

EL FSE INVIERTE EN TU FUTURO



GOBIERNO  
DE ESPAÑA

MINISTERIO  
DE MEDIO AMBIENTE  
Y MEDIO RURAL Y MARINO

PROGRAMA FORMATIVO FINANCIADO POR EL FONDO SOCIAL EUROPEO (FSE)  
Y EL MINISTERIO DE MEDIO AMBIENTE Y MEDIO RURAL Y MARINO (MARM)

# La genómica como nueva herramienta de selección

[juan.pena@conafe.com](mailto:juan.pena@conafe.com)

**Curso de Formación FEAGAS**

Madrid 7-Noviembre -2011

# Selección Genómica

## Nuevos términos

SNP

Chip

50K

Evaluación genómica

Genotipo

Selección genómica

Selección de SNP

**Vacuno de leche:** “Impacto equivalente al de la Insem. Artificial”

# Selección Genómica

**Pruebas hasta 60-70% de fiabilidad**

**!!! ...al nacimiento !!**

**¿Que hermano ha recibido mejores genes?**

# Selección Genómica

**¿ Qué  
hermano ha  
recibido  
mejores  
genes?**



# Nueva TECNOLOGIA

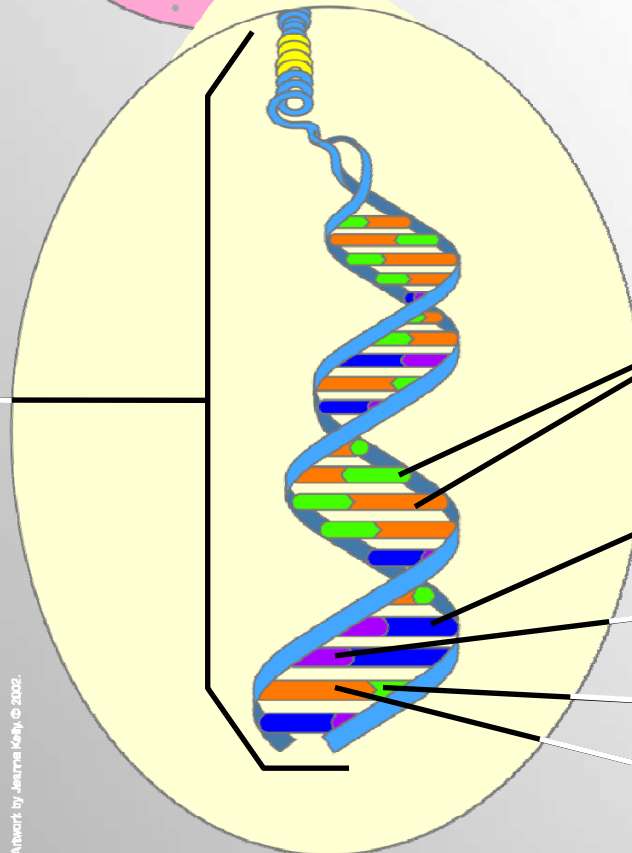
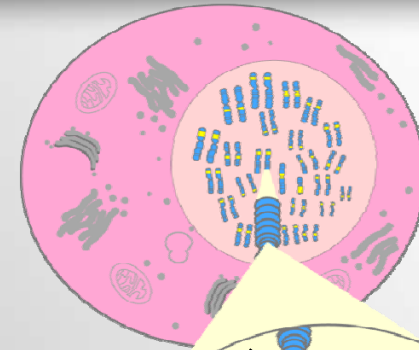
- 2000: Genoma humano secuenciado
- 2004: Genoma bovino secuenciado
- 2005: Chip 10K SNP para bovino (350\$)
- 2007 diciembre: Chip 50K SNP bovino (~250 euros)
- 2009 enero: Evaluaciones genómicas oficiales EEUU
- 2010 : Chip bovino 3K y 700k
- 2011 sept: Chip bovino 6k
- 2012: Evaluaciones genómicas en el Holstein español

# Secuenciación del ADN

**ADN:** 2 cadenas paralelas, cuyos eslabones son los nucleótidos

**Secuenciar:** Establecer el orden exacto de A,T,G,C

Molécula de ADN  
(cromosoma)



**Bases  
químicas**

A

T

G

C

# SNP: Nuevos datos

## 1. SNP

- posiciones a lo largo de los cromosomas, en las que se detectan diferencias entre individuos
- con solo dos alelos (2 variantes)
- al menos 1% del alelo menos frecuente

## 2. Chip 50K: 50.000 SNP

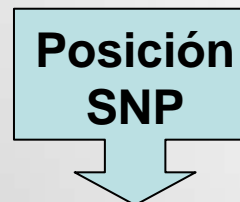
Cromosoma del padre

Cromosoma de la madre

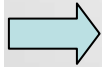
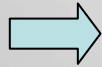
-----cgtaagat**G**taggct-----

