

TENDENCIAS INTERNACIONALES DE LOS REGISTROS DE PERFORMANCE Y EVALUACIÓN DE BOVINOS DE CARNE. 2ª PARTE

Arthur Rickards*. 2010. Rev. Hereford, Bs. As., 75(650):18-24.

*Director Ejecutivo del Instituto de Investigación Agropecuaria (ABRI),
Universidad de New England.
www.produccion-animal.com.ar

Volver a: [Bovinos de carne, selección y cruzamientos](#)

En la visita que nos hiciera Arthur Rickards, Director Ejecutivo del Instituto de Investigación Agropecuaria (ABRI), Universidad de New England, para la presentación de la Evaluación Panamericana y de nuestra Evaluación, le solicitamos nos escribiera sobre el futuro de las Evaluaciones Genéticas y los nuevos conocimientos sobre cuestiones tan trascendentes como marcadores genéticos y todas aquellas otras herramientas que estarán a disposición del criador para hacer a la actividad ganadera cada vez más confiable y eficiente.

4. INCORPORACIÓN DE MARCADORES GENÉTICOS EN LAS DEPS

Cuando los hermanos Wright comenzaron a experimentar con máquinas más pesadas que el aire, hay que mencionar que a pesar de que su enfoque fue innovador, fue muy rudimentario según los estándares actuales. Pero mientras nos relajamos en el confort que ofrece un vuelo internacional A380 todos les debemos un poco a los hermanos Wright por atreverse a soñar con una nueva forma de viajar. El desarrollo de la genómica en la industria de la carne no es muy distinto a los primeros intentos de volar. Los resultados iniciales han sido desalentadores pero el ritmo de descubrimiento se está acelerando y por ello podemos esperar acceder a productos mucho mejores en un futuro cercano.

GeneSTAR® se introdujo en el año 2000 como un análisis de marcador único para marmoreo. Para el año 2006 Catapult Genetics generó un panel de 12 marcadores. Esto incluyó:

- ◆ 4 marcadores para marmoreo
- ◆ 4 marcadores para eficiencia alimentaria y
- ◆ 4 marcadores para terneza

En ese punto, varias partes interesadas acordaron trabajar en conjunto en el proyecto denominado "SmartGene for Beef" (Gen inteligente para carne bovina) a fin de determinar el efecto que tienen varios marcadores sobre el fenotipo y cómo los marcadores genéticos pueden combinarse con el fenotipo para producir DEPs asistidas por marcadores. La base de datos que se utilizó para el proyecto era importante: muestras de ADN de alrededor de 12.000 animales de los que se contaba con registros fenotípicos. Dichas muestras fueron analizadas para 12 marcadores.

Los resultados detallados se publicaron el 6 de agosto de 2008 para un seminario de la industria de engorde bovino. Pueden ser consultados en el sitio web de la CRC: www.beefcrc.com.au

Los resultados de marcadores de terneza de los bovinos Bos Indicus fueron los más prometedores. En octubre de 2008 el AGBU desarrolló una metodología que combina registros de pedigree, performance y de ADN para elaborar DEPs asistidas por marcadores para terneza que se denominó "Trial Shear Force EPDm." (DEPs de prueba de fuerza de corte).



La tabla 4.1 presenta un ejemplo de cuatro toros Brahman con DEPs de fuerza de corte.

Tabla 4.1 - DEPs de fuerza de corte más altos y más bajos (Fc kg).

	Prog Fc	Estrellas (GeneSTAR)	DEP ^{M+}	Precisión
Toro A	38	3	+1.22	84%
Toro B	18	2	+1.22	74%
Toro C	32	3	-0.74	81%
Toro D	8	4	-1.01	64%

* Cuanto mayor es la DEP de fuerza de corte, relativamente más dura será la carne.

Esta tabla transmite dos mensajes importantes:

- I) La diferencia que existe entre el Toro A (el más duro de la raza) y el Toro D es material, es decir 2,23 unidades de fuerza de corte, lo que significa que existe un gran potencial para mejorar la terneza a través de la selección.
- II) La cantidad total de estrellas no es particularmente informativa ya que no se relacionan con marcadores determinados y algunos de ellos tienen mayor efecto que otros. Por lo tanto, el Toro A y el Toro C tienen ambos tres estrellas a pesar de que se encuentran en extremos diferentes de la escala en lo que respecta a la terneza.

