

## El progreso requiere cambio

Se realizó un gran avance en la mejora del ganado lechero con las evaluaciones genómicas de diciembre de 2018, que utilizan el SNP 80k más robusto y el nuevo y mejorado ensamblaje del genoma. Con el progreso, el cambio puede esperarse, y los rasgos de producción y el mérito neto de algunos toros pueden verse notablemente afectados en las evaluaciones del mes de diciembre.

En una comparación reciente de resultados basados en SNP de 60k o 80k, no hubo una tendencia notable en la población general o entre todos los toros genómicos jóvenes de cualquier raza. Se pudo observar alguna variación solo en los toros jóvenes genómicos. Sin embargo, al comparar los resultados individuales de agosto a diciembre, se observó una tendencia reducida en los rasgos de producción para todos los toros genómicos jóvenes en las razas Holstein, Jersey y Pardo Suizo.

### ¿Cuál es el nuevo ensamblaje del Genoma?

En los últimos años, los investigadores de USDA AGIL ayudaron a desarrollar un genoma de referencia de ADN de ganado muy mejorado, o "Mapa". El nuevo mapa mostró una mejor imputación de genotipos y otros beneficios. Además, la relativa disponibilidad reciente de un gran conjunto de información nueva (chip HD SNP y animales completamente secuenciados) brindó beneficios.

Por ejemplo, la identificación de una gran cantidad de SNP permitió mejores estimaciones para los productores para una serie de Servicios CDCB, en comparación con el conjunto de SNP de 60k utilizado anteriormente en las evaluaciones genómicas. El conjunto de SNP iniciado en Las evaluaciones de diciembre de 2018 incluyeron 79,294 SNPs para mejorar la estimación de rasgos (mayor confiabilidad genómica) y Determinación de haplotipos (más pruebas genéticas incluidas en los haplotipos).

### ¿Cuáles efectos se pueden esperar?

USDA AGIL y CDCB analizaron los efectos de los conjuntos de SNP de 60k y 80k a través de una comparación lado a lado usando datos de noviembre de 2018. Comparando los conjuntos de SNP de 60k y 80k - con todos los demás factores constantes - una tendencia no notable se observó en la población general o en todos los toros genómicos jóvenes de cualquier raza. Sin embargo, una tendencia descendente se pudo ver en los mejores toros jóvenes genómicos de Holstein, Jersey y Pardo Suizo.

Al comparar las evaluaciones de agosto a diciembre, la tendencia a la baja se pudo observar en todos los toros genómicos jóvenes para las razas antes mencionadas.

No hay una sola razón responsable del cambio observado entre corridas trianuales. Es el resultado de una Combinación de factores.

El nuevo conjunto SNP sin duda afecta las evaluaciones, pero su impacto en la población de toros es limitado, como se explicó anteriormente. La variación negativa potencial para toros jóvenes genómicos individuales ocurre a través de una combinación de factores, tales como nuevos

fenotipos, alta consanguinidad, evaluaciones solo genómicas (sin hijas) y promedios reducidos de los padres (ya que la mayoría de los padres de los mejores toros también son toros genómicos). El impacto de la endogamia no es despreciable. A medida que la población se relaciona más con los toros principales, se espera que disminuyan los PTA de los toros principales.

Las evaluaciones de la CDCB penalizan el aumento de la endogamia para promover los animales outcross. Las subestimaciones conocidas de las evaluaciones tradicionales (que se mencionan más adelante en este informe), sumadas a una mayor variabilidad esperada en las evaluaciones tradicionales de los mejores animales jóvenes, son otros factores que contribuyen a la variabilidad. Las estimaciones de confiabilidad cambiaron solo ligeramente, lo que podría ser sorprendente considerando que la expectativa fue un aumento de 1,5% en promedio a través de los rasgos. Sin embargo, como se ha observado por los investigadores de AGIL, la confiabilidad observada versus la publicada genómica fue sobreestimada en un 2% para las Holstein y en un 3% para las Jerseys. La Fiabilidad Holstein ahora debería ser correcta, mientras que un ajuste al alza de la confiabilidad de Jersey todavía es necesaria y será investigada.

### **¿Cómo describimos la variación junto con el progreso?**

Recordamos los "viejos" días - antes de las evaluaciones genómicas - cuando las evaluaciones de los toros se basaban en los promedios de padres y desempeño de la hija cuando estaban disponibles. Los toros populares a menudo obtienen evaluaciones altamente confiables basado en cientos o miles de hijas. Ciertamente, el tiempo fue un factor importante, tomando de cuatro a cinco años para un toro en recibir una evaluación basada en la progenie y generalmente dos o tres años más para alcanzar una alta fiabilidad. Hoy con las evaluaciones genómicas y el genotipado, los becerros recién nacidos (o incluso los embriones por nacer) pueden obtener una evaluación genómica eso es ~ 70/75% confiable dependiendo del rasgo.

La genómica ha impulsado el progreso genético, y el progreso requiere cambios. El uso de la genómica cambió los procesos de selección hacia animales basados únicamente en información genómica. Al combinar la información tradicional y genómica, esta preselección no se tiene en cuenta en las evaluaciones tradicionales, lo que resulta en un sesgo parcial y resultados tradicionales (subestimado). Además, el intervalo de generación se ha reducido casi a un mínimo fisiológico (pubertad de los toros). Es común ver toros genómicos (con una confiabilidad más baja que los toros mejor probados) que tienen hijos siendo comercializados antes de tener una sola hija en producción. Mientras que ~ 70/75% de fiabilidad al nacer es un avance gigante, hay que recordar que vienen con menor fiabilidad y la variación se puede esperar de corrida a corrida.

### **¿Qué pasa con la determinación de haplotipos?**

Otras características importantes del conjunto de SNP de 80k y el nuevo mapa son una mejor definición de los haplotipos (mejor posicionamiento de SNP), inclusión de un gran número de pruebas genéticas y más SNP circundantes para haplotipos para determinación de fertilidad. Aunque la inclusión directa de las pruebas genéticas es un gran avance en sí mismo, la comparación entre los conjuntos de SNP de 60 y 80k mostraron resultados muy estables. En otras palabras, la exactitud de los resultados publicados por AGIL primero y ahora por CDCB ya era muy alto. Una prueba genética (HH5) no fue incluida intencionalmente en esta etapa, ya que se detectaron muchos animales homocigotos mientras que los resultados del haplotipo no mostraron ninguno. El rendimiento de la prueba genética está bajo investigación en Neogen.

El CDCB recientemente anunció información importante que afecta a las predicciones de haplotipos de descornados en esta corrida, como un problema en la combinación de datos SNP provenientes de cuatro chips SNP recientes y la información de asociación de raza fue Descubierto recientemente. Finalmente, tenga en cuenta que BH1 y JH2 serán suspendidos a partir de diciembre de 2018.