



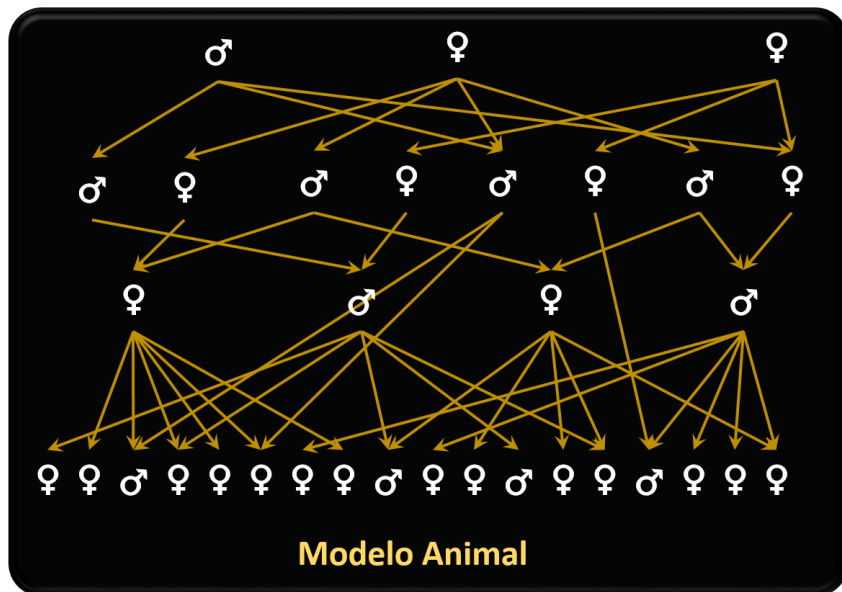
CONECTIVIDAD GENÉTICA

La **CONECTIVIDAD GENÉTICA** es una medida originada de las relaciones genealógicas entre los animales de grupos contemporáneos, los cuales integran los rebaños en evaluación. Los métodos para determinar la CONECTIVIDAD GENÉTICA deben identificar grupos contemporáneos conectados o desconectados, directa e indirectamente, así como el grado de la misma. A menor CONECTIVIDAD GENÉTICA se espera que las predicciones de *Valores Genéticos* estén sesgadas, lo que a la vez disminuye la confiabilidad de sus comparaciones.

Las evaluaciones genéticas con base en el fenotipo (Boletín Divulgativo N° 0012) tuvieron momentos clave respecto al uso de la CONECTIVIDAD. Por una parte está el **Modelo Padre** o ‘*Sire Model*’, la figura al lado muestra un esquema de su fundamento, cuya estructura familiar está conformada por la relación Padre – Hijo(a), de allí surgieron avances importantes como las “*Pruebas de Progenie*”, así como el concepto de “*Toros Probados*” se derivó de obtener exactitudes superiores al 95% en sus evaluaciones. No obstante, como se afirmó previamente, sólo se estaba utilizando la conexión Padre – Hijo(a), es decir, esa que se desprende de las familias de un mismo reproductor o padre, conocida como de medio hermanos paternos o ‘*paternal half-sibs*’, en la que mucha información genética no estaba siendo considerada, al no incluir otros ancestros, ni su información genealógica o productiva.



Dada la importancia de la CONECTIVIDAD GENÉTICA se implementó la Metodología de los *Modelos Mixtos* a través del **MODELO ANIMAL**. Una de las características que lo definen es la incorporación de la mayor cantidad de información genealógica, tanto de los animales emparentados: contemporáneos y ancestrales, proceso que se implementa con el uso de la ***Matriz de Parentescos Aditivos***, que no es otra cosa que la información genealógica de todos los animales, tanto de los que aportan información, como de aquellos de los que no se dispone, siempre y cuando se cuente con la información genealógica. En la figura siguiente se muestra



el fundamento del MODELO ANIMAL. En este esquema para la CONECTIVIDAD GENÉTICA se incluyen animales con información de ambos *progenitores*: padre y madre, lo que define animales que son hermanos completos o ‘*full-sibs*’; también varias *generaciones* de ancestros están disponibles; *líneas maternas* y *paternas*; *parientes colaterales*; entre otras relaciones genealógicas de interés son susceptibles de ser utilizadas.

