

## HACIA LA INCLUSIÓN DE INFORMACIÓN GENÓMICA EN LAS EVALUACIONES GENÉTICAS EN EL VACUNO DE CARNE AUTÓCTONO

Meneses<sup>1</sup>, C., Altarriba<sup>2</sup>, J., Cañón<sup>3</sup>, J., Carleos<sup>4</sup>, C., Molina<sup>5</sup>, A., Morales<sup>5</sup>, R., Parejo<sup>6</sup>, J.C., Varona<sup>2</sup>, L., Villalba<sup>7</sup>, D. y Díaz<sup>1</sup>, C.

<sup>1</sup>INIA, 28040 Madrid. <sup>2</sup>UNIZAR, 50013 Zaragoza. <sup>3</sup>UCM 28040 Madrid. <sup>4</sup>UNIOVI, 33007 Oviedo. <sup>5</sup>UCO, 14071 Córdoba. <sup>6</sup>UEX, 10003 Cáceres. <sup>7</sup>UdL, 25198 Lleida; cdiaz@inia.es

### INTRODUCCIÓN

En los últimos años muchas de las poblaciones bovinas de carne están integrando información genómica en sus valoraciones genéticas, con un efecto más o menos importante sobre la precisión de las mismas y en el contexto del single-step BLUP (Legarra *et al.*, 2014). Las asociaciones de vacuno de carne autóctono cuentan con Esquemas de Selección más o menos asentados dependiendo de la población. Todas ellas desarrollan evaluaciones genéticas para los caracteres que forman parte de sus criterios de selección. Aunque presentan heterogeneidad en cuanto a los caracteres genéticamente valorados, el peso al destete es un carácter de interés común a todas ellas. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto de la inclusión de información genómica en la evaluación genética en un grupo de siete razas para el peso al destete.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Las razas que participaron en el estudio son Asturiana de los Valles (AST), Avileña–Negra Ibérica (ANI), Morucha (MOR), Parda de Montaña (PAR), Pirenaica (PIR), Retinta (RET) y Rubia Gallega (RUB). Los datos que se utilizaron fueron los correspondientes a la última evaluación genética realizada en cada población. El número de datos de peso al destete osciló entre los 6.625 para PAR y los 135.536 para AST, y el pedigrí entre los 15.323 y 214.687 respectivamente para estas razas. De cada una de ellas se dispuso de un número variable de animales genotipados oscilando entre 446 de RET y 2153 de AST. Se empleó el chip “Axiom™ Bovine Genotyping”. Los genotipos se editaron con criterios estándar y comunes a todas las razas. Así se generaron dos conjuntos de datos de genotipado; el propio de raza que contenía entre 42.706 SNPs para RET y 48.298 para AST y, uno común a todas ellas con 31.754 SNPs. La metodología de valoración fue el “single step BLUP” (Legarra *et al.*, 2014) y el software empleado fue BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2018). Para cada raza, además de la evaluación convencional, se realizaron otras dos evaluaciones; una primera, con el conjunto de SNPs específico de raza y, una segunda, con el común a todas ellas.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para el conjunto de animales con genotipo las fiabilidades medias se incrementaron entre 1 y 5 puntos porcentuales para el efecto directo, y entre 2 y 5 puntos para el efecto materno, cuando se empleó para la valoración el set de SNPs específico de raza respecto a la valoración BLUP. El uso del conjunto de SNPs comunes a todas las razas no redujo la fiabilidad en ninguna de las poblaciones. Para los animales sin genotipar, las fiabilidades medias no se vieron afectadas, a excepción de la raza RET. Los valores genéticos predichos (VGP) obtenidos con los dos conjuntos de SNPs mostraron, por raza, correlaciones similares tanto para componente directa como para la materna, respecto a los VGP obtenidos con la valoración convencional.

### CONCLUSIÓN

La inclusión de la información genómica ha supuesto un incremento ligero de la fiabilidad de los valores genéticos predichos. La reducción del número de marcadores no tuvo efecto sobre la fiabilidad alcanzada con el conjunto de SNPs específico de raza. Hay que seguir trabajando en nuevos caracteres y optimizando los criterios para elegir los animales a genotipar y así rentabilizar la inversión en genómica.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Legarra, A. 2014. *Livest Prod Sci.* 166: 54-65.
- Misztal, I. 2018. *Manual for BLUPF90 family of programs.*

**Agradecimientos:** Los autores agradecen a las Asociaciones de Criadores (ACRE, ACRUGA, AECRANI, ASEAVA, ARAPARDA, CONASPI, FERPAM y MORUCHA) por la cesión de los datos. Este trabajo ha sido financiado por el MAPA mediante la Encomienda de Gestión (EG17-167) al INIA.