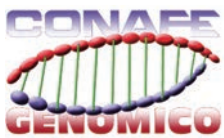


# Aplicación de la genómica en combinación con el programa ConafeMat



## ¿Por qué es importante usar un programa de acoplamiento si genotipo?

Sacar el máximo partido a la inversión que supone el genotipado de las terneras pasa por el uso de un programa de acoplamiento como el CONAFEMAT, al que se puede acceder a través de [www.conafe.com](http://www.conafe.com).

Tras el genotipado, conocemos con la mayor fiabilidad posible tanto el potencial genético de las novillas, como los puntos débiles de cada una, que intentaremos corregir en su descendencia.

Una de cada cuatro novillas que se insemina tendrá en el primer parto la única hija que nos dejará como descendencia. Seguramente este porcentaje aumentará en los próximos años por el uso de toros sexados en novillas. Por tanto, realizar este acoplamiento de forma adecuada es una de las decisiones clave en el progreso genético de la explotación.

### Ejemplo Práctico

A partir de una explotación que está genotipando toda la cría, se ha realizado un análisis del efecto del genotipado en combinación con el uso del CONAFEMAT (Figura 1).



### Criterios de selección de toros para este ejemplo

Para realizar este ejemplo se escogió una cesta de toros amplia, con 41 animales que incluían los toros usados en los últimos meses en la ganadería, los toros con prueba nacional con ICO superior a 3000 y los 10 mejores novillos genómicos. A partir de esta preselección y para que el resultado fuese más realista, se escogieron finalmente los 6 toros que entran en un mayor número de acoplamientos como primera opción.

### Criterios mínimos a cumplir en cada acoplamiento

Un aspecto clave del programa de acoplamiento es la definición de los "Criterios por carácter". En este caso se tomaron como referencia los sugeridos por el propio programa de acoplamiento para esta explotación (Tabla 1). Estos valores se calculan en función del nivel genético actual de la granja y nos marcan el valor mínimo que el resultado de cada acoplamiento debe tener en cada carácter. De esta forma asignamos a cada vaca el toro que permite corregir sus puntos débiles.

ter". En este caso se tomaron como referencia los sugeridos por el propio programa de acoplamiento para esta explotación (Tabla 1). Estos valores se calculan en función del nivel genético actual de la granja y nos marcan el valor mínimo que el resultado de cada acoplamiento debe tener en cada carácter. De esta forma asignamos a cada vaca el toro que permite corregir sus puntos débiles.

**Tabla 1. Valores mínimos exigidos al resultado de los acoplamientos.**

Carácter	Valor
Kilos de leche (kl)	723
Kilos de grasa (kg)	19
Kilos de proteína (kp)	21
Movilidad (mov)	0.42
Inserción Anterior (ia)	0.66
Inserción Posterior (ip)	0.71
Ligamento (lig)	0.80
Profundidad de Ubre (Pu)	0.57
Angulosidad (angul)	0.49
Recuento de células somáticas (RCS)	100
Longevidad (Lon)	105
Días Abiertos (da)	96
Velocidad de Ordeño (VOR)	95
ICO Producción	526
ICO Tipo	301
ICO	2190
Índice de Capacidad (ICAP)	0.09
Miembros y Aplomos (MA)	0.40
Índice de pies y patas (IPP)	0.31
Índice combinado de ubre (ICU)	0.94
Índice general de Tipo (IGT)	0.82

En la Figura 2 se muestra parcialmente la pantalla con los criterios por carácter que se generan automáticamente por el programa en base al nivel genético actual de la ganadería; estos valores son modificables, pero nos permiten tener una primera aproximación. Para calcular los valores empleamos el botón "Sugerir" en la pestaña "Criterios por carácter" del apartado "Criterios". El objetivo es que en los acoplamientos, además de progreso en el índice de selección (Ej. ICO), obtengamos animales más equilibrados y homogéneos, factores clave para mejorar la eficiencia de la explotación.

**Figura 2. Pantalla de diseño de los Criterios mínimos exigidos al resultado de cada acoplamiento**

CONAFEMAT

Análisis de Ganadería Selección de Toros Criterios Selección de Vacas

**Función de Selección**

Criterios por Carácter

Prueba  Nuevo Criterio

Sugerir

		Variable a Comparar	Condición	Valor
Editar	Borrar	ld	>=	793
Editar	Borrar	kg	>=	19
Editar	Borrar	kp	>=	21
Editar	Borrar	mov	>=	0,42
Editar	Borrar	ia	>=	0,66
Editar	Borrar	ip	>=	0,71
Editar	Borrar	lig	>=	0,80
Editar	Borrar	pu	>=	0,57
Editar	Borrar	angul	>=	0,49
Editar	Borrar	rsc	>=	100

“... las pruebas genómicas de las hembras se incorporan automáticamente tras su publicación, por lo que los acoplamientos tendrán en cuenta esta nueva información”

