

# \*RECLINANCIA EN LOS TERNEROS HOLSTEIN

\*La ternera no se puede parar

Written by CDCB

Por CDCB, Holstein Association USA y NAAB



Los investigadores de la Universidad Estatal de Pensilvania han estado colaborando con colegas del Servicio de Investigación Agrícola del USDA para estudiar un nuevo defecto genético en el ganado Holstein. Este defecto se caracteriza por animales sanos que no pueden pararse.

Esta condición, actualmente llamada reclinación de la ternera, ha demostrado ser más compleja que otros defectos genéticos conocidos. Teniendo

en cuenta el aspecto de bienestar animal de este defecto, el desarrollo de una herramienta de diagnóstico fiable es muy importante para los consumidores, los agricultores y la industria genética láctea.

## La posición de la industria

La industria reconoce que este defecto debe abordarse rápidamente. La prioridad es proporcionar acceso a herramientas de diagnóstico precisas con una comunicación transparente y amplia de los estados de los portadores de machos y hembras afectados.

Actualmente hay dos pruebas genéticas comerciales disponibles en Genetic Visions y Feanix Bio para determinar el estado de portador de este defecto. Los toros de inseminación artificial (IA) se están probando activamente y la industria está trabajando en un sistema definido para obtener los resultados de las pruebas del laboratorio al Consejo de Cría de Ganado Lácteo (CDCB) y a la Asociación Holstein de EE. UU., para que puedan hacerse públicos lo antes posible. El Laboratorio de Genética y Mejora Animal (AGIL) del USDA y el CDCB están trabajando en una prueba de haplotipo más precisa. No habrá una publicación de haplotipos para la reclinancia de la ternera en las evaluaciones de sire de abril de 2023. Cualquier actualización sobre la disponibilidad de esa prueba en los próximos meses se compartirá rápidamente.

**Resumen de la investigación sobre la reclinación(no se levanta) de la ternera, desde la región hasta la mutación**

Identificar un defecto genético con suficiente certeza para su publicación es un proceso largo. Este es especialmente el caso cuando los fenotipos (observaciones) son subjetivos o cuando las terneras son sacrificadas antes de que se llevara a cabo un fenotipo preciso.

Cuando un defecto genético causa la muerte embrionaria, el defecto se puede detectar en el CDCB por la falta de genotipos homocigotos para esa ubicación de ADN en nuestra base de datos nacional de colaboradores. Este fue el caso del Holstein HH1-HH6. Cuando la mutación causa la muerte de terneros que pueden ser genotipados antes de morir, como con la deficiencia de colesterol de Holstein (HCD) y este nuevo defecto, el informe de anomalías en los terneros es el primer paso para identificar el defecto causal.

Agradecemos a todos los criadores que se han presentado a los investigadores u organizaciones de la industria con observaciones y muestras y animamos a otros a que lo hagan en el futuro.

Se deben recoger muestras de ADN de los terneros afectados para el genotipado, así como los genotipos de tantos miembros de la familia como sea posible. Mediante estudios de asociación genómica y análisis de pedigrí, se identificó una región de ADN (haplotipo) que era común entre los terneros afectados. Los análisis de pedigrí permiten rastrear el haplotipo de los pedigríes paternos y maternos para encontrar antepasados comunes. Tanto Penn State como los investigadores del Laboratorio de Mejora Animal y Genómica (AGIL) hicieron el rastreo del haplotipo identificado a través de los pedigríes conocidos. El haplotipo identificado es común y se remonta a muchas generaciones, pero el número de terneros homocigotos en la base de datos nacional es menor de lo esperado. Esto apunta a una mutación reciente dentro del haplotipo, al igual que el HCD. Las mutaciones recientes hacen que sea difícil rastrear un haplotipo a un animal de origen claro porque tratamos con un gran número de haplotipos normales y un menor número de haplotipos mutados, pero tienen la misma "firma" de marcadores genéticos.

Los análisis de secuencias permiten la posible identificación de la mutación genética causal dentro del haplotipo. Utilizando datos de secuencia, Dechow et al 2023 identificaron una mutación dentro del gen CACNA1S en el cromosoma 16. Cuando se señala una posible mutación genética, el siguiente paso es validar la mutación mediante el genotipado de un gran número de animales afectados y no afectados para la mutación. Esto está actualmente en curso. Sin embargo, los datos recopilados apoyan la hipótesis de que la mutación identificada es causal para los fenotipos de los terneros afectados.

### **Prueba de haplotipo**

El equipo de AGIL del USDA está desarrollando una prueba basada en haplotipos que se puede aplicar a todos los animales genotipados. La prueba aún no está disponible.

La concordancia entre los resultados de la prueba de ADN de Dechow et. al. y la prueba de haplotipo actualmente es bastante baja. Además, la investigación de Dechow et al., así como del equipo AGIL del USDA, identificó una serie de animales homocigotos para el haplotipo que no muestran síntomas. Ambos hallazgos pueden explicarse por el haplotipo que no identifica y rastrea con precisión la mutación reciente. Esto nos recuerda al HCD, en el que había dos piezas diferentes de ADN con la misma "huella digital" de SNP. Esto sucede con nuevas mutaciones porque no ha habido suficiente tiempo y datos para diferenciar el haplotipo mutado del original y el normal.

Se debe realizar una mayor validación entre los datos de las pruebas de genes disponibles con los datos de haplotipos para eliminar la incertidumbre y aumentar la fiabilidad para que la prueba de haplotipo se pueda aplicar de forma rutinaria para todos los animales genotipados. Esto también nos dará mejores estimaciones de la frecuencia de los portadores en la población de Holstein.

### **Pruebas genéticas disponibles**

Dos pruebas genéticas comerciales están actualmente disponibles en Genetic Visions y Feanix Bio para toros y vacas y otros laboratorios están explorando el desarrollo de una prueba genética para el defecto. Actualmente, las empresas de IA están probando sus toros, y la intención de la industria es publicar los estados de los transportistas lo antes posible. Debido a la posibilidad de que las familias muestreen, algunas empresas tendrán más animales de transporte en sus poblaciones de toros y vacas donantes que otras.

### **Próximos pasos**

El siguiente paso inmediato es desarrollar un sistema definido para obtener los resultados de las pruebas de los laboratorios de Holstein USA y CDCB/AGIL para que se puedan publicar los estados de portador y se pueda mejorar la prueba nacional de haplotipo. La estructura de nomenclatura también debe confirmarse para identificar y etiquetar si el resultado es una prueba de genes o de una futura prueba de haplotipo.

A largo plazo, como industria, es necesario desarrollar aún más estrategias para el monitoreo continuo de la población para identificar defectos genéticos emergentes y garantizar que se recopilen muestras biológicas de alta calidad e información fenotípica. La colaboración con investigadores del gobierno y de la universidad permitirá la continuidad de los esfuerzos y garantizará el acceso a cualquier herramienta de diagnóstico resultante. Los agricultores individuales que informan de terneros anormales siguen siendo esenciales para identificar los defectos de forma precisa y rápida.

### **Referencias**

Fuente. <https://uscdcb.com/recumbency-in-holstein-calves/>

**Clic Fuente**