Es preciso aclarar que si bien el método tiene la capacidad de utilizar toda esa información genealógica, es preciso que la misma esté disponible y le sea suministrada al Programa de Evaluación, de lo contrario el Método no representa una ventaja en sí mismo.

REBAÑO INTEGRAL: La incorporación de diversos rebaños a un *Programa de Evaluación Conjunta*, es decir la conformación de un REBAÑO INTEGRAL, es una forma de incrementar los grupos contemporáneos participantes, es en esencia una estrategia *deseable*, porque además de ampliar el contexto de comparación, puede estar incorporando la validación en otros ambientes y/o condiciones de manejo. No obstante, para que la misma represente una ganancia real en cuanto a la exactitud de la Evaluación propiamente dicha, además del incremento en la cantidad de datos para la evaluación, debe constituir un aporte a la estructura familiar del REBAÑO INTEGRAL de evaluación, es decir, que es *deseable* que los reproductores utilizados estén emparentados con aquellos de los rebaños de los otros grupos contemporáneos. De manera tal, que acá la calidad de la información viene dada por una estructura familiar mayor emparentada, cuyas relaciones genealógicas sean bien conocidas. Obviamente éste no es un requisito que se deba exigir *a priori*, a la vez de limitar la participación de nuevos rebaños previamente establecidos, de allí que se mencione como una condición *deseable*.

- ✓ **Búfalos de referencia:** Una de las estrategias que se puede utilizar para lograr incrementar la CONECTIVIDAD GENÉTICA entre rebaños participantes de un *Programa de Evaluación Conjunta*, es el uso de BÚFALOS DE REFERENCIA, nombre con el cual se define a reproductores reconocidos por su alto valor genético en las características de interés del Programa, cuyo uso ya es frecuente en otros rebaños incorporados al Rebaño Integral, lo que asegurará tanto el progreso genético, como el incremento de la Conectividad Genética.

- ✓ **Búfalos en prueba:** En todo Programa de Evaluación existirán reproductores con el *potencial* de constituirse en los reemplazos de aquellos seleccionados como generadores de las próximas generaciones. En parte, por ser descendientes de los que están actualmente en uso, como por sus valores genéticos estimados. No obstante, al no disponer de información suficiente en la descendencia, que les otorgue la confiabilidad de tales valores genéticos, siguen estando en la categoría de “*promesas genéticas*”, de manera que es recomendable su uso en la mayor cantidad de rebaños participantes, con el propósito de ir conformando esa información que se traducirá en los *requisitos de prueba* para demostrar la confiabilidad necesaria y poder considerarlo como un REPRODUCTOR PROBADO, a la vez de contribuir a la CONECTIVIDAD GENÉTICA que interesa en los rebaños participantes, un beneficio doble.

IMPLICACIONES PARA EL PRCG:

