

AVANCES DEL “PROGRAMA de evaluación genética de toros lecheros para características de importancia económica en condiciones tropicales”

José Julián Echeverri Z.

Zootecnista – Universidad Nacional
de Colombia
Maestría en Biotecnología
de la Reproducción
Ex Coordinador Programa
Mejoramiento Genético
Cooperativa COLANTA
Profesor Mejoramiento Genético
Universidad Nacional de Colombia
jjecheve@unal.edu.co
Colombia

Jorge Humberto Quijano B.

Zootecnista, MsC

Albeiro López H.

Universidad Nacional de Colombia

Juan Fernando Tirado U.

Cooperativa COLANTA

El “Programa de evaluación genética de toros lecheros para características de importancia económica en condiciones tropicales”, financiado por el Ministerio de Agricultura, COLANTA y la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, está conformado por dos proyectos. El primero es “Estimación del valor de cría de toros nacionales y extranjeros, con base en el desempeño de su progenie en condiciones tropicales”, el cual tiene como objetivo estimar el valor de cría para diferentes características de importancia económica de los toros de mayor utilización en ganaderías de leche especializada del departamento de Antioquia. El segundo proyecto es “Determinación del genotipo para genes asociados a características de importancia económica en ganadería de leche y asociación con el desempeño de su progenie en condiciones tropicales”.

Luego de 27 meses de ejecución, algunos resultados preliminares, referentes al proyecto de estimación del valor de cría de toros, son los promedios para las características de importancia económica tenidas en cuenta en los hatos inscritos al programa, ubicados en las zonas de producción de leche de Antioquia. En estos hatos, el proceso consta de un control de producción y composición de la leche mensual de cada vaca y del seguimiento de la información en los registros de consecutivos de partos, de entradas y salidas de animales al hato, de servicios, de secados y de eventos sanitarios. Estos datos fueron ingresados al *software* de control lechero, diseñado especialmente para este proyecto. Los datos obtenidos fueron:

- Producción real de leche: 4914 ± 1698 L
- Duración de lactancia: 343 ± 100 días
- Producción vaca día: 14,32 L
- Porcentaje de proteína: $3,01 \pm 0,4$
- Porcentaje de grasa: $3,80 \pm 0,75$
- Lactosa: $4,37 \pm 0,39$
- Recuento de células somáticas: $827.290 \pm 1.673.850$
- Nitrógeno ureico en leche (MUN): $15,25 \pm 4,1$

Para las características reproductivas se obtuvieron los siguientes parámetros:

- Intervalo entre partos: 419 ± 86
- Días a primer servicio: 107 ± 50
- Días abiertos: 134 ± 60
- Servicios por concepción: $1,51 \pm 0,68$

El modelo estadístico para corregir la producción de leche incluyó un total de 2.412 lactancias, los efectos de número de partos, región, hato, municipio y la covariable duración de la lactancia. Todos los efectos evaluados fueron altamente significativos ($P < 0,01$) y el modelo explicó el 52% de la variación en la producción de leche. Además, se estimó una heredabilidad para la producción de leche de 22% y una repetibilidad del 36%.

También se agruparon los hatos según la región de Antioquia en la cual están ubicados y se calcularon las producciones de cada una. Los resultados obtenidos fueron:

- Norte: 4.940 L
- Suroeste: 4.762 L
- Oriente: 3.847 L

La base de datos para el análisis de las 2.412 lactancias contó con información de 128 hatos.

También se han estimado valores de cría para producción de

leche de 2.992 animales. De estos, 2.422 corresponden a vacas y 570 a toros (472 de la raza Holstein, 61 nacionales, 34 Jersey y 3 Ayrshire), usando un modelo con efectos fijos (número de parto, región, hato, municipio y la covariable duración de la lactancia) y el ambiente permanente.

Tabla 1. Valores de cría de los cinco mejores toros de la raza Holstein en prueba.

