

SELECCIÓN DE GANADO CAPRINO UTILIZANDO LA INFORMACIÓN DEL GEN DE LA CASEÍNA α_{S1} .

A. Sánchez-Palma*

E. Manfredi**

J.M. Serradilla*

* Departamento de Producción Animal
ETSIAM. Universidad de Córdoba
España

** SAGA - INRA
Castanet Tolosan-Toulouse
Francia

RESUMEN

Mediante simulación de Montecarlo, se comparan, por un lado, las posibles utilidades de la información del polimorfismo de la caseína a α_{S1} para la selección de los machos para ser testados por IA y, por otro, el modelo de indexación a utilizar cuando se incorpora esta información en el modelo de valoración. El criterio utilizado para establecer dichas comparaciones es el valor genético de las diferentes categorías de animales que constituyen la población al cabo de 20 generaciones de selección. Se consideran dos caracteres sobre los que el gen de la caseína α_{S1} produce efectos cuantitativamente diferentes. Los resultados muestran que sólo en el caso de que este efecto sea muy fuerte y la heredabilidad poligénica del carácter baja, puede merecer la pena establecer el genotipo de todos los animales.

Palabras clave: Cabras, Selección, Caseínas, Simulación.

SUMMARY

(GOAT SELECTION ASISTED BY α_{S1} CASEIN GENOTYPING)

Different modes of using the information on the α_{S1} casein genotype of goats, in order to estimate breeding values and to select sires, are compared through Montecarlo simulations. The criterion used for the comparisons was the breeding value reached after 20 generations of selection. Two traits, differently affected by the α_{S1} casein genotype, were considered. Results showed that genotyping all animals could be meaningful only in the case of low polygenic heritability and very strong effect of the α_{S1} casein genotype on the trait.

Key words: Goats. Selection, Caseins, Simulation.

Introducción

Si observamos el contenido proteico de la leche de cabra, podemos distinguir entre

las proteínas del suero y las coagulables o caseínas. Dentro de las caseínas, proteínas de la leche que precipitan a pH 4,6 podemos diferenciar 4 tipos: α_{S1} , α_{S2} , β y κ ,

según su diferente estructura primaria (ANGULO, 1997). La caseína α_{s1} es la fracción más variable en el ganado caprino y presenta un polimorfismo con al menos 13 alelos, 5 de los cuales con una frecuencia apreciable, que se asocian con diferentes niveles de caseína producida. De esta manera los alelos A, B y C, se asocian con una alta producción de caseína y, por tanto, de proteína, el E con una producción media, el F con una producción baja y el O, o nulo, con una producción nula (GROSCLAUDE y col., 1987). Además de esta relación, los polimorfismos de la caseína α_{s1} también se asocian a diferencias en las características tecnológicas (pH, tiempo de coagulación, firmeza de la cuajada) en la fabricación de queso e, incluso, con la intensidad de "sabor a cabra" de los quesos madurados (ANGULO, 1997).

SERRADILLA y col., (1992) apuntan tres posibles vías de utilización de estos polimorfismos con el fin de mejorar el contenido de proteína de la leche y su rendimiento quesero: selección poligénica por el contenido de determinadas fracciones de las caseínas ligadas a un mayor rendimiento y calidad del queso (la fracción α_{s1} y posiblemente la κ), utilización de las variantes alélicas de las distintas fracciones caseínicas como marcadores asociados a una mayor producción de caseína y el empleo de la ingeniería genética.

LARZUL (1993) y BARBIERI (1995) recomiendan la utilización de la información correspondiente al polimorfismo de la caseína α_{s1} en los esquemas de selección del ganado caprino. Esta práctica ya se está dando en Francia, al menos para limitar la entrada en el centro de inseminación de aquellos machos con genotipos más desfavorables (MANFREDI y col., 1995).