-----cgtaagat**A**taggct-----

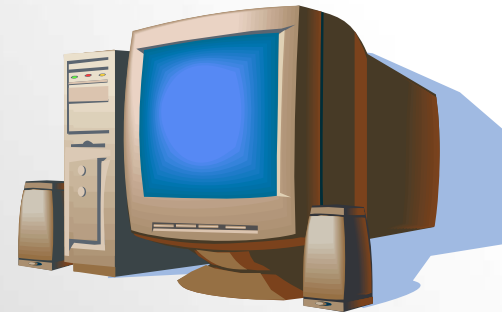
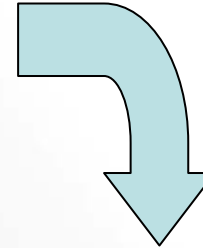
Posición  
SNP



# ¡ Evaluaciones GENÓMICAS !



**¡ Nuevos datos !**



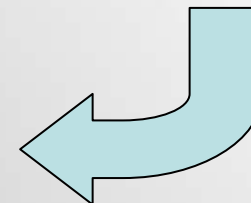
**Formulas de Prediccion**  
*(España: 2011-2012)*

**KP=+60**

**ICU=+3,00**

**Fiabilidad 60-70%**

**!!! ...al nacimiento !!**



# “Prueba Genómica”

En toros Holstein jóvenes sin hijas:

**Prueba genómica = Media VG trad padres + Información ADN**

# Ganancia en fiabilidad

**Prueba genómica = Media VG trad padres + Información ADN**

**EEUU** Abril 2011

**Ganancia en fiabilidad  
gracias al ADN**

<b>Kg proteína</b>	<b>18</b>
<b>Vida productiva</b>	<b>21</b>
<b>Recuento células somáticas</b>	<b>24</b>
<b>Tasa preñez de las hijas</b>	<b><u>20</u></b>
<b>Profundidad de ubre</b>	<b>40</b>
<b>Angulo Podal</b>	<b>14</b>
<b>Media de los caracteres</b>	<b>29</b>

# Impacto en el vacuno HOLSTEIN

## **1. Pruebas 60-70% fiabilidad al nacimiento,** en machos y en hembras

- fiabilidad tambien influida por la relacion candidato y poblacion de referencia
- menor fiabilidad que toros con hijas

## **2. Reduccion del intervalo generacional**

40% de semen de toros genomicos en varios paises

## **3. Validacion final:** Hijas de los toros jovenes genomicos (algunos desengaños)

# Holstein vs no HOLSTEIN

## 1. Holstein: Imprescindible colaboracion entre paises

EuroGenomics: 2000 (MARM) → 22.000

## 2. RESTO: Imprescindible colaboracion entre razas

- chips de muy alta densidad
- oportunidad para armonizar las bases de datos
  - \* SNPs
  - \* Datos tradicionales
- p.e. proyecto de vacuno de carne
- Via hembras en un futuro se generalizara la SG

# Tendencias (I)

**1. Menos SNPs** Chips de menor coste (6K)

IMPUTACION

**2. Mas SNPs en ancestros clave**

HD

→ *muchos animales*

Secuenciacion total / regiones

→ *muchos animales*

**3. Mejores metodos**

GBLUP

MAS Francia: 30 QTLs + 500 SNPs seleccionados

Bayesianos

# Tendencias (II)

**4. Uso en verificación de parentesco y ASIGNACION DE PARENTESCO**

**5. Uso para trazabilidad**

**6. Relaciones genómicas vs relaciones de parentesco**

- consanguinidad genómica

**7. Identificación de nuevos genes recesivos de efecto letal**

# Tendencias (II)

## **8. Predecir las interacciones entre los genes**

- predecir las interacciones entre los genes de padre y madre
- cambio importante en los procesos de evaluación

y en el uso de las evaluaciones (Adios al Catalogo de Sementales)

## **9. Poblacion de referencia de hembras**

- La reduccion de costes permita genotipado masivo (20 €)
- ¿que hembras incluir ? Evitar sesgos y procurar esten relacionadas con los candidatos a seleccionar

## **10. “Recuperar” genes perdidos en los procesos de seleccion**

# Nuevos caracteres (vacuno leche)

## 1. Nuevos caracteres

Enfermedades, salud podal, ácidos grasos en leche, ingestión de materia seca , emisión de metano

→ Colaboración con grupos veterinarios y ganaderos

## 2. Combinar datos de granjas experimentales o comerciales de distintos países

## 3. No hay toros probados

→ poblaciones de referencia de hembras

→ Si  $h^2=0,10$ , un toro en la población de referencia sustituido por 7 vacas

→ Pero solo 7 vacas con datos en vez de 100 hijas

→ Poblacion de referencia relacionada con los candidatos a evaluar

## 4. Genotipar hembras de estas explotaciones ( MARM )

# Resaltar

1. Todavía en los inicios de la Selección Genómica
2. Evaluaciones genómicas en Holstein en España en 2012
3. La selección genómica se acabara generalizando a todas las especies.

