

Análisis estadístico de los resultados del uso del genotipado



Uno de los retos de la genómica –aparte del trabajo de investigación, la recogida de datos histórica, así como de nuevos caracteres y el ajuste de los índices para hacer frente a las necesidades de un mercado en constante cambio– es la plasmación de los resultados de un programa de mejora genética mediante el genotipado con CONAFE, la toma de decisiones y los acoplamientos.

Cuando un ganadero se planteaba empezar a genotipar sus vacas, se echaba en falta la posibilidad de mostrarle visualmente los resultados de aquellos que ya llevaban un tiempo con la práctica. Cuatro años tras el comienzo del proyecto genómico, que se inició gracias a SEMEGA de la Diputación de Gerona y la asociación AFRIGI a través del lanzamiento de una subvención para genotipar la cabaña poblacional de novillas frisonas de la provincia, nos dispusimos a analizar resultados. Con las primeras vacas genotipadas, que tienen ya al menos una lactación finalizada, se dispone de la información inicial para evaluar la práctica del genotipado a nivel de campo.

Se propusieron cuatro objetivos. Para desarrollarlos, los animales objeto de estudio fueron vacas y novillas frisonas inscritas en el Libro Genealógico de la raza y sujetas al control lechero dentro del programa de cría de CONAFE. Se usaron datos genotípicos y fenotípicos de ganaderías de la asociación AFRIGI, a excepción de los recogidos para el objetivo uno. Una decisión que se tomó ante la necesidad de separar los animales por explotación para minimizar, así, el efecto ambiental en la evaluación del fenotipo, ya que el tamaño muestral inicial se vio notablemente reducido y, en consecuencia, se

procedió a añadir granjas con mayores censos, externas a la asociación, que también genotipan. El análisis estadístico se realizó mediante el programa informático SPSS.

Objetivo 1

Determinar la relación entre genotipo y fenotipo comparando el valor genómico directo (VGD) de las hembras con sus datos de rendimiento productivo obtenidos durante la primera lactación.

Para determinar la relación entre el genotipo y el fenotipo se incluyeron en el estudio diez granjas, escogidas al azar, que genotipan y con un censo mínimo de 150 vacas genotipadas. Se analizaron los datos de todas sus hembras genotipadas con, al menos, una lactación finalizada.

Se usaron los datos genómicos y los fenotípicos de Kilos de Leche, Kilos de Grasa y Kilos de Proteína, los cuales fueron obtenidos de la prueba genómica y del control lechero.

Es sabido que el ambiente tiene una influencia de más del 70 % de la expresión del 94 % de los caracteres fenotípicos (Sala-Castells, 2008). Es por esta razón que, para minimizar el efecto ambiental, los datos se trataron por separado en función de la granja a la cual pertenecía cada vaca y se usaron datos sólo de primeras lactaciones normalizadas a 305 días. Para procesar los datos se agruparon las vacas en tres grupos, correspondientes a las mejores, medias y peores vacas de cada explotación. Con el objetivo de ordenar las vacas de cada granja en tres niveles de igual tamaño, se usaron los lindares equivalentes a los percentiles 33,33 y 66,66 tanto para los caracteres genómicos como para los fenotípicos.

Una vez hechos los tres grupos se definieron las variables: la independiente correspondía al geno-

Clàudia Romero, veterinaria-coordinadora de SEMEGA
y **Júlia Palos**, veterinaria clínica

tipo, mientras que la dependiente al fenotipo. La hipótesis nula (H0) se aceptaba en caso de que no hubiera relación entre las dos variables. Es decir, si no existían semejanzas entre el genotipo y el fenotipo. La hipótesis alternativa (H1) indicaba algún grado de relación entre genotipo y fenotipo. Se aplicó un test Chi-cuadrado de independencia. Se aceptaba la hipótesis nula si el resultado del test, que se expresa como *p*, obtenía un valor superior a 0,05.

Los resultados mostraron que para los caracteres de producción la relación genotipo-fenotipo es significativa. Por lo tanto, **las mejores vacas genómicas lo son también fenotípicamente**.