El presente trabajo de simulación se plantea con el fin de comparar, por un lado, los resultados de la indexación de los animales, obtenida con la utilización de un modelo animal incluyendo el efecto del gen mayor como efecto fijo (BCC) (KENNEDY y col., 1992) y sin incluirlo (BSC). Por otro lado, se comparan las posibles formas de utilización de la información del polimorfismo de la caseína α_{s1} para la selección de los machos de IA (machos en prueba de descendencia), de entre los que presentan un mejor índice obtenido con los modelos anteriores. En él se analizan 3 grados de utilización de la información de los polimorfismos de la caseína α_{s1} , que de mayor a menor intensidad de utilización son:

- No se tiene en cuenta para nada (SS).
- Se utiliza para elegir entre hermanos, candidatos a ser sometidos a la prueba de descendencia por el índice de sus padres en la valoración genética, aquel o aquellos que tienen los mejores genotipos del gen de la caseína α_{s1} (SH).
- Se utiliza para seleccionar de entre todos los candidatos a ser sometidos a prueba de descendencia, aquellos con genotipo más favorable (SG).

Material y métodos

Se realizan simulaciones para generar los valores de los caracteres tasa de proteína (TP, g/kg.), sobre el que se supone un efecto fuerte del gen mayor, y cantidad de materia proteica (MP, kg.), asociado con un efecto débil del gen mayor (LARZUL, 1993; BARBIERI, 1995).

El modelo de simulación es el siguiente:

$$y_{ijklmn} = \mu + A_j + R_k + E_l + T p_m + L a_n + G_i + g_i + e p_i + \varepsilon_{ijklmn}$$

Donde, **y** representa el valor del carácter para un individuo (cantidad o tasa de proteína); μ representa la media poblacional; **A** es el efecto del año (con 20 niveles); **R** es el efecto de la ganadería (con 100 niveles); **E** es el efecto de la estación de parto (con 4 niveles: primavera, verano, otoño e invierno); **Tp** es el efecto del tipo de parto (con 3 niveles: 1, 2 ó 3 cabritos); **La** es el efecto del número de lactación (con 10 niveles); **G** representa el efecto del gen mayor de la caseína $\alpha s1$ (con tres niveles: AA, AF y FF); **g** es valor poligénico del animal para el carácter y se distribuye como $N(0, \sigma_g^2)$; **ep** es el efecto ambiental permanente que se distribuye como $N(0, \sigma_{ep}^2)$ y ϵ es el efecto residual, que se distribuye como $N(0, \sigma_\epsilon^2)$.

Los efectos de los distintos niveles de los factores fijos (**A**, **R**, **E**, **Tp** y **La**) se estimaron con los datos correspondientes a cinco años del control de rendimientos de la raza Malagueña, mediante el procedimiento "GLM" del paquete estadístico SAS.

Para simular el efecto del genotipo de la caseína $\alpha s1$, se supuso que el efecto del gen mayor es un factor fijo más (**G**) con tres niveles, ya que para simplificar la simulación se consideraron sólo tres genotipos (AA genotipo fuerte, FF genotipo débil y

AF genotipo intermedio) (LARZUL, 1993; BARBIERI, 1995). La parte no controlada por el gen mayor se consideró aleatoria (parte poligénica). Además de esta parte aleatoria, se consideraron como factores aleatorios el efecto ambiental permanente (**ep**) y el efecto residual (ϵ). Estos valores se generan en el proceso de simulación mediante el procedimiento de Box y Muller (JURADO e IBAÑEZ, 1982).

En el cuadro 1, se muestran los valores de los efectos del gen mayor sobre cada uno de los caracteres, así como la frecuencia de partida de los distintos genotipos:

Las medias poblacionales de los caracteres MP (25,26 kg.) y TP (28,30 g/kg.) y los diferentes parámetros genéticos que se utilizan para la simulación (cuadros 2 y 3) son estimaciones obtenidas por BARBIERI (1995) en la raza Alpina francesa.

