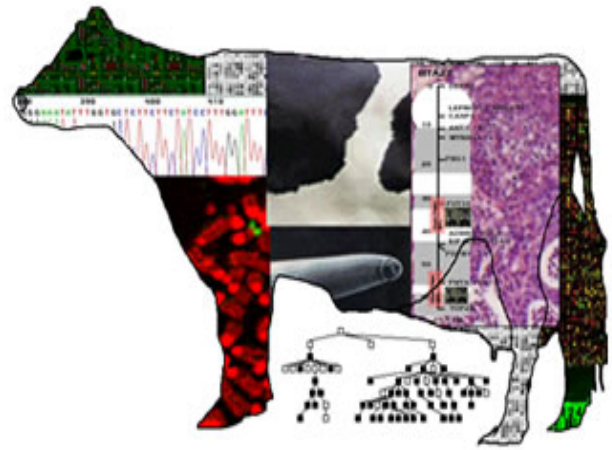


La selección genómica requerirá un flujo continuo de información

Reproducción Animal, SA de CV.
Departamento Técnico

Todos los cambios recientes en evaluaciones genéticas pueden dejar a muchos ganaderos lecheros anhelando por un tiempo de espera. Pero la nueva tecnología es un regalo en el negocio lechero y en todos los negocios para ese asunto. **Los productores deben evaluar cada desarrollo nuevo y decidir si lo usan o no, donde lo usan y como lo usan. Las evaluaciones genómicas son tan sólo una de esas tecnologías.**

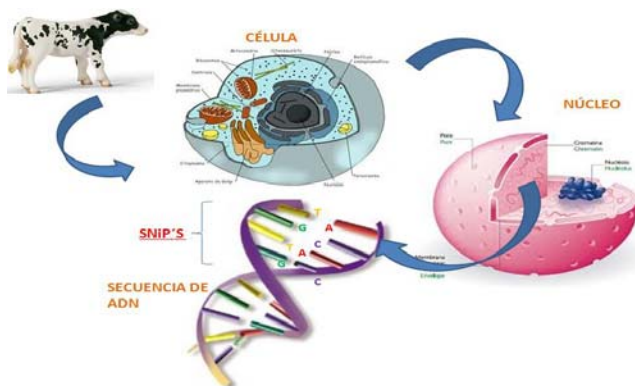


De forma importante, las predicciones genómicas son como las evaluaciones tradicionales. Ambas requieren de un buen sistema de registro de datos, de una identificación sólida del animal, y de algunos sistemas de prueba de progenie. Estos elementos básicos pueden hacer que las evaluaciones genómicas se vuelvan más ampliamente aceptadas. Las “pruebas genómicas” requieren una ecuación de predicción matemática y una prueba de sangre que determina la secuencia de SNPs. Los productores probablemente no necesitan estar muy preocupados en como las secuencias de SNPs están determinadas. Pero alguien necesita entender la prueba de los SNPs, de donde vienen las ecuaciones de predicción matemática, y que se requiere para mantener y ejetutar el proceso completo de predicción genómica. Es de vital importancia que los propios productores lecheros proporcionen los registros o fenotipos utilizados para desarrollar las predicciones.



Los códigos 0, 1 o 2

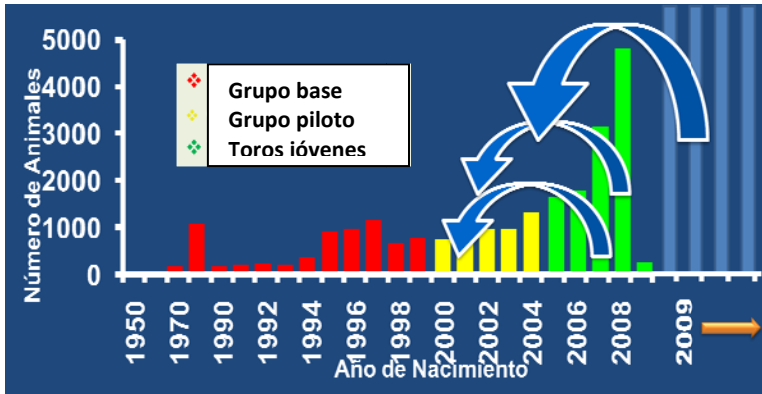
Cuando un animal lechero es genotipificado con uno de los chips de SNPs (el chip de 50K que es utilizado actualmente y que pronto estará acompañado por otras alternativas), el resultado es una serie de números diciendonos el número de copias de una base de ácido nucleico en particular, en cada una de las locaciones del gen detectado por el chip. El número registrado por la prueba es 0, 1 o 2, ya que el ADN del animal está en pares. Mientras los números no nos



dicen directamente el mérito genético, las ecuaciones de predicción cambiarán las secuencias de SNPs a pruebas. Y el animal no necesita: ser maduro, haber expresado algún registro, haber tenido progenie, o ni siquiera haber nacido aún, para que la predicción se haga.

