

ESTRATEGIAS DE GENOTIPADO EN LA RAZA OVINA DE LECHE LATXA

Granado-Tajada¹, I., Varona², L. y Ugarte¹, E.

¹Neiker. Instituto vasco de investigación y desarrollo agrario. BRTA. Campus Agroalimentario de Arkaute, 01080, Arkaute, España. ²Departamento de Anatomía, embriología y Genética Animal, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Universidad de Zaragoza, 50013, Zaragoza, España; igranado@neiker.eus

INTRODUCCIÓN

Se ha demostrado que la inclusión de información genómica en las evaluaciones genéticas de poblaciones animales grandes y bien conectadas, como es el caso del vacuno lechero, resulta beneficiosa. Sin embargo, los resultados no son tan claros cuando se trata de poblaciones pequeñas por lo que se hace necesario considerar sus características específicas. Uno de los aspectos que más ampliamente se ha estudiado es la selección de animales a genotipar. Dentro de este contexto, y en relación a la raza ovina Latxa, el objetivo de este estudio es comparar mediante simulaciones basadas en la estructura real de la población el efecto de diferentes estrategias de genotipado en base a la precisión de predicción obtenida con cada una de ellas para la producción de leche a 120 días. Se muestran los resultados obtenidos para la variedad Latxa Cara Negra de Euskadi (LCNEUS).

MATERIAL Y MÉTODOS

Para el estudio de simulación se partía de datos de producción de leche estandarizada a 120 días, datos genealógicos y genotipos de 353 individuos, todos ellos machos de inseminación. Se definieron diferentes poblaciones a genotipar en función del sexo de los animales (en diferentes proporciones), valor genético y grado de conocimiento de la genealogía; considerando 300 como el nº máximo de animales a genotipar. Para evaluar la precisión de las evaluaciones genómicas (ssGBLUP) frente a las clásicas (BLUP) se estimó la correlación entre los valores simulados y predichos, calculándose la diferencia de precisión relativa entre ambos. Dicho parámetro se estimó en un grupo de machos (298) nacidos el último año y que no tenían hijas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las evaluaciones genómicas mostraron siempre una mayor precisión que las evaluaciones basadas en pedigrí. La mayor diferencia se obtuvo en aquellos escenarios que incluían hembras en la población genotipada (36-56 %), independientemente del grado de conexión y de sus valores genéticos, probablemente debido a que todas ellas tenían dato fenotípico propio. Esto también se ha descrito en otros estudios (Jimenez-Montero *et al.*, 2012; Ding *et al.*, 2013) y ocurría independientemente de la proporción de sexos, hecho que también se encuentra en la literatura (Uemoto *et al.*, 2017; Perez *et al.*, 2019). En cuanto al genotipado de machos, se vio que únicamente la información genómica de aquellos machos conectados por pedigrí y con hijas en datos aumentaba las precisiones (28 %) lo que confirma que genotipar individuos aislados no tiene interés en términos de precisión (Shabalina *et al.*, 2017; de Oliveira *et al.*, 2019). Respecto al nº de individuos genotipados, como era de esperar (Meuwissen *et al.*, 2001), al aumentar el número de machos aumentaba también la precisión (del 13 al 30 %).

CONCLUSIÓN

Incluir hembras con fenotipo en la población genotipada resultó en el aumento de la precisión de predicciones genómicas de LCNEUS, indistintamente del grado de conexión con la población y de su valor genético. Genotipar machos es beneficioso, siempre y cuando estén conectados con la población y tengan hijas con datos. Además, aquellas poblaciones genotipadas que incluían individuos de ambos sexos tuvieron mayores aumentos de precisión. Por lo tanto, como estrategia para la población de LCNEUS se propone que tras genotipar los machos de Inseminación Artificial y monta natural controlada, se genotipen hembras con fenotipo ya que se conseguirán mayores precisiones.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- de Oliveira, H.R. *et al.* 2019. J. Anim. Breed. Genet. 136(6): 441–452.
- Ding, X.Z. *et al.* 2013. J. Dairy Sci. 96(8): 5315–5323.
- Jiménez-Montero, J.A. *et al.* 2012. Animal 6(8): 1216–1224.
- Meuwissen, T.H.E. *et al.* 2001. Genetics 157(4): 1819–1829.
- Perez, B.C. *et al.* 2019. J. Anim. Breed. Genet. 136(1): 23–39.
- Shabalina, T. *et al.* 2017. J. Dairy Sci. 100(10): 8277–8481.
- Uemoto, Y. *et al.* 2017. Animal 11(3): 382–393.