El esquema de selección simulado es un esquema basado únicamente en la IA. Se considera un núcleo de selección constituido por 100 ganaderías de distinto tamaño y un centro de inseminación constituido por 40 machos de diferentes edades (10 de 1 año, 10 de 2 años, 10 de 3 años, 5 de 4 años y 5 de 5 años) considerando los machos probados a partir del cuarto año, utilizándose como tales un año más. Por tanto la tasa

CUADRO 1
EFECTOS* DEL GEN MAYOR PARA CADA UNO DE LOS GENOTIPOS
Y CARACTERES

Genotipos	TP (g/kg.)	MP (kg.)	Frecuencias* (%)
AA	2,39	0,97	4
AF	0	0	32
FF	-2,39	-0,97	64

* Efectos y frecuencias estimados por BARBIERI (1995) en la raza Alpina francesa.

CUADRO 2
PARÁMETROS GENÉTICOS UTILIZADOS PARA LA SIMULACIÓN

	Valores MP	poligénicos TP	Valores MP	genéticos TP
σ^2	3,55	0,96	3,85	2,79
σ^2_{ep}	1,71	1,23	1,71	1,23
σ^2_{ϵ}	4,01	0,65	4,01	0,65
h^2	0,38	0,34	0,40	0,60
r	0,57	0,77	0,58	0,86

σ^2 = Varianza genética.
 σ^2_{ep} = Varianza ambiental permanente.
 σ^2_{ϵ} = Varianza residual.
r = Repetibilidad.

CUADRO 3
COVARIANZAS UTILIZADAS EN LA SIMULACIÓN

	Covarianza poligénica	Covarianza genética
σ_{mp-tp}	-0,41 (-0,22) *	0,30 (0,09) *
$\sigma_{ep1-ep2}$	0,08 (-0,19) *	0,01 (-0,05) *
$\sigma_{\epsilon_1-\epsilon_2}$	-0,64	-0,65

σ_{mp-tp} = Covarianza genética.
 $\sigma_{ep1-ep2}$ = Covarianza ambiental permanente.
 $\sigma_{\epsilon_1-\epsilon_2}$ = Covarianza residual.
* Entre paréntesis aparecen las correlaciones.

de selección de los machos en prueba en el centro de IA es del 50%. En cada ganadería se insemina con un 30% de semen de machos en prueba y un 70% de machos probados. Toda la reposición, tanto de las hembras en las ganaderías (20 %) como de los machos para el centro de inseminación, se considera que procede de la IA. Los machos que se ponen en prueba provienen de las inseminaciones de las mejores hembras de cada ganadería con semen de machos

probados. Se considera una efectividad del IA del 50 %.

Los modelos utilizados para la valoración son: en un caso el mismo que para la simulación, indexando los animales por la suma del efecto estimado mediante BLUP para el genotipo del gen mayor de la caseína α_{s1} (G) y la estima BLUP de la parte restante (g, parte poligénica); en el segundo caso, un modelo que no considera el efecto del gen mayor, los animales se inde-

xan entonces por la estima BLUP del valor genético:

$$y_{ijklmn} = \mu + A_j + R_k + E_l + Tp^m + Lan + vgi + \\ + epi + \varepsilon_{ijklmn}$$

Donde, vg_i representa el valor genético del animal i para el carácter considerado.

La metodología de simulación es similar a la utilizada por ANALLA en 1996. Primero se genera una población base y, posteriormente, se elige en cada ciclo de selección (cada año) la reposición, utilizando el índice que corresponda y teniendo en cuenta la consanguinidad y la correlación poligénica entre ambos caracteres. Por tanto en la valoración genética se tiene en cuenta también la depresión por consanguinidad (ANALLA, 1996). Se simularon un total de 20 años. Cada simulación se repitió 10 veces modificando la semilla de génesis de valores aleatorios.

Combinando, por una parte, las 3 formas de utilización de la información del po-

limorfismo de la caseína $\alpha s1$ para la selección de los machos en prueba (SS, SH y SG) y, por otra, los dos modelos de valoración genética a utilizar (BSC y BCC), tenemos 6 combinaciones posibles. Como se realizaron simulaciones independientes para la selección por cantidad de materia proteica (MP) y por proteína (TP), tenemos un total de 12 casos para simular, con sus correspondientes réplicas.