Para el carácter Kg Leche, el 55 % de las mejores vacas genómicas son al mismo tiempo las mejores a nivel fenotípico y sólo el 15 % de aquellas mejores genotípicamente, son las peores fenotípicas. Esto significa que, seleccionando a las mejores novillas para Kg Leche por su genotipo, el 85 % de ellas presentarán un rendimiento productivo próximo al esperado y tan sólo en un 15 % de los casos el rendimiento será notablemente inferior. Por otro lado, los resultados para los caracteres de Kg Grasa y Kg Proteína fueron muy similares (gráfico 1).

Objetivo 2

Conocer la capacidad de las madres de transmitir sus valores genéticos a las hijas evaluando a nivel de campo la heredabilidad de los caracteres.

Para comprobar si genéticamente las mejores madres dan lugar a las mejores hijas, se cogieron todas las hembras genotipadas nacidas en el 2017 y se compararon sus VGD con los de sus primeras crías. Se tuvieron en cuenta los siguientes caracteres: Kilos de Leche, Kilos de Grasa y Kilos de Proteína, Recuento de Células Somáticas y Días Abiertos. En este objetivo, como sólo se usaron valores genómicos, no influenciados por el ambiente, no fue necesario separar por granjas. Para obtener resultados más fiables se restó al VGD de las hijas la mitad del de sus padres. Se obtuvo, así, un valor corregido dado únicamente por la madre. De esta forma se evitó la influencia de las preferencias subjetivas de cada ganadero al escoger unos sementales u otros para la inseminación de su rebaño. Igual que en el objetivo uno, los animales se distribuyeron en tres grupos de igual tamaño en función de percentiles.

$$VGD \text{ Hijas corregido} = VGD \text{ Hijas} - \frac{VGD \text{ Padres}}{2}$$

Una vez hechos los tres grupos se definieron las variables: la independiente correspondía al genotipo de las madres, mientras que la dependiente era el genotipo de las hijas. La hipótesis nula (H0) se aceptaba en caso de que no hubiera relación entre las dos variables. Es decir, que la clasificación de la madre, según su grupo, no correspondiera con el grupo de la hija. La hipótesis alternativa (H1) indicaba que existía relación entre la clasificación de la madre y su cría. Como en el objetivo anterior, se aplicó un test Chi-cuadrado de independencia.

En los resultados se observó que la relación del VGD de madres e hijas es significativa para todos los caracteres. En consecuencia, se puede afirmar que **las mejores madres tienen las mejores hijas, mientras que las peores madres dan lugar a las peores crías**. Por ejemplo, para el carácter de Días Abiertos se obtuvo que el 60% de las mejores madres crían a las mejores hijas y que sólo hay un 8% de probabilidades de que las primeras den lugar a las peores hijas. Los

Gráfico 1. Relación genotipo-fenotipo para los caracteres de Kg Leche, Kg Grasa y Kg Proteína

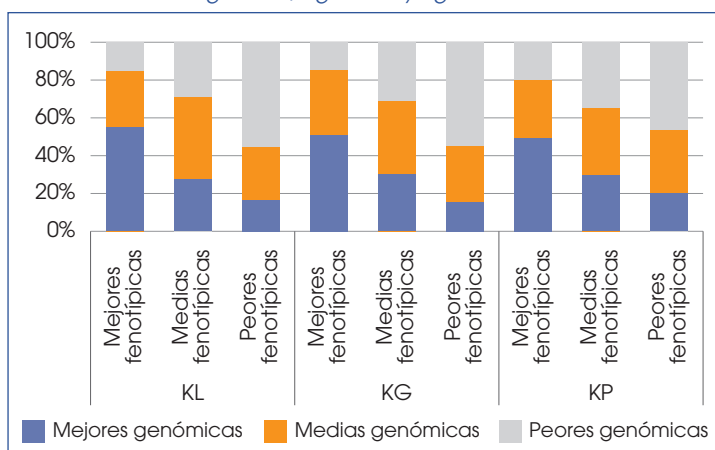


Gráfico 2. Relación del VGD de las madres con el VGD de sus hijas para los caracteres de Recuento de Células Somáticas y Días Abiertos

