

EVALUACIÓN DE UN ESQUEMA DE SELECCIÓN GENÓMICA EN LA RAZA CAPRINA LECHERA SAANEN FRANCESA

Tadeo-Peralta^{1,2*}, E., Raoul^{2,3}, J., Palhière², I., Rodríguez-Ramilo², S. T., Ruiz-López³, F. J., Montaldo¹, H. H. y Elsen², J. M.

¹ Departamento de Genética y Bioestadística, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510, Ciudad de México, México. ² INRA, UMR 1388 GenPhySE, 31326 Castanet Tolosan, France. ³ Institut de l'Elevage, F-31321 Castanet-Tolosan, France. ⁴ Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Ajuchitlán, Querétaro 76280, México; lizareth@comunidad.unam.mx

INTRODUCCIÓN

Un esquema de selección se basa en la organización de una población con el objetivo de mejorarla genéticamente para caracteres de interés económico (Elsen, 1988). Tradicionalmente, la selección se realizaba empleando registros genealógicos y fenotípicos. Sin embargo, en los últimos años la selección genómica ha revolucionado el modo clásico de seleccionar implementando la información que proporcionan los chips de SNP (Meuwissen et al., 2001).

La implementación de la selección genómica se realizó en primer lugar en ganado vacuno lechero (Hayes et al., 2009). En caprinos, Carrillier et al. (2013) demostraron que la implementación de la selección genómica también podría aportar beneficios. Así, en 2018 se implementó la selección genómica en el esquema de selección francés, bajo una organización elegida por CAPGENES. El objetivo del presente estudio es evaluar las implicaciones del cambio de un esquema de selección clásico a un esquema de selección genómica en la raza Saanen.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se desarrolló un modelo de simulación estocástica para comparar el esquema de selección clásico y genómico similar al que existe en la raza Saanen francesa. Los genomas de los individuos se simularon usando como base genotipos reales.

Genotipos base

El grupo de genotipos reales fue obtenido de 761 machos con prueba de progenie. Estos animales fueron genotipados con el chip Illumina GoatSNP50 (Tosser-Klopp et al., 2012). Después del filtrado (Martin et al., 2016), se usaron 46810 SNP autosómicos. Las fases de los genotipos fueron inferidas con el programa Fimpute (Sargolzaei et al., 2014).

Población fundadora

Los dos cromosomas de cada autosoma fueron muestreados al azar para generar 14000 nuevos genomas. El sexo y la edad de cada individuo se asignaron a partir de las probabilidades obtenidas siguiendo la estructura demográfica de la población real caprina francesa. Los nuevos individuos generados a partir de los genomas, fueron apareados al azar durante 8 ciclos, considerando las probabilidades de fertilidad, prolificidad, sexo y sobrevivencia de la población real.

Simulación de QTL y fenotipos

Los fenotipos y QTL se generaron siguiendo a Raoul et al. (2017). Se seleccionaron al azar 1000 QTL, de entre los SNP con $MAF > 0.05$. Los efectos de los QTL se muestrearon de una distribución gamma y se ajustaron a una $V_G = 1.0$. El fenotipo de cada hembra con progenie y se obtuvo como $y = TBV + pe + e$, donde TBV es el valor genético aditivo, pe el efecto ambiental permanente y e el error. El efecto ambiental permanente fue obtenido de una distribución normal con media 0 y varianza $\frac{rep-h^2}{h^2}$, donde rep es la repetibilidad (0,5), y h^2 la heredabilidad (0,3), como un carácter lechero. Finalmente, el efecto del error fue obtenido a partir de una distribución normal con media 0 y varianza $\frac{1-rep}{h^2}$.

Esquemas de selección

La Figura 1 muestra los pasos de selección en los esquemas de selección clásico y genómico. El esquema clásico se basa en dos pasos de selección de machos: en el primero se selecciona a los mejores machos de 4 años de edad, con base en una prueba de progenie, y en el segundo se selecciona a los padres de machos entre los machos que tienen hasta 4 años de servicio. El esquema genómico se basa en tres pasos de selección de machos: en el primero se preselecciona a los machos que entrarán en prueba de progenie, con base en una evaluación genómica. Entre esos animales se selecciona a los mejores para padres de machos, a los 2 años de edad. El segundo paso de selección, se realiza con base a una prueba de progenie como en el esquema clásico, y en el tercer paso se selecciona a los mejores machos de hasta 2 años de servicio para ser padres de machos. Ambos esquemas seleccionan a las madres de machos con la misma tasa de selección. Tanto del escenario clásico como del genómico se realizaron 10 réplicas.

Comparación de esquemas de selección

Las distintas alternativas se evaluaron con respecto a la ganancia genética anual promedio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El modelo estocástico (esquema clásico) se validó usando una aproximación determinística basada en la metodología desarrollada por Elsen y Mocquot (1973) y Hill (1974).