Resultados y discusión

En el cuadro 4 se recogen los valores genéticos medios de los dos caracteres, después de 20 años de selección para cada uno de ellos, en los diferentes casos simulados. Podemos observar que cuando el criterio de selección es la materia proteica (MP), el que el modelo de valoración incluya o no la información del gen mayor no supone diferencias significativas en cuanto a la ganancia genética obtenida. Mientras

CUADRO 4
VALOR GENÉTICO MEDIO DE LAS HEMBRAS DE REPOSICIÓN PARA EL AÑO 20.
SE ACOMPAÑA DEL ERROR DE MONTECARLO
(ERROR TÍPICO ENTRE RÉPLICAS)

		MP (kg.)	TP (g/kg.)
BSC	SS	10,11 ± 0,19	6,41 ± 0,10
	SH	10,25 ± 0,15	6,69 ± 0,08
	SG	10,20 ± 0,12	6,93 ± 0,09
BCC	SS	10,34 ± 0,16	6,76 ± 0,13
	SH	10,35 ± 0,21	6,74 ± 0,14
	SG	9,87 ± 0,23	6,82 ± 0,08

BSC: valoración genética sin caseínas.

BCC: valoración genética con caseínas.

SS: sin selección genotípica.

SH: selección entre hermanos.

SG: selección genotípica.

que si el efecto es la tasa de proteína (TP), estas diferencias si son significativas y aparecen en favor del modelo que incluye el efecto del gen mayor. En cualquier caso está claro que cuando el efecto del gen mayor es fuerte (TP), es más favorable para la ganancia genética la selección genotípica de los candidatos para ser testados. Esto no está tan claro cuando el efecto es débil (MP).

En los cuadros 5 y 6 se recogen los valores del incremento o reducción del valor y algunos otros estadísticos de interés, entre

el año 0 y el 20, correspondientes a los distintos criterios de selección, los diferentes modelos de valoración y las distintas formas de utilización de la información del genotipo de la caseína α_{s1} .

En cuanto a la evolución de los valores poligénicos medios para cada año, en general coinciden con la evolución de los valores genéticos medios. Observamos como estos valores son mucho menores a los valores genéticos medios en el caso de la selección para TP (cuadros 6 y 4) que cuando se selecciona para MP (cuadros 5 y 4).

CUADRO 5
DIFERENCIA DE VALORES ENTRE LA POBLACIÓN BASE Y LA EXISTENTE A LOS 20 AÑOS PARA EL CARÁCTER CANTIDAD DE MATERIA PROTEICA (MP) DE LAS HEMBRAS DE REPOSICIÓN

MP		Valor Poligénico medio (kg)	Reducción de varianza poligénica (%)	Reducción de varianza genética (%)
BSC	SS	9,62	26,11	26,34
	SH	9,75	26,73	28,04
	SG	9,23	24,84	30,36
BCC	SS	9,52	23,66	29,04
	SH	9,46	25,17	29,97
	SG	8,91	25,16	30,84

CUADRO 6
DIFERENCIA DE VALORES ENTRE LA POBLACIÓN BASE Y LA EXISTENTE A LOS 20 AÑOS PARA EL CARÁCTER TASA DE PROTEÍNA (TP) DE LAS HEMBRAS DE REPOSICIÓN

TP		Valor Poligénico medio (kg.)	Reducción de varianza poligénica (%)	Reducción de varianza genética (%)
BSC	SS	4,03	22,86	66,13
	SH	4,30	24,82	75,45
	SG	4,53	21,39	73,29
BCC	SS	4,41	27,81	75,25
	SH	4,36	24,22	73,83
	SG	4,45	23,94	73,29

Las reducciones de varianza, tanto poligénica como genética, se muestran en los cuadros 5 y 6. Se observa la gran reducción de la varianza genética que se produce cuando el efecto del gen mayor es fuerte (TP) sobre el carácter a seleccionar, mientras que esta reducción es menor si el efecto del gen mayor es más débil. Por contra la reducción en cuanto a la varianza poligénica es del mismo orden. No obstante las reducciones de la varianza observadas son consecuencias de las tendencias genéticas positivas que se observan en todos los casos simulados.