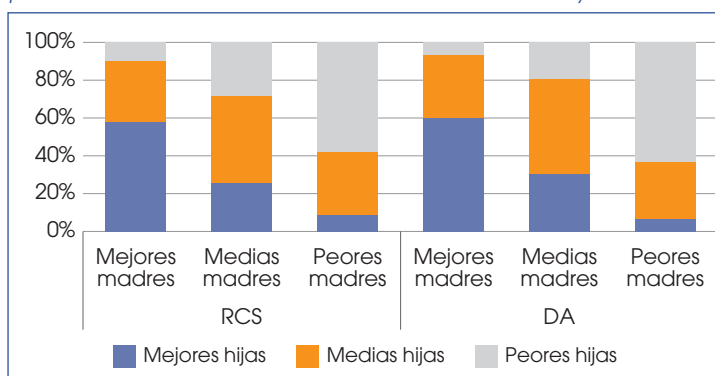
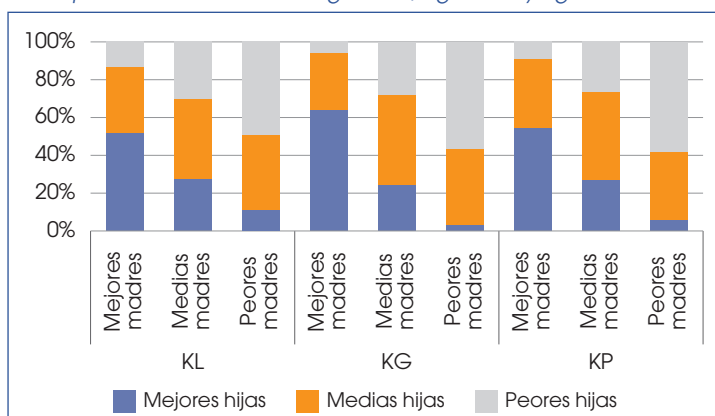


Gráfico 3. Relación del VGD de las madres con el VGD de sus hijas para los caracteres de Kg Leche, Kg Grasa y Kg Proteína



resultados para el carácter de Recuento de Células Somáticas fueron muy similares (gráfico 2), así como para los caracteres de producción (gráfico 3).

Objetivo 3

Analizar el progreso genético del vacuno frisón de los últimos años en la provincia de Gerona.

Para ver la evolución de la genética durante los últimos años se usaron datos de todas las vacas de las granjas estudiadas que han estado en control lechero desde el 2010 hasta el 2020. Para dichos datos, y con la finalidad de observar la mejora alcanzada a lo largo del tiempo con la selección vía madre, se realizó una operación similar a la del anterior objetivo: se restó al valor genético de los individuos la mitad del de sus padres.

Gráfico 4. Evolución de los caracteres de Kg Leche, Kg Grasa y Kg proteína

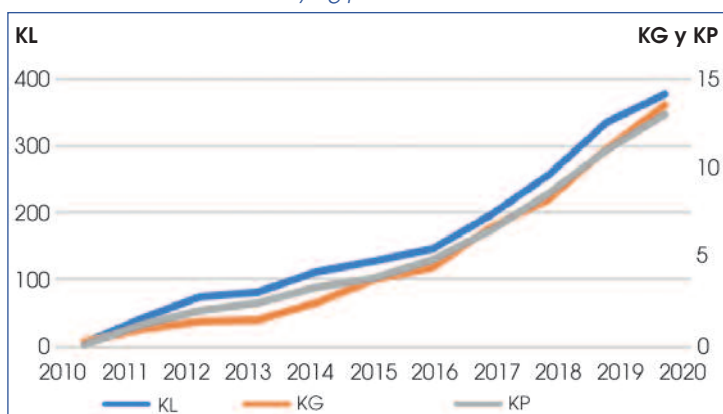


Gráfico 5. Mejora anual vía madre del ICO para las granjas que genotipan



Gráfico 6. Evolución global del ICO y comparación entre granjas que genotipan y granjas que no

