. El Auditor, propone, que sin modificar los sistemas propios de cada raza, podría ser beneficioso establecer una coordinación entre las asociaciones de ovino lechero a nivel nacional, con el fin de establecer contactos, quizá armonizar sistemas y tratar de beneficiarse mutuamente de sus experiencias. El Auditor indica que hay un margen de mejora en términos de estandarización de los trabajos, lo cual puede ser importante con el inicio de la selección genómica, por ejemplo, para coordinar el genotipado de los animales de las distintas razas ovinas con el fin de obtener mejores precios de los chips.