A continuación podemos observar una serie de figuras en las que se representa la evolución durante los 20 años simulados para las hembras de reposición de las frecuencias de los diferentes genotipos AA, AF y FF (figuras 1, 2, 3 y 4) y las varianzas poligénicas y genéticas (figuras 5 y 6). En estas figuras se puede observar la fijación de alelos favorables y la reducción tanto de varianza poligénica como genética.

Antes de sacar conclusiones debemos tener en cuenta que para poder utilizar un

modelo de valoración en el que se incluya el genotipo de la caseína $\alpha s1$ como un factor fijo más, es indispensable conocer los genotipos de toda la población cuya información se tiene en cuenta para la valoración de los reproductores. Por el contrario si el modelo que se utiliza para valorar no incorpora la información del gen mayor, solo tendríamos que conocer los genotipos de aquella parte de la población con los mejores índices de valoración genética. A otro nivel podemos asociar la selección para la cantidad de materia proteica, con la selección de un carácter que está poco afectado (1 vez la desviación típica poligénica) por el gen mayor (genotipo de la caseína $\alpha s1$) mientras que la selección para el carácter tasa de proteína está asociado a un efecto fuerte del gen mayor (3 veces la desviación típica poligénica). Finalmente tenemos que tener en cuenta que partimos de una frecuencia alta del alelo desfavorable, $f(F)=0,8$. No obstante si tuviésemos unas frecuencias menores únicamente se trataría de desplazarse en el tiempo hasta que con la fijación de las frecuencias nos encontraríamos en el caso correspondiente.

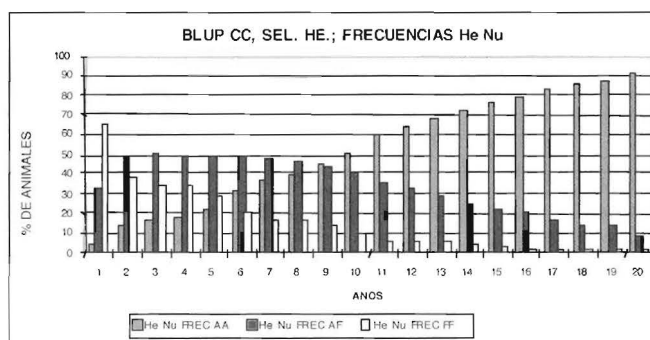


Figura 1. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la materia proteica (MP) se valora con un modelo que incorpora la información del genotipo del gen mayor (BCC) y se utiliza esta información para elegir entre hermanos candidatos (SH)

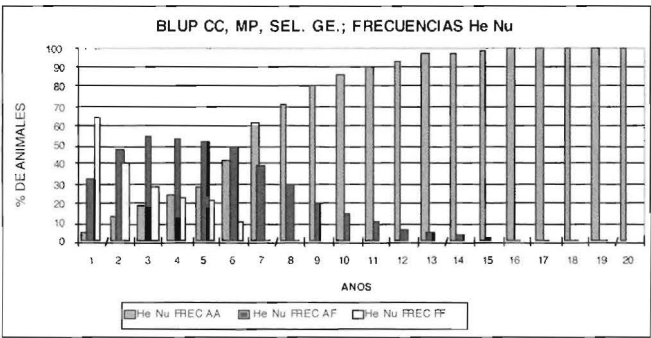


Figura 2. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la materia proteica (MP) se valora con un modelo que incorpora la información del genotipo del gen mayor (BCC) y se utiliza esta información para elegir entre los candidatos para ser puestos en testaje (SG)