Nombre	Código	Valor de cría	Repetibilidad
Hosking Rudolph Levi ET	029HO09545	+1.366 L	54%
Weaverline Bench Eddie	001HO09545	+973 L	32%
Fustead Vital Sign ET	029HO08246	+820 L	53%
Arlinda Melwood ET	029HO05730	+759 L	50%
Wittail Valley Iceberg	001HO04943	+672 L	22%

Tabla 2. Valores de cría de los cinco mejores toros de la raza Jersey en prueba.

Nombre	Código	Valor de cría	Repetibilidad
M.V.F Bold Venture Daniel	001JE01325	+611 L	31%
Valley Stream Pitind Jeff	200JE00123	+262 L	23%
Rock Ella Paramont	007JE00442	+204 L	42%
O.F. Barber Rockete	009JE00202	+194 L	37%
Dutch Hollow Perseus	001JE02014	+186 L	57%

Tabla 3. Valores de cría de los cinco mejores toros nacionales en prueba.

Nombre	Código	Valor de cría	Repetibilidad
Agronomía Cleitus Brigadier	NAL11680HO	+953 L	61%
Máximo	NALACHF12649	+816 L	61%
Agronomía Melvin Barrabás	NAL11523HO	+708 L	53%
Dumas	NAL04848HO	+641 L	41%
Campeón	NAL029HO	+635 L	31%

Cabe anotar que todos los parámetros se deben interpretar a la luz del número de observaciones (N), ya que este valor está asociado con la confiabilidad que tenemos en la estimación de este parámetro. Además, dichos análisis son parciales, pues actualmente se continúa recolectando información hasta diciembre de 2011 y esto hace que las descripciones de la población y los parámetros genéticos puede variar.

El proyecto "Determinación del genotipo para genes asociados a características de importancia en ganadería de leche y asociación con el desempeño de su progenie en condiciones tropicales" tiene como objetivo general conocer el estatus de los genes de prolactina, hormona del crecimiento, Kappa-caseína y BoLA DRB3.2, en la población de toros nacionales y extranjeros que se utilizan en inseminación artificial en condiciones de trópico alto de la lechería antioqueña y en sus

hijas. Esto reflejaría el estatus genético de las hembras utilizadas en lechería en el trópico. Se pretende que, al finalizar el proyecto, estén genotipificados 100 toros Holstein y Jersey y 2.500 vacas hijas de estos toros, para luego evaluar la asociación existente entre los genotipos de las vacas, con su desempeño fenotípico en producción de leche, grasa, proteína y sanidad (susceptibilidad a mastitis subclínica a través de conteo de células somáticas) en condiciones de lechería de trópico alto. Los resultados preliminares fueron los siguientes.

Hormona del crecimiento bovino (bGH)

Esta hormona desempeña una importante función en la lactancia y los procesos de crecimiento. La bGH es liberada en la circulación y tiene un efecto directo sobre el hígado en donde estimula la producción del factor de crecimiento insulinoide (IGF-1), que actúa sobre el tejido glandular mamario durante la lactancia. Además, se ha establecido que los niveles circulantes de bGH en vacas lactantes son mayores en las que tienen una alta producción de leche. También está involucrada en la composición láctea, asociada al porcentaje de grasa y proteína. La bGH +/+ es favorable para la producción de

leche, el contenido de grasa y proteína.

En el proyecto se han genotipificado 1.386 vacas para el gen de hormona del crecimiento, de las cuales 1.059 son homocigóticas para el genotipo +/+ (FG¹ de 0,76), 20 para -/- (FG 0,02) y 1.059 heterocigóticas +/- (FG 0,22). Las frecuencias alélicas (FA) para el alelo + son de 0,87 y para el alelo B de 0,13; por ende, tanto el alelo + como el genotipo +/+, que son los favorables para cantidad de leche producida y contenido de grasa y proteína en leche, son de alta frecuencia en nuestra población lechera.

Prolactina bovina (PRL)

Esta hormona tiene variadas funciones biológicas. Se produce en una gran variedad de tejidos como células mamototropas, placenta, endometrio y tejido cerebral. En bovinos, la prolactina forma parte del complejo de hormonas que intervienen en el desarrollo mamario (mamogénesis). Es considerada como el factor primario requerido para el crecimiento y la diferenciación celular de este tejido, por lo que es importante en la cantidad de leche producida por las vacas. El genotipo más favorable para la producción de proteína en leche y la cantidad

de leche producida es el homocigótico AA.