Por lo tanto, parece ser, que todo lo que necesitamos son buenas pruebas de SNPs y con ello estaremos en el negocio del

mejoramiento genético. Y sin una fuente continua de fenotipos estaríamos fuera del negocio del mejoramiento genético, muy rápido. Las ecuaciones de predicción, una para cada rasgo, vienen de registros



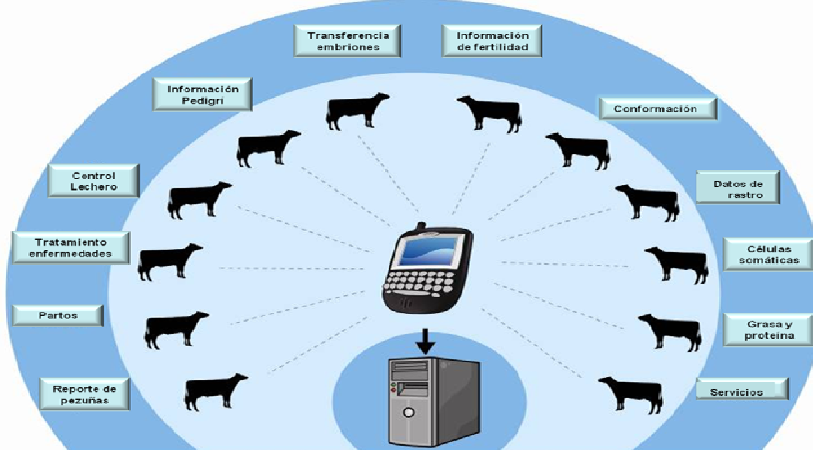
de producción históricos y del desempeño de la progenie en animales de generaciones recientes en cada raza. Éste grupo de animales es llamado la población "base" y yo he escrito de su importancia antes. La raza Holstein en Estados Unidos tiene una población "base" mayor comparada a la de los Jersey Pardo Suizo, y la exactitud de las predicciones genómicas es más

alta para Holstein que para las otras dos razas. Nosotros no tenemos predicciones genómicas para otras razas lecheras, ya que éstas razas no tienen poblaciones base adecuadas para lograr predicciones exactas.

Recientes estudios muestran que las ecuaciones de predicción de los SNPs no trabajaran muy bien por mucho tiempo. Sí la base no es constantemente renovada con nuevos fenotipos y nuevas secuencias de SNPs de animales jóvenes. Por lo tanto, continuaremos necesitando datos de progenie, control de producción, y buena identificación de los animales.



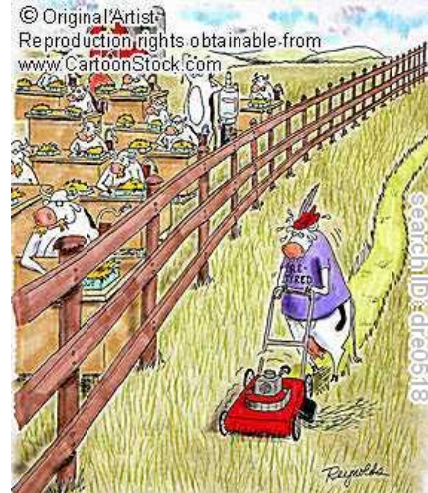
En el 2013, la tecnología de secuencia de los SNPs para los toros lecheros estaran disponibles para todo el mundo. No existe hoy en día, un lugar para impedir a cualquiera o a algún negocio en correr pruebas genómicas en suficientes toros lecheros para encontrar algunos buenos, y después utilizar la predicción genómica para comercializar estos animales sin ninguna intención de montinorear el desempeño de la progenie. Este concepto no contempla la adición de datos a la población base y al final podría disminuir la exactitud de las ecuaciones de predicción de los SNPs. Al menos, esto permitiría a algunos usuarios obtener ganancias del sistema de evaluación genética sin ningún esfuerzo para apoyarla. **Los programas de pruebas de progenie son el gasto más alto para los Centros de Inseminación.** Los programas de de colección de datos tales como la DHI y los programas de clasificación de las Asociaciones de Razas no son gratis. El coleccionar los datos de Tipo es caro y presenta un problema único. Los datos de clasificación individual de las vacas son menos útiles para el manejo del hato que las pruebas mensuales de producción



de leche, reproducción, células somáticas y lo demás. Pero los datos de tipo sirven a la industria entera a través de las pruebas de los toros que ayudarán a mantener la funcionalidad de las vacas lecheras. Descuidar la información de tipo es un peligro, sin embargo los gastos por recolectar los datos sigue siendo un desafío creciente.