### Análisis de los cambios en los valores de las novillas tras el genotipado

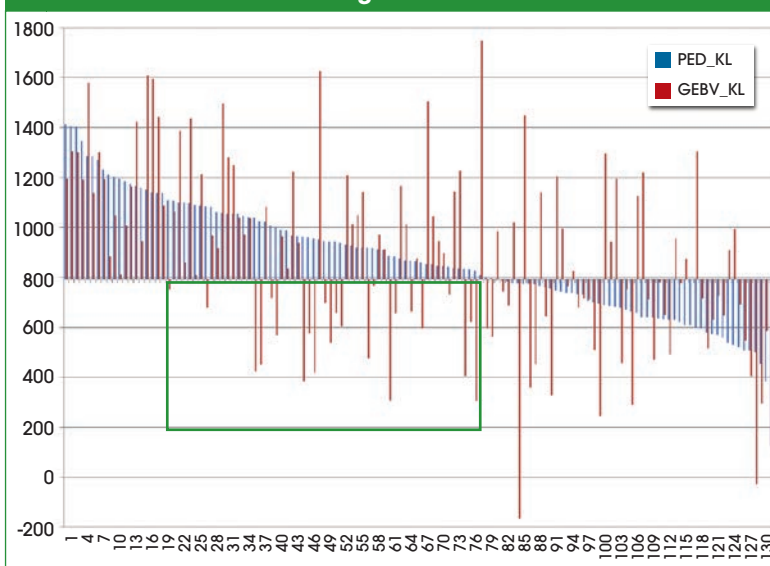
Una vez seleccionados los toros y los criterios por carácter, se procedió a calcular los acoplamientos con o sin genómica para un lote de novillas entre 6 y 15 meses. Al genotipar las novillas, sus valores genéticos son predichos con una fiabilidad en torno al 70%, por tanto, tenemos una visión mucho más ajustada de los puntos fuertes y débiles de cada una y se podrá determinar qué toro es el más adecuado para maximizar el progreso genético cumpliendo con los requisitos que hemos exigido.

En la Figura 3 se presentan los valores para el carácter kilos de leche de este lote de novillas antes (azul) y después (rojo) de ser genotipadas. Como nivel de comparación se ha tomado 723 Kg coincidiendo con el criterio exigido para este carácter en el acoplamiento.

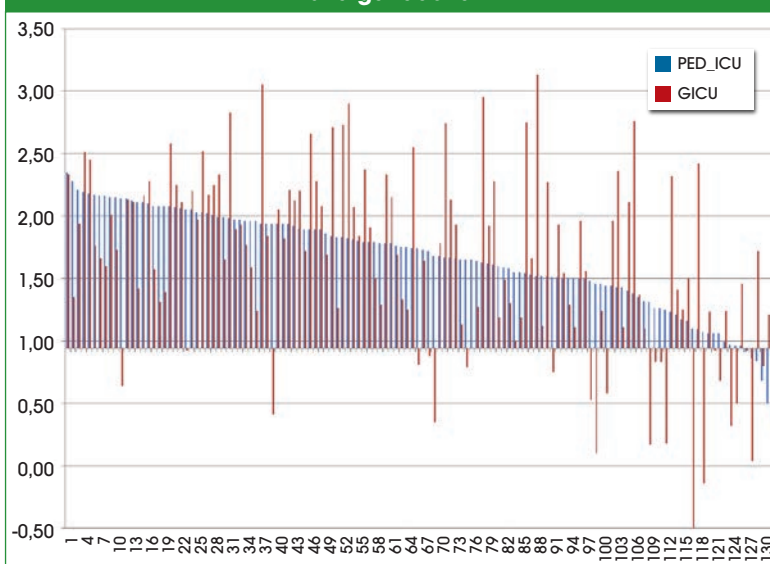
En este gráfico podemos apreciar cómo algunas de las novillas que según su pedigrí se encontrarían entre las mejores en kilos de leche, una vez genotipadas su potencial lechero es más limitado de lo esperado (Cuadro verde). En algunos casos, novillas que a priori estarían por encima del +1000, tras genotiparlas su valor genético es de poco más de 400. También nos encontramos con algún animal que pasa de estar en la media, a tener un valor incluso negativo. Esta nueva información va a determinar que para todas estas novillas los toros más adecuados serán aquellos capaces de corregir este bajo nivel en producción. De igual manera, algunas de las terneras que por índice de pedigrí presentaban valores en kilos de leche inferiores al nivel exigido, una vez genotipadas podemos considerar que su nivel de producción no es el factor limitante y, por tanto, es posible que existan otros toros más adecuados para ellas que los escogidos antes de genotipar.