En el proyecto se han genotipificado 678 vacas para el gen prolactina, de las cuales 471 son homocigóticas para AA (FG de 0,69), 19 para BB (FG 0,03) y 188 heterocigóticas AB (FG 0,28). Las frecuencias alélicas para el alelo A son de 0,83 y para el alelo B de 0,17; esto significa que tanto el alelo A como el genotipo AA, que son los favorables para cantidad de leche producida y proteína en leche, son de alta frecuencia en nuestra población lechera.

Cappa-caseína (K-Cn)

Las variantes alélicas de la cappa-caseína (K-Cn) pueden afectar la cantidad de proteínas totales de la leche, por ejemplo la leche producida por animales de genotipo BB contiene mayores porcentajes de proteínas en leche. Además este genotipo se ha correlacionado con un mayor rendimiento en litros de leche, ya que se calcula que esta variante puede ofrecer un promedio de 2.000 kg más de leche durante toda la vida productiva del animal. Así mismo, la leche producida por animales con genotipo BB posee propiedades superiores para la manufacturación de queso, por lo que es bastante importante para la industria quesera conocer estos genotipos en la población que provee la leche para producción de

1 Frecuencia genotípica.



quesos. La leche de las vacas que presentan el alelo B de la K-Cn produce micelas de menor tamaño, en las cuales se retienen más sólidos al momento de la coagulación para la producción de quesos, dando lugar a coágulos; contienen más grasa y menos agua y por lo tanto son más firmes, por lo cual presentan un rendimiento quesero superior. El alelo A es el más frecuente en las razas Holstein, Ayrshire, Danés Rojo y Cebú Índico. La variante B, en cambio, es más frecuente en las razas Jersey, Normando y Cebú Africano. Lo anterior plantea una debilidad en la ganadería colombiana, debido a que la base de la producción lechera es 70% la Holstein, 20% Holstein x Cebú, 8 % Jersey y 2% con razas criollas. El reto es aumentar la proporción de alelo B en nuestras vacas.

En el proyecto se han genotipificado 1.426 vacas para el gen K-Cn, de las cuales 644 son homocigóticas para AA (FG 0,45), 194 para BB (FG 0,14) y 588 heterocigóticas AB (FG 0,41). Las frecuencias alélicas para el alelo A son de 0,66 y para el alelo B de 0,34, es decir, tanto el alelo A como el genotipo AA, que son los desfavorables para rendimiento quesero de la leche producida, son de alta frecuencia en nuestra población lechera.

Antígeno leucocitario bovino (BoLA)

El complejo mayor de histocompatibilidad es un conglomerado de genes que regulan el procesamiento y reconocimiento de antígenos extraños. Es el principal componente genético de resistencia o susceptibilidad a enfermedades infecciosas. En bovinos, este complejo es conocido como antígeno leucocitario bovino (BoLA) y ha sido asociado con problemas de salud de la ubre y otras enfermedades. Actualmente la selección asistida por marcadores moleculares en bovinos se está dirigiendo a la calidad sanitaria de la leche ligada a los alelos del gen BoLA-DRB3.2, que están asociados potencialmente con muchas características relacionadas con la inmunidad y se le han determinado vinculaciones con resistencia/susceptibilidad a varias enfermedades infecciosas en ganado vacuno. En estudios en varias razas bovinas, incluida la Holstein, se ha encontrado relación de los alelos DRB3.2 con resistencia a mastitis.