Un consorcio de Inseminación Artificial, asociaciones de razas, DHI y los centros de procesamiento de registros, bajo la supervisión del Consejo de Razas de Ganado lechero, están trabajando en el reto por mantener poblaciones “base” útiles. El desafío para ser superado por el grupo, involucra la colección de datos: conservándolos, mejorándolos y analizándolos. Esto debe ser logrado para el bien de los productores de leche de cualquier parte del mundo.

Todas las partes que se beneficien de las predicciones genómicas deberían compartir los gastos de una manera razonablemente equitativa. Éstos costos influyen en la conservación y mejoramiento de las ecuaciones de predicción genómica. Aquellos que corren las pruebas de los SNPs tienen mecanismos obvios para recuperar sus inversiones: Precio para la prueba. En este momento, las ecuaciones de predicción se pueden hacer libremente. **El laboratorio de Programas de Mejoramiento Animal de los Estados Unidos (por sus siglas en inglés, AIP), una agencia federal cuyas publicaciones tradicionalmente han sido de dominio público, desarrolla y aplica las ecuaciones.** Aquellas predicciones agregan un valor considerable a las pruebas de SNPs, y algunos de los valores deberían ser utilizados para mantener las ecuaciones.

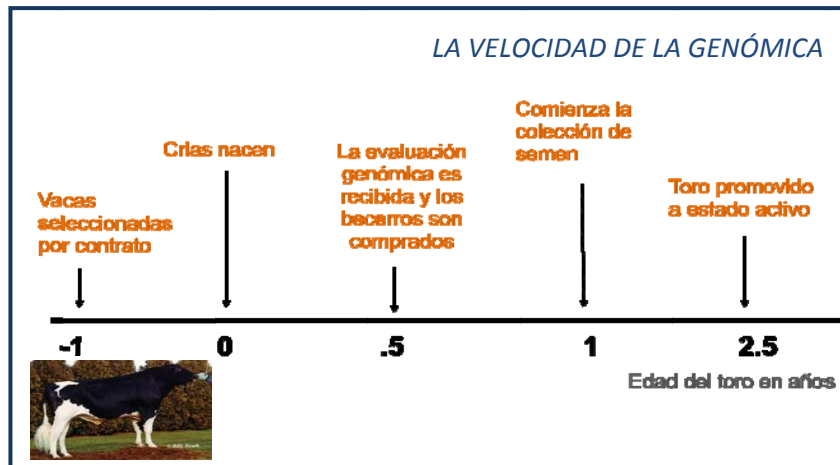


Recientemente retirada, “Janet Moo-ray” no sólo descubrió que el pasto es más verde del otro lado... sí no que requiere de podarlo.

No es una tarea fácil

¡3 años delante de la siguiente generación!

Esto es un trabajo en progreso, la cooperación es requerida y con toda la buena voluntad de los participantes.



Parece probablemente que una nueva organización coordinará el flujo de datos para las evaluaciones genéticas y controlará el acceso a las mismas. Los grupos que proporcionan datos para evaluaciones genéticas compensarían, en parte o en el todo, los gastos de acceso a las evaluaciones genéticas. **Muchos productores de leche se beneficiarán con la mayor exactitud con las evaluaciones genómicas**, pero los beneficiarios directos son los nominados que han desarrollado las pruebas de SNPs. En la era pregenómica, aquellos que se beneficiaron de las evaluaciones genéticas tuvieron que invertir en la colecta y reporte de fenotipos, antes de que las evaluaciones genéticas fueran publicadas. **En la nueva era genómica, tenemos que cambiar la estructura para mantener la colección de los datos de fenotipo**, seleccionando la gallina que puso el huevo de oro en primer lugar.

❖ **Dr. Benett Casell. 2010 Hoard’s Dayrman. August 25 2010**