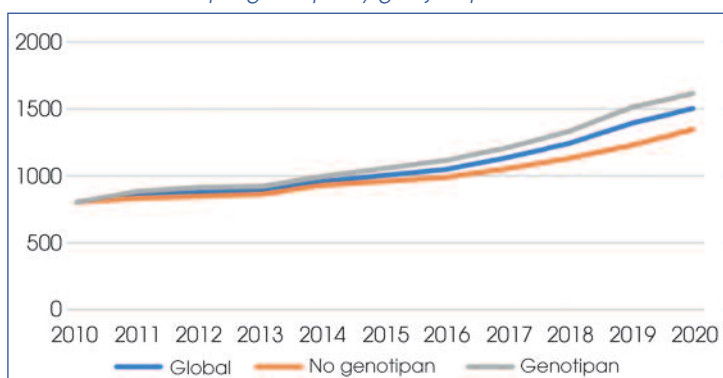
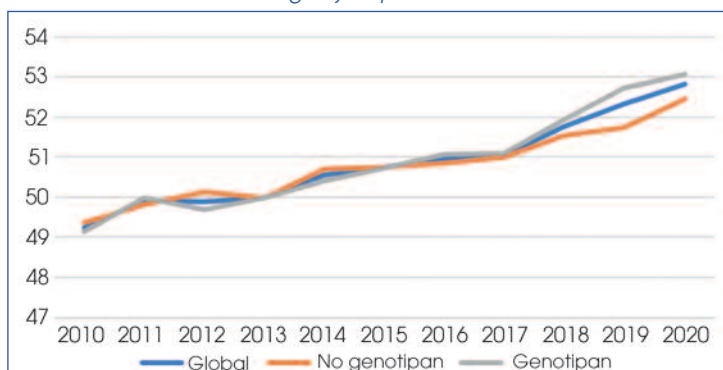


Gráfico 7. Evolución global del carácter de Recuento de Células Somáticas y comparación entre granjas que genotipan y granjas que no



Para comprobar si la mejora era significativa se utilizó un test de modelo lineal general de medidas repetidas.

En el gráfico 4 se puede apreciar cómo la mejora de los caracteres de producción ha sido significativa en prácticamente todos los años durante la última década. Notando un incremento ligeramente más pronunciado de los Kilos de Grasa en los dos últimos años.

Así mismo, el ICO ha tenido una mejora significativa a lo largo de todos los años (gráfico 6).

También se ha podido observar cómo se ha hecho una mayor presión de selección para los caracteres de Recuento de Células Somáticas y Días Abiertos a partir del 2017 (gráficos 7 y 8).

Por lo que respecta a la mejora anual vía madre del ICO y únicamente para las granjas que genotipan, se observa una clara diferencia favorable entre el periodo previo al genotipado y el actual. Entre el 2011 y el 2016 (antes del genotipado), el aumento anual vía madre del ICO no superó los 80 puntos de media. Mientras que a partir del 2017 (inicio del genotipado), la diferencia de la media anual del ICO respecto al año anterior superó los 80 puntos todos los años (gráfico 5).

Objetivo 4

Conocer la diferencia del progreso genético entre granjas que genotipan y granjas que no lo hacen en la provincia de Gerona.

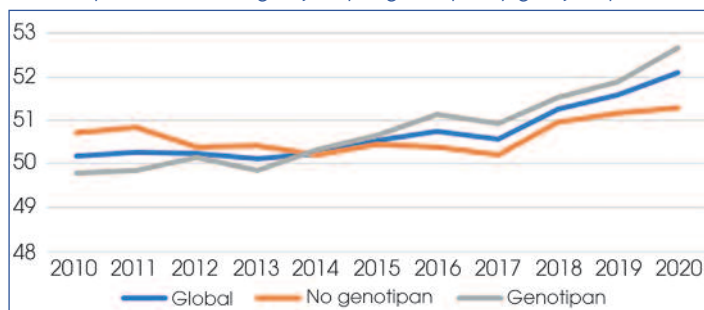
En este caso se procedió de igual forma que en el objetivo anterior, pero diferenciando entre granjas que genotipan y granjas que no lo hacen. Los resultados de la comparación muestran que **ambos tipos presentan mejora**. Sin embargo, **en las granjas que genotipan es más rápida y mayor que en las que no lo hacen** (gráfico 6).

En cuanto al carácter de Recuento de Células Somáticas, podemos observar que hasta el 2017 ambos tipos de explotaciones presentaban niveles muy parecidos. Pero a partir de ese año, con el inicio del genotipado, aquellas que genotipan se posicionaron por encima de las que no lo hacen (gráfico 7).