En el proyecto se está comenzando la genotipificación de vacas para el gen BoLA DRB3.2, se han genotipificado 227 vacas y se han encontrado 26 alelos de los 103 reportados en la literatura, lo que indica

la baja variabilidad en este gen en nuestra población lechera. Los alelos encontrados han sido el 02, 03, 06, 08, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 32, 35, 35, 37, 44, *ibb*, *dbb*, con frecuencias alélicas que van desde 0,002 hasta 0,166 (Figura 1). El alelo *dbb* es de baja frecuencia en los animales evaluados y no ha sido reportado nunca en la literatura científica. Los alelos que han sido asociados con susceptibilidad a mastitis: 08, 18, 22 y 23, tienen frecuencias alélicas de 14,8%, 0%, 10,45 y 9,3% respectivamente en la población genotipificada hasta el momento. Así mismo, los alelos 16 y 33, asociados con resistencia a mastitis, se han encontrado con frecuencias de 16,6% (mayor frecuencia en el estudio) y 0% respectivamente en las vacas muestreadas. Finalmente los alelos 08, 10, 16 y 22, asociados con alta producción de leche y alto porcentaje de grasa en leche, se han encontrado en las vacas del proyecto con frecuencias alélicas de 14,8%, 2%, 16,6% y 10,4%. Es de resaltar que los alelos 08 y 22 están asociados a una característica negativa: susceptibilidad a mastitis pero con alta producción de leche, y el alelo 16 está asociada a dos características positivas: resistencia a mastitis y alta producción de leche y contenido de grasa en la misma.

Frecuencias alélicas del gen BoLA DRB3.2

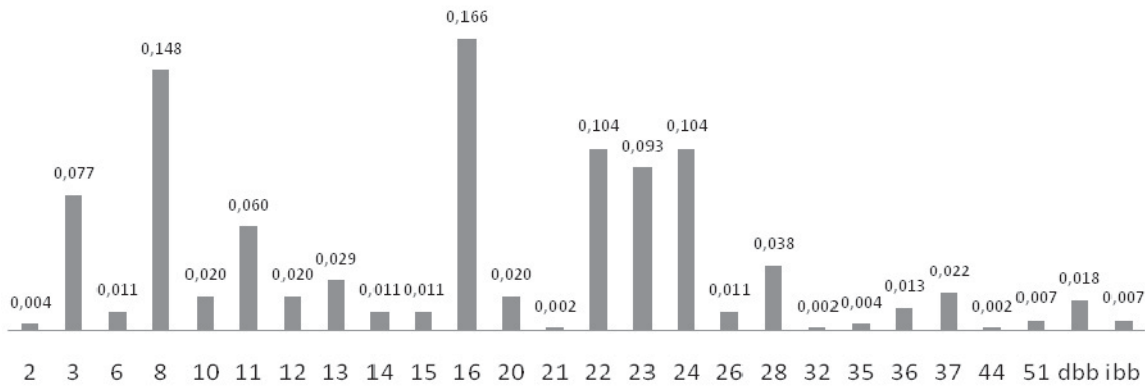


Figura 1. Frecuencias alélicas del gen BoLA DRB3.2 en la población de hembras genotificadas en el proyecto. En el eje X se expresa el número del alelo, sobre cada barra se expresa la frecuencia del alelo en la población.

Conclusión

El proyecto de evaluación genética ha logrado avances importantes para la ganadería lechera de Antioquia. La puesta en marcha de un sistema de identificación único y un programa de control de producción confiable son el comienzo de un camino largo que debe conducir a que los programas de mejoramiento genético hagan parte de las estrategias de trabajo para el perfeccionamiento de la ganadería en el

Departamento y en Colombia. Los propietarios de los 215 hatos participantes en el programa han recibido como beneficio principal la disponibilidad de información que les permite manejar, de manera más eficiente, sus unidades productivas. Estos beneficios serán más palpables en el futuro cuando se consolide la información, de manera que la confiabilidad y aplicabilidad de la misma permitirá realizar investigaciones más profundas

que nos acerquen al desarrollo de la ganadería lechera del Departamento.

Las expectativas a futuro son fortalecer el trabajo de campo, consolidar el programa de identificación y control de producción lechera, mejorar las confiabilidades de las estimaciones de valores genéticos a través del incremento en la información de pedigrí y la producción e implementación, de manera funcional, del mejoramiento genético asistido por marcadores moleculares.