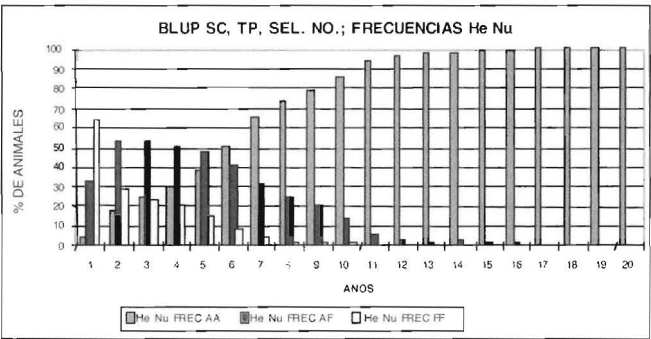


Figura 3. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la tasa de proteína (TP) se valora con un modelo que no tiene en cuenta la información del genotipo del gen mayor (BSC) y esta información no se utiliza para elegir entre los machos (SS)

Podemos concluir de acuerdo con Larzul y col., (1997) que por un lado, que cuando el efecto del gen mayor es fuerte, existe una gran variabilidad y la heredabilidad del carácter es baja, se debe utilizar la selección genotípica para los polimorfismos de la caseína α_{s1} . Por otro lado, teniendo en

cuenta el coste de análisis de todos los animales y los beneficios que se obtienen con un modelo de valoración en el que se incluye el efecto del gen mayor (lo cual exige conocer el genotipo de toda la población objeto de valoración) de momento, con los efectos del gen considerados en este traba-

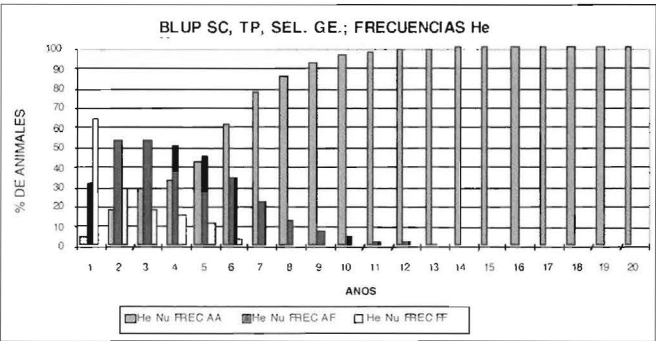


Figura 4. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la tasa de proteína (TP) se valora con un modelo que no tiene en cuenta la información del genotipo del gen mayor (BSC) y utiliza la información del genotipo de las caseínas para seleccionar los candidatos para entrar en el centro de IA (SG)

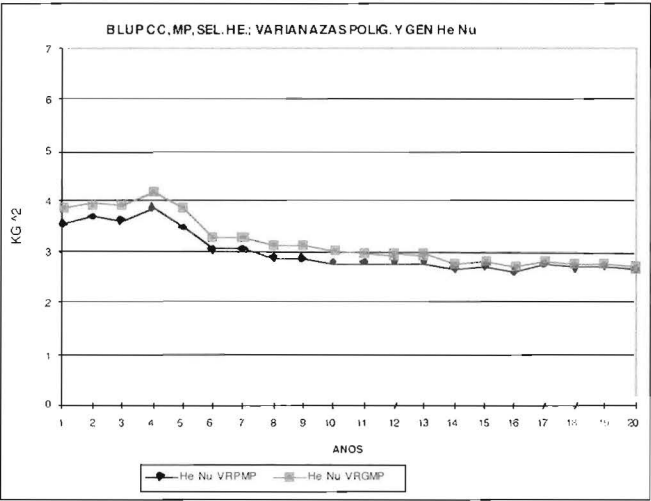


Figura 5. Evolución de las varianzas poligénicas (VRPMP) y varianzas genéticas (VRGMP) para las hembras de reposición, durante los 20 años simulados, para la simulación en la que se selecciona para materia proteica (MP), se valora con un modelo en el que se incluye el efecto del gen mayor (BCC) y utiliza la información del genotipo de las caseínas para seleccionar entre hermanos para ser puestos en testaje (SH)