En la Tabla 1 se puede ver que la ganancia genética promedio obtenida con el modelo determinístico es más elevada que la obtenida con el modelo estocástico. Sin embargo, la ganancia genética obtenida es similar a la ganancia genética real (0,18) obtenida por Virginie Clement (comunicación personal, 2018), para la cantidad de proteína en leche de la raza Saanen francesa. Además, la ganancia genética promedio es mayor cuando se implementa un esquema genómico de selección que un esquema clásico.

Los resultados indican que existe un beneficio al implementar la selección genómica en el esquema de selección caprino francés. Sin embargo, el incremento de la tasa de mejora que se alcanza con selección genómica no es tan elevado como la observada en el ganado lechero vacuno y ovino (Pryce y Daetwyler, 2012; Buisson et al., 2010). Sin embargo, es posible explorar otras alternativas que puedan incrementar los beneficios de dicho esquema de selección genómico.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Buisson, D. et al. 2010 Proc. 10th WCGALP.
- Carrillier, et al. 2013. J. Dairy Sci. 96: 7294-7305.
- Elsen, J. M. 1988. Eds. Korver, S. and JAM Van Arendonk. 171-181.
- Elsen, J. M. & Mocquot, J.C. 1974. Bull. Techn. Départ. Génétique animale. INRA. 17: 30-54.
- Hayes, B.J. 2009. J. Dairy Sci. 92:433-443.
- Hill, W.G. 1974. Anim. Prod. 18:117.
- Martin, P. et al. 2016. J. Dairy Sci. 99: 8891-8900.
- Meuwissen, T. H. E. et al. 2001. Genetics 157: 1819-1829.
- Pryce, J.E. & Daetwyler H.D. 2012. Anim. Proc. Sci. 52: 107-114.
- Raoul, J. et al. 2017. Genet. Sel. Evol. 49: 76.
- Sargolzaei, M. et al. 2014. BMC Genomics 15: 478.
- Tosser-Klopp, G. et al., 2012. In Plant and Animal Genome Conf., San Diego, CA. 1-14.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto metaprogram SELGEN, y por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México, que asignó la beca de doctorado a Elizabeth Tadeo Peralta.

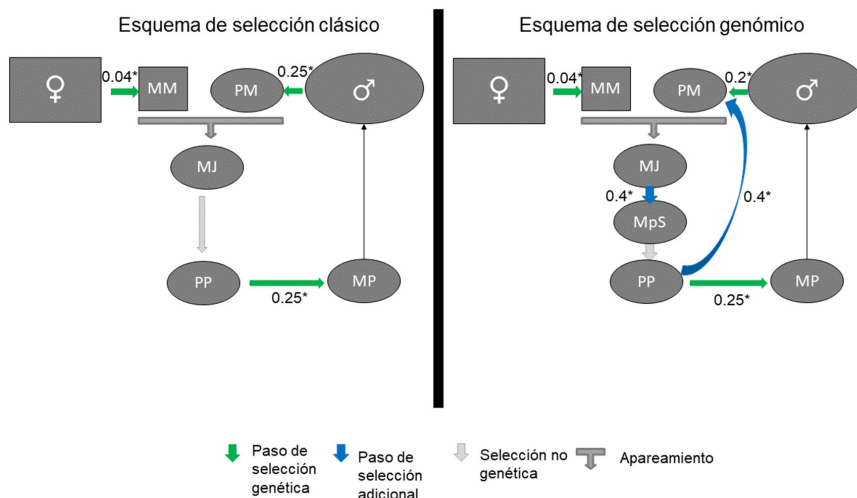


Figura 1. Pasos de selección en el esquema de selección clásico (izquierda) y genómico (derecha). * Tasa de selección genética. MM: madres de machos; PM: padres de machos; MJ: machos jóvenes; PP: machos en prueba de progenie; MP: machos probados; MpS: machos preseleccionados.

Tabla 1. Ganancia genética promedio en el esquema de selección clásico y genómico con los modelos estocástico y determinístico.

Esquema	Modelo	Ganancia Genética
Clásico	Estocástico	0,178 ± 0,006
	Determinístico	0,199
Genómico	Estocástico	0,200± 0,009

EVALUATION OF A GENOMIC SELECTION SCHEME IN THE SAANEN DAIRY GOAT

ABSTRACT: This study aims to measure the consequences of implementing genomic selection on the French Saanen dairy goat breeding scheme. A stochastic model were developed using real genotypes. The classical selection scheme, was based on progeny testing, and the genomic scheme was based on a progeny testing with a genomic preselection. The genomic scheme shows greater annual genetic gain. However the increase of annual genetic gain is not as large as in dairy cattle and dairy sheep.

Keywords: genomic selection, selection scheme, goat, stochastic simulation model.