

Herramientas moleculares para la mejora genética en ovinos

G. Ciappesoni¹, F. Macedo², N. Grasso, V. Goldberg, D. Gimeno³, E. A. Navajas.
Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA),
Las Brujas, Canelones, 90200, Uruguay.

Herramienta genética de selección actual: Diferencia Esperada en la Progenie

Es indudable el afianzamiento de las evaluaciones genéticas (EG) poblacionales de ovinos en el Uruguay. En la última década se ha observado un crecimiento exponencial de las mismas, evaluándose en la actualidad más de 85 cabañas y 25.000 animales al año pertenecientes a 12 razas, publicándose Diferencias Esperada en la Progenie (DEP) de características relacionadas con la producción y calidad de carne y lana, reproducción y resistencia a enfermedades (Ciappesoni et al., 2014). Asimismo, se estima que el total de carneros evaluados genéticamente (con datos de DEP) alcanzarían para cubrir el 25% de la demanda anual de la majada uruguaya. Si a estos se les suma los carneros con información de Flock-Testing (datos objetivos comparables dentro de grupo de manejo), se podría cubrir el 45% de la misma (Ciappesoni et al., 2014).

Herramientas moleculares disponibles para la identificación de parentesco

La calidad de los registros genealógicos repercute sobre los resultados de las estimaciones genéticas y por ende afecta el progreso genético potencial. Varios autores (e.g. Ron et al., 1996) citan porcentajes de errores de asignación de parentesco, que varían entre 1.3 a 30.0% en ganado bovino lechero en sistemas intensivos. Estos errores en la especie ovina han sido menos estudiados con estimaciones en el rango entre 0.5% y 29.7% (Brien et al., 2010, Rosa et al., 2013, Crawford et al., 1993). Los errores de asignación de parentesco subestiman la heredabilidad, afectando las DEP y sus precisiones (Geldermann et al., 1986). Varios autores (e.g. Banos et al., 2001; Visscher et al., 2002) han estimado pérdidas en la ganancia genética entre 2.0 a 15% en ganado lechero. Diferentes métodos moleculares han sido usados para excluir paternidad y disminuir los porcentajes de errores genealógicos. El uso de proteínas y variantes antigénicas dejó paso a marcadores genéticos, entre los que se destacan los microsatélites y más recientemente marcadores de polimorfismo de nucleótido simple (SNP) (Vignal et al., 2002). En los últimos años diferentes grupos de investigación (e.g. Clarke et al., 2014; Heaton et al., 2014) han desarrollado paneles de SNP para exclusión de paternidad en ovinos. En Uruguay un proyecto liderado por el INIA ha diseñado un panel de baja densidad de SNP para el uso en las razas Corriedale, Merino Australiano y Texel, validado también en ovinos Criollos (Macedo et al. 2014). Datos preliminares

¹ Autor para la correspondencia E-mail: gciappesoni@inia.org.uy

² Facultad de Veterinaria de la Universidad de la República, Montevideo, 11600, Uruguay.

³ Secretariado Uruguayo de la Lana, Rbla Baltasar Brum 3764, Montevideo, Uruguay.

V Congreso Uruguayo de Producción Animal

3-4 de diciembre de 2014. Montevideo.

indican que los errores de paternidad oscilarían entre el 5% y 10%. Actualmente, dentro del International Sheep Genomics Consortium (ISGC) se llevan a cabo esfuerzos para obtener un panel internacional que contemple una gran variedad de razas.

Herramientas moleculares en un futuro cercano: Selección genómica en ovinos

Varios países están implementando la selección genómica (SG) en ovinos (e.g. Australia, Swan et al., 2014; Nueva Zelanda, Dodds et al., 2014). Para las características relacionadas con la producción y calidad de lana y crecimiento, el principal aporte de la SG es en el incremento en la precisión de las DEP. En el Cuadro 1 se presentan los incrementos en la precisión de las DEP al usar información molecular para Australia (panel de baja densidad 12K, Lee y van der Werf, 2014) y para estudios propios preliminares en Uruguay (panel de 500 SNP). El ISGC está desarrollando un panel de baja densidad (15k), que estará disponible desde el 2015, con el objetivo principal de imputar el panel de Illumina OvineSNP50 BeadChip®. Seguramente, el bajo costo de este nuevo panel (se estima en el orden de los 30 USD) permita su inclusión en programas comerciales de mejora. Los estudios de Lee y van der Werf (2014) estiman que genotipando un 20% de los machos nacidos cada año se alcanzaría un 94% del beneficio adicional de la SG comparado con genotipar el 100% de los machos.