Algo parecido pasa con el carácter de Días Abiertos: ninguno de los dos tipos presentaba una mejora muy evidente, incluso las granjas que ahora genotipan se posicionaron por debajo de las que no lo hacen hasta el 2014. Fue en 2017 cuando su mejora empezó a ser clara y superior (gráfico 8).

Gráfico 8. Evolución global del carácter de Días Abiertos y comparación entre granjas que genotipan y granjas que no



DISCUSIÓN

Con el presente estudio se ha podido demostrar que la práctica del genotipado es una herramienta eficaz y fiable para optimizar y acelerar la mejora genética de una explotación de vacuno frisón en control lechero.

Seleccionando a las mejores novillas por su genotipo para la recría de una explotación, se asegura con un 85 % de probabilidad que se eligen las hembras de mayor potencial productivo o, por lo menos, de potencial medio. Además, sólo se tiene un 15 % de probabilidad de que estas resulten las de menor productividad de la granja. Por supuesto, no hay que olvidar que el manejo del ambiente es fundamental para que cada hembra exprese su máximo potencial genético. El genotipado usado adecuadamente y bajo unas condiciones ambientales óptimas permite aumentar la producción y calidad de leche de una explotación sin la necesidad de aumentar su censo.

Por otro lado, inseminando a las mejores hembras con semen de macho frisón para obtener la recría, también se tienen entre un 87 % y un 94 % de

probabilidades de que esta será la mejor recría que se pueda obtener en cuanto a caracteres de producción. Y sólo se tienen entre un 6 % y un 13 % de probabilidades de que esta se sitúe en el tercio inferior del potencial genético de la granja. Para los caracteres de Recuento de Células Somáticas y Días Abiertos se dan porcentajes muy parecidos: entre un 90 % y un 93 % de probabilidades de obtener la mejor (o por lo menos media) recría y entre un 7 % y un 10 % de obtener la peor.

Mediante el genotipado cada vez tienen más importancia las madres en el progreso genético, pues la diferencia entre ellas es mayor que la diferencia entre los mejores machos de las diferentes casas comerciales. También hay que tener en cuenta que el genotipado aporta un mayor valor a los datos recogidos en granja mediante la verificación de genealogías. Asimismo, la mayor fiabilidad de los datos gracias al genotipado permite una incorporación rápida de nuevos caracteres, como por ejemplo la Salud Podal.

Además de la selección de los individuos por su potencial genético y en función de los objetivos de selección de cada ganadería, el genotipado permite la identificación de los puntos débiles de los sujetos (como son los caracteres de óptimo intermedio). Conocerlos posibilita corregirlos, *a posteriori*, mediante los acoplamientos para obtener mejora genética en las siguientes generaciones.

Los acoplamientos también permiten evitar cruces indeseados entre individuos portadores de los mismos genes recesivos, hallados con el genotipado, para evitar así problemas de fertilidad o enfermedades congénitas.

Adicionalmente, la información genómica proporciona la capacidad de seleccionar por proteínas lácteas, genes de interés como son el *polled* o el factor rojo e identificar animales genéticamente estériles.

Por todo lo expuesto, la mejora genética de la población de vacuno lechero frisón en el área del estudio queda evidenciada en este análisis. Además, aquellas explotaciones que genotipan tienen la capacidad de obtenerla con mayor rapidez y con resultados mejores y más fiables, optimizando así su viabilidad y rentabilidad.

CONCLUSIONES

- El genotipado es una herramienta eficaz para conseguir una mejora genética acelerada y fiable de la cabaña poblacional de vacuno frisón.
- Las hembras con mejor genética ofrecen un mayor rendimiento productivo.
- La selección vía hembra es favorable y se obtienen buenas hijas de las mejores madres, independientemente del semen utilizado.
- Es posible lograr una mejora genética más lenta vía macho sin genotipar.
- El genotipado permite mejorar la rentabilidad de una explotación de vacuno lechero.
- Se debe combinar la genómica con la selección, programas de acoplamientos y buenas prácticas ganaderas con la finalidad de extraer al genotipado el máximo provecho, para que así, el genotipo se manifieste en el fenotipo con su máximo potencial.