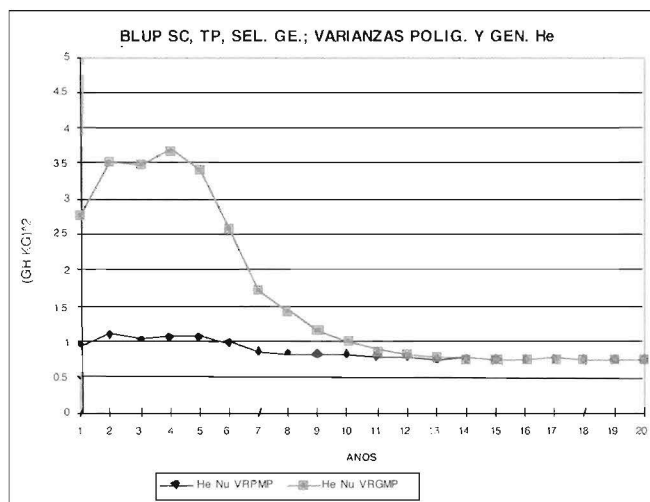


Figura 6. Evolución de las varianzas poligénicas (VRPMP) y varianzas genéticas (VRGMP) para las hembras de reposición, durante los 20 años simulados, para la simulación en la que se selecciona para la tasa de proteína (TP), se valora con un modelo en el que no se incluye el efecto del gen mayor (BSC) y utiliza la información del genotipo de las caseínas para seleccionar por éste los candidatos para ser testados (SG)

jo, no parece justificado incluir la información genotípica en el modelo de valoración.

Bibliografía

- ANALLA M., 1996. Valoración genética de reproductores y selección de ovino Segureño: Un estudio de simulación. Tesis Doctoral. ETSIAM. Universidad de Córdoba.
- ANGULO C., 1997. Análisis del efecto del genotipo de las caseínas sobre las características tecnológicas de la leche de cabra mediante la técnica NIRS. Tesis Doctoral. ETSIAM. Universidad de Córdoba.
- BARBIERI M.E., 1995. Polymorphisme de la caseine α_{s1} . Effets des genotype sur des performances zootechniques et utilisation en selection caprine-juanma. Tesis doctoral. INA Paris-Grignon, 161.
- GROSCLAUDE F., MAHÉ M.F., BRIGNON G., DI STASIO L. y JELINET R., 1987. A mendelian polymorphism underlying quantitative variations of goats α_{s1} casein. Genet. Sel. Evol. 4, 399-412.
- JURADO J.J. y IBAÑEZ V. 1989. Simulación genética en ordenador. Vol III: Teoría de la simulación genética en computador. Monografías de la ETSIA. N.º 83. Universidad Politécnica de Madrid.
- KENNEDY B.W., QUINTON M. y VAN ARENDONK J.A.M., 1992. Estimation of effects of single genes on quantitative traits. J. Anim. Sci. 70, 2000-12.
- LARZIL C., 1993. Propositions pour l'amélioration de la selection caprine: definition des nouvelles grilles de qualifications d'index combinés, prise en compte du génotype de la caséine α_{s1} . Rapport INA Paris-Grignon, 39.
- LARZIL C., MANFREDI E. y ELSEN J.M., 1995. Potential gain including major gene information in breeding value estimation. Gen. Sel. Evol. 29, 161-84.
- MANFREDI E., RICORDEAU G., BARBIERI M.E., AMIGUES Y. y BIBÉ B., 1995. Génotype caséine α_{s1} et index des boucs de testage en race Alpine et Saanen. Gen. Sel. Evol. 27, 451-8.
- SERRADILLA J.M., DIAZ E., MUÑOZ A. y ALONSO A., 1992. Variación cuantitativa y polimorfismos de las caseínas de la leche de cabra. Posibilidades de selección para aumentar el rendimiento en queso. ITEA 1, 13-22.