Cuadro 1. Aumento de la precisión de las DEP con uso de la genómica.

	Merino australiano		Corriedale
	AUS	ROU	ROU
Diám	5.0%	8.7%	11.7%
PVL	11.9%	17.0%	16.4%
HPG	6.4%	18.5%	20.6%

Diám: diámetro promedio de la fibra, PVL: peso de vellón limpio; HPG: huevos de parásitos gastrointestinales por gramo de materia fecal

Por lo tanto el desafío en el corto plazo es el diseño de programas de mejora genética que permitan una inclusión económicamente eficiente y estratégica por raza de los marcadores moleculares tanto para la correcta identificación de parentesco como para el aumento de la precisión de las estimaciones.

Literatura Citada

Banos G, Wiggans GR, Powell RL. 2001. Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluations and international comparisons. *Journal of Dairy Science*, 84(11), 2523–9.

Brien FD, Hebart ML, Smith DH, Edwards JEH, Greeff JC, Hart KW, ..., van der Werf JHJ. 2010. Opportunities for genetic improvement of lamb survival. *Animal Production Sci.*, 50(12), 1017.

Ciappesoni G, Gimeno D, Coronel F. Progreso genético logrado en las evaluaciones ovinas del Uruguay. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*. Vol 22, número 3/4: 83-90. ISSN 1022-1301.

V Congreso Uruguayo de Producción Animal

3-4 de diciembre de 2014. Montevideo.

Clarke SM, Henry HM, Dodds KG, Jowett TWD, Manley TR, Anderson RM, McEwan JC. 2014. A High Throughput Single Nucleotide Polymorphism Multiplex Assay for Parentage Assignment in New Zealand Sheep. *PLoS one* 9(4), e93392.

Crawford AM, Tate ML, McEwan JC, Kumaramanickavel G, McEwan KM, Dodds KG, Swarbrick PA, Thomson P. 1993. How reliable are sheep pedigrees? *Proc. New Zealand Soc. An. Prod.* 363-370.

Dodds KG, Auvray B, Lee MA, Newman SAN, McEwan JC. 2014. Genomic Selection in New Zealand Dual Purpose Sheep. *Proceedings of 10th WCGALP*. Vancouver, Canada.

Geldermann H, Pieper U, Weber WE. 1986. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *Journal of Animal Science*, 63(6), 1759–68.

Heaton MP, Leymaster KA, Kalbfleisch TS, Kijas JW, Clarke SM, McEwan J, Maddox JF, Basnayake V, Petrik DT, Simpson B, Smith TPL, Chitko-McKown CG, ISGC. 2014. SNPs for Parentage Testing and Traceability in Globally Diverse Breeds of Sheep. *PLoS one* 9(4), e9485.

Lee S, van der Werf JHJ. 2014. Sheep CRC genomic test for Merinos—what are the benefits? *Sheep CRC conference: Concept to impact*. Adelaide 9 July 2014, Australia.

Macedo F, Navajas EA, Aguilar I, Grasso N, Pieruccioni F, Ciappesoni G. 2014. New Parentage Testing SNP Panel for Commercial Breeds will be a Useful Tool for Conservation of Creole Sheep. *Proceedings of 10th WCGALP*. Vancouver, Canada.

Ron M, Blanc Y, Band M, Ezra E, Weller JI. 1996. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. *J. Dairy Sci.*, 79(4), 676–681.

Rosa A, Sardina M, Mastrangelo S, Tolone M, Portolano B. 2013. Parentage verification of Valle del Belice dairy sheep using multiplex microsatellite panel. *Small Ruminant Research*, 113(1), 62–65.

Swan AA, Brown DJ, Daetwyler HD, Hayes BJ, Kelly M, Moghaddar N, van der Werf JHJ. 2014. Genomic Evaluations in the Australian Sheep Industry. *Proc. 10th WCGALP*. Vancouver, Canada.

Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics selection evolution*, 34(3), 275-305.

Visscher PM, Woolliams JA, Smith D, Williams JL. 2002. Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J. Dairy Sci.*, 85(9), 2368–2375