

LA IMPUTACIÓN ACTUALIZA LAS NUEVAS EVALUACIONES GENÉTICAS

Esta semana, el Consejo de Mejora Genética del Ganado Lechero (CDCB) publicó evaluaciones genéticas actualizadas para 50 rasgos y cuatro índices de selección para más de 81.5 millones de animales lecheros.

EZEQUIEL NICOLAZZI, COO, COUNCIL ON DAIRY CATTLE BREEDING

Durante este proceso trianual, el CDCB también informa sobre llamadas de haplotipos conocidos para permitir a los productores gestionar mejor los factores genéticos conocidos.

En la evaluación de diciembre, se realizó una actualización de imputación para animales de todas las razas. Esta actualización periódica de la población completa mejora la precisión de nuestro sistema genético en general; sin embargo, para ciertos grupos de animales, las evaluaciones genómicas y las llamadas de haplotipos fueron más variables de lo habitual. En general, los animales de mayor perfil, como los toros utilizados para la inseminación artificial y las hembras en programas de reproducción y comercialización, no se vieron afectados o solo levemente por la actualización de imputación porque tienen pedigrees completos registrados y fueron genotipados con chips de alta densidad.

Con nuestro socio de investigación, el Laboratorio de Mejora y Genómica Animal del USDA, el CDCB describió por primera vez la actualización de imputación y sus impactos en este artículo. Además, las nuevas evaluaciones de diciembre incluyen nuevas llamadas de haplotipos para el síndrome de debilidad muscular de inicio temprano (HMW) y llamadas de haplotipos actualizadas para la deficiencia de colesterol (HCD) en Holstein. Para obtener más información al respecto, lea "¿Qué es una llamada de haplotipo?"

¿Qué es la imputación?

Para entender el cambio de diciembre, primero revisemos la imputación y el papel de los haplotipos en las evaluaciones genómicas modernas.

La imputación es un término elegante para describir cómo llenamos la información faltante a nivel genómico. El llenado de estos vacíos se basa primero en la información de padres e hijos, si está disponible. Dado que un animal recibe un alelo de su padre y de su madre y transmite esa misma información, podemos usar ese conocimiento para llenar parte de la información faltante.

Luego, utilizamos la información de la población de la raza, basada en haplotipos, o "trozos" de ADN que se transmiten de generación en generación en toda la población.

Estos son grupos de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) dispersos por el genoma de un animal.

Los haplotipos se han convertido en una herramienta valiosa en la era genómica en el proceso de imputación, así como para identificar áreas específicas y pequeñas del genoma que están vinculadas a factores genéticos que pueden ser beneficiosos (como el cuerno corto o el factor rojo) o perjudiciales (como causar pérdida de embriones o rendimiento).

El número de SNP utilizado para calcular una evaluación genómica del CDCB es de alrededor de 79,000. Esos SNP específicos no están disponibles en todos los chips de genotipado utilizados a lo largo de los años por diversas razones. Por lo tanto, realizamos el paso de imputación en el CDCB para asegurarnos de que todos los animales tengan información genómica en esos 79,000 puntos de datos antes de calcular la evaluación genómica. (Si tienes curiosidad, el CDCB gestiona 53 chips de SNP con diversas cantidades de SNP, que van desde aproximadamente 3,000 hasta 777,000).

Para animales recién genotipados, las imputaciones utilizan la biblioteca de haplotipos más actualizada, que se actualiza cada mes como parte del proceso de evaluación genómica mensual de rutina. Además, los animales con información adicional, como aquellos genotipados nuevamente con un chip de mayor densidad, se imputan de nuevo para recibir evaluaciones genómicas más precisas.

Por lo tanto, la actualización de imputación es un proceso periódico cada pocos años para actualizar la biblioteca de haplotipos para todos los animales de todas las razas. Esta actualización de imputación de toda la población ocurrió por última vez en abril de 2021. Esta actualización asegura que todos los animales se beneficien de la información más reciente disponible sobre qué SNP son utilizables en chips individuales. La biblioteca de haplotipos no se actualiza en su totalidad para todos los animales, ya que eso requeriría muchos días de cálculos. La base de datos nacional de colaboradores gestionada por CDCB tiene más de 8 millones de genotipos de animales, con más de 1.3 millones de genotipos agregados en el último año. Nueva información está constantemente disponible, y las frecuencias de haplotipos cambian a medida que crece la base de datos.

¿Qué animales se ven más afectados?

Con la actualización de imputación, se espera que los resultados de evaluación para animales que tienen su pedigree completo registrado y fueron genotipados con un chip de alta densidad permanezcan estables. En otras palabras, las PTA (o Habilidades de Transmisión Prevista) para animales de alto perfil como toros comercializados para I.A. y hembras en programas de reproducción generalmente no se verían afectadas. Las llamadas de haplotipos pueden cambiar para esos animales, ya que dependen de haplotipos en regiones específicas del genoma.

Una mayor variabilidad en las evaluaciones genómicas, los valores de representación de la base de raza (BBR) y las llamadas de haplotipos fueron más probables para subconjuntos específicos de la población lechera. Los animales más afectados fueron:

- Aquellos con madres no genotipadas (totalmente imputados)
- Animales genotipados con baja densidad o con los chips más nuevos

- Animales con un pedigree parcial o incompleto
- Animales con vínculos débiles o nulos con la población de referencia de EE. UU.

Las llamadas de haplotipos para la deficiencia de colesterol en Holstein (HCD) probablemente cambien mucho más en esta versión en comparación con ejecuciones anteriores. Esto está vinculado a la actualización de imputación y la disponibilidad de más de 1.3 millones de resultados de pruebas directas para la deficiencia de colesterol, compartidos confidencialmente por Holstein Association USA para mejorar las llamadas de haplotipos. Por último, CDCB publicó un nuevo haplotipo para el síndrome de debilidad muscular de inicio temprano (HMW), para ayudar en la supervisión a nivel de población de esta condición aún no declarada y no letal.

En resumen, la imputación y el uso de haplotipos han sido un área fascinante de descubrimiento y aplicación en las últimas décadas y en la era genómica. La genotipificación y la selección genómica han resultado en un progreso significativo en la cría de ganado lechero, incluido un increíble avance genético, el desarrollo de nuevos rasgos, una mejor identificación de la ascendencia y la capacidad de identificar y gestionar factores genéticos deseables e indeseables. CDCB, los investigadores y los criadores de animales continúan explorando y aprovechando nuevas formas en que la genómica puede mejorar la productividad, la salud, el bienestar y la sostenibilidad del ganado lechero en todo el mundo.

Fuente.

<https://hoards.com/article-34489-imputation-updates-new-genetic-evaluations.html>

Clic Fuente