Esta situación la encontramos en todos los caracteres. Por ejemplo, en la Figura 4 se presenta un gráfico similar al anterior para el índice de ubres (ICU). En esta ocasión descubrimos cómo animales con índice de pedigrí cercano a 2, tienen en los caracteres de ubre un punto a mejorar; incluso detectamos algunos animales que tienen valores negativos

**Figura 3. Índice de pedigrí (Azul) y valor genómico (Rojo) para el carácter kilos de leche de 132 terneras genotipadas en una ganadería.**



**Figura 4. Índice de pedigrí (Azul) y valor genómico (Rojo) para el índice combinado de ubre de 132 terneras genotipadas en una ganadería.**



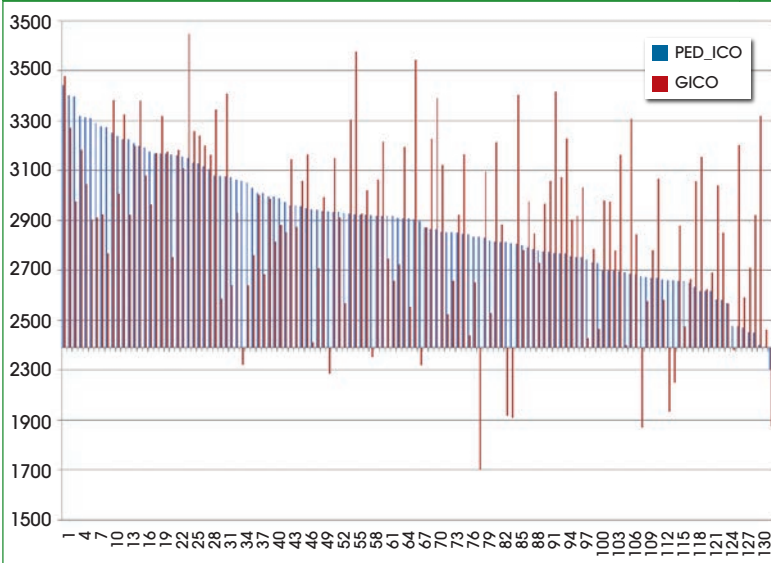
## ... la genómica en combinación con el programa ConafeMat

en este carácter cuando su pedigrí hacía pensar que se encontrarían en torno al 1.

De esta forma detectamos, carácter por carácter y animal por animal, aquellos puntos a corregir mediante el acoplamiento. En el caso del programa CONAFEMAT, las pruebas genómicas de las hembras se incorporan automáticamente tras su publicación, por lo que los acoplamientos tendrán en cuenta esta nueva información.

En la Figura 5 se muestra el cambio respecto al ICO. De nuevo ponemos como referencia el valor que exigimos para el acoplamiento; en este caso (2194) era un nivel poco exigente.

**Figura 5. Índice de pedigrí (Azul) y valor genómico (Rojo) para el ICO de 132 terneras genotipadas en una ganadería.**

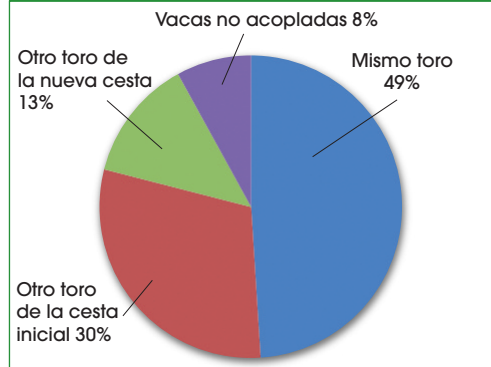


Respecto al índice ICO observamos cambios similares a los ya presentados en otros artículos de la revista. Según el índice de pedigrí, tan sólo una hembra se encontraría debajo de este umbral antes del acoplamiento. Sin embargo, tras genotipar el lote completo, descubrimos otras diez. Del mismo modo, en lugar de 6 novillas con valores superiores a 3100 que podríamos considerar "Top", ahora encontramos 16 novillas en este nivel; es llamativo que de las 6 iniciales sólo 1 se mantiene. En definitiva, el genotipado permite identificar de forma más clara las diferencias entre animales, tanto en lo bueno como en lo menos bueno.

### Cambios observados en los acoplamientos tras el genotipado.

En la Figura 6 se presentan los cambios en los acoplamientos tras el genotipado de las novillas, por tanto, en base a una información más precisa sobre los puntos clave a corregir en cada una. En este ejemplo podemos observar cómo el toro que mejor acopla cambia en el 51% de los casos. Además también cambia la cesta de toros; recordemos que de la preselección de 41 animales nos quedábamos con 6. Una vez conocido el genotipo de las terneras vemos que alguno de los toros que se habían escogido previamente no nos apor-

**Figura 6. Cambios en los acoplamientos tras genotipar las novillas**



tan lo que necesitan nuestras hembras. Finalmente vemos que un 8% de las novillas no se pueden acoplar según nuestros criterios, este 8% coincide con aquellos animales que como se ha visto previamente tras el genotipado se identifican con un nivel genético inferior y que difícilmente nos van a dejar descendencia

que esté en el nivel del resto de la ganadería. Identificándolas podemos evitar por tanto mantener su genética en la granja que puede llevar a una menor homogeneidad del rebaño y por tanto un lastre. Una estrategia podría ser usarlas como receptoras de embriones, usar semen de carne o venderlas. De esta manera lograremos un mayor progreso genético del resto de la ganadería. En el próximo número de la revista continuaremos con el análisis de las ventajas del genotipado junto al buen diseño de los acoplamientos.