- ✦ La CONECTIVIDAD GENÉTICA es una de las causas de la insistencia en el PRCG con el tema de la identificación de los bubalinos; la identificación errónea, además de la desconexión, ha demostrado causar perjuicios mayores en la estimación de tales valores genéticos.
- ✦ Duplicidad en la denominación de un mismo reproductor: Una de las fallas que han sido observadas en los reportes, es la identificación doble de un mismo reproductor, lo cual causa que se creen conexiones inexistentes y se reduzca el número de descendientes de ese reproductor. Lo que resultará en la disminución de la exactitud de la evaluación.
- ✦ El requisito de la genealogía, es otro aspecto en el cual se insiste para la incorporación de bubalinos al archivo genealógico, dado que la ausencia de información genealógica conduce a la desconexión entre grupos contemporáneos, con el consecuente sesgo de las estimaciones de valores genéticos. Aparte de lo establecido, que son cuatro generaciones de ancestros, cuando las fuentes de información lo permiten el *Archivo Genealógico* se alimenta con la información de todos los ancestros disponibles de los reproductores.
- ✦ Desconexión de datos dentro rebaños particulares, que si están conectados. La ausencia de reportar ancestros con la falsa creencia que “~~no son importantes~~” dado que su categoría por ser la más baja, eso es de Libro Abierto o LA, no es “aportante”, lo que en primeras de cambio es cierto. No obstante, las relaciones familiares entre los animales del rebaño es de importancia genealógica, pues se traducirá en CONECTIVIDAD GENÉTICA y en la mejor conformación de una Matriz de Parentesco Aditivos más densa, que redundará en mejores estimaciones de los valores genéticos.
- ✦ Conexión de datos entre rebaños particulares, que no lo están: Debido al uso de esquemas de ID's que pueden ser comunes entre bufaleras participantes y al corresponder a bubalinos no registrados, pues se pudiera cometer el error de incluirlos como animales de referencia con la misma ID. Para evitar la situación descrita previamente, la ID Oficial de los animales sin número de registro [snr] de cada bufalera se construyen con el código único con el que provienen de la bufalera, al cual se le agrega una letra, antes o después, para diferenciarlos

de aquellos de otras bufaleras con ID similar. Nunca se utiliza en éstos animales el código del criador, pues este es únicamente para los animales registrados.

DESCONOCIDO(A): Posiblemente el bubalino con más cantidad de descendientes en el REBAÑO INTEGRAL ¿Acaso el mejor bubalino de referencia? De no tener las previsiones necesarias los bubalinos DESCONOCIDOS en las Evaluaciones Genéticas resultarán ser los “reproductores” que cuentan con la mayor cantidad de descendientes, lo que evidentemente no es cierto, al tratarse de un código de referencia y no de un animal real; pero los software de evaluación no hacen esta distinción, por lo cual es necesario codificarlos de manera especial y eliminarlos en la preparación del archivo de datos de trabajo, junto con las relaciones genéticas ficticias que se puedan haber creado con su incorporación al *Archivo Genealógico*.

La denominación **DESCONOCIDO(A)** se origina por la ausencia de la información genealógica correspondiente, la cual con toda seguridad existe, pues de alguna manera todos los bubalinos tienen las conexiones necesarias hasta relacionarlos con sus ancestros en la India o Pakistán, además de reconocer que geográficamente provienen de esa región, es un hecho científico conocido que derivaron de un ancestro común, identificado filogenéticamente.

PRUEBAS DE PATERNIDAD: La precisión requerida por los Programas de Evaluación, en consecuencia de las ventajas de la CONECTIVIDAD GENÉTICA, además de sus implicaciones comerciales y hasta legales, ha conducido a tener que asegurarse que la información genealógica reportada en los registros sea la correcta. Para eso se ha recurrido a la realización de las denominadas *Pruebas de Paternidad*, con el uso de técnicas moleculares o genómicas, a partir de una muestra de ADN extraída, por ejemplo, de las raíces del pelo de la borla, que a través de una batería estandarizada de marcadores microsatélites o SNP, es decir, del tipo STR ‘Short Tandem Repeats’ o SNP ‘Single Nucleotide Polymorphisms’ se certifica la ascendencia.

CONECTIVIDAD A OTRO NIVEL: INTERBULL, es un subcomité del ICAR o ‘International Committee for Animal Recording’ es un servicio de Información Genética con base en el modelo MACE o ‘Multiple-trait Across Country Evaluation’ que valora la CONECTIVIDAD GENÉTICA a nivel mundial, para lo que utilizan todas las relaciones genealógicas conocidas de los animales. Obviamente, la incorporación de rebaños supone el cumplimiento de los estándares de identificación establecidos por el ICAR. INTERBULL creó en 2018 **GenoEx-PSE**, un servicio para el intercambio de conjuntos estandarizados de SNP’s de animales genotipados, para facilitar las actividades de paternidad. Además de un servicio de *Acreditación de Centros de Interpretación de Datos de ADN*. Actualmente INTERBULL solo se dedica a vacunos, nos corresponde entonces iniciar las evaluaciones internacionales.