4.2 EL PANEL PFIZER DE 56 MARCADORES

Hacia el cierre del proyecto SmartGene para carne, en el año 2008, Pfizer Animal Genetics adquirió Catapult Genetics. A principios de 2009, Pfizer publicó un panel de 56 marcadores que cubría eficiencia alimentaria, marmoreo y terneza. Con 56 marcadores claramente se volvió impracticable continuar con el concepto de estrellas y por ello Pfizer desarrolló las Molecular Value Predictions (MVPs) (Predicciones de valor molecular), para los tres rasgos basados en resultados de marcadores. Pfizer utilizó un rango de poblaciones bovinas de Australia y Norteamérica para desarrollar la tecnología MVP. El Centro de Investigación Cooperativo de Carne Bovina (Beef CRC) que se encuentra en Armidale se encargó de evaluar el panel de 56 marcadores utilizando poblaciones de ganado de Australia. El análisis estadístico estuvo a cargo de la Unidad de Cría y Genética Animal (AGBU) y está disponible en el sitio web de la CRC: www.beefcrc.com.au. Las proporciones de variación genética resultantes de los marcadores fueron las siguientes:

Marmoreo	0 a 3,6%
Eficiencia alimentaria	0,2 a 6,2%
Terneza	1,6 a 29,9%

Esto quiere decir que el panel de 56 marcadores era mejor que el de 12, pero aún así de utilidad limitada al momento de explicar la variación que existe en el marmoreo y eficiencia alimentaria.

La publicidad inicial del panel de 56 marcadores no alertó a los usuarios de que los resultados podían variar entre razas. Pfizer está trabajando ahora en la introducción de un panel mucho más grande del cual se espera se puedan obtener mayores explicaciones respecto de la variación que el panel de 56 marcadores.

4.3 EL CRC DE CARNE

En el año 2005 los científicos de Australia reconocieron el gran potencial que tiene la genómica en la industria de la carne. Tuvieron éxito en atraer un fondo de alrededor de 120 millones de dólares australianos para el Centro de Investigación Cooperativo para Tecnología de Genética de la Carne, que la industria comúnmente se refiere como Beef CRC.

La Misión del Beef CRC es:

"Capturar los beneficios de proyectos de genoma humano y bovinos y de "Livestock Revolution" mejorando la rentabilidad, productividad, bienestar animal y utilización responsable de los recursos del negocio de la carne, australiano y mundial, a través del descubrimiento de genes de clase mundial, investigación de la expresión de los genes y adopción acelerada de las tecnologías de la industria de la carne."

Cuando se presentó el Beef CRC, prometieron que para fines de su término de 7 años, identificarían marcadores genéticos que explicarían el 50% de la variación fenotípica en un rango de características de producción. Sin embargo, a medida que la investigación avanzaba, los científicos descubrieron que cada marcador tiende a explicar solo un pequeño porcentaje de la variación.

En la revisión de mitad de término, Beef CRC cambió su meta respecto de la identificación de marcadores que explicarían "hasta el 15% de variación". Esto no disminuye el valor estratégico de la investigación realizada sin embargo, caracteriza los antecedentes de la genómica en la carne hasta la fecha.

4.4 EL FUTURO

El uso de marcadores de ADN ya está transformando la información de selección disponible para los criadores de bovinos de leche. Esto está ayudado con que el 80-90% de la industria lechera está compuesta por la misma raza (Holstein) y el uso de inseminación artificial es alto. El progreso en la industria de la carne será más lento que en la lechera porque:

- I) existen muchas razas y es poco probable que se encuentren fondos suficientes para desarrollar perfiles de ADN específicos para cada raza, mas allá de las razas principales.
- II) el uso limitado de la cría artificial limita la rápida diseminación de genes de toros padres que han demostrado en análisis de ADN ser de elite.

A pesar de esto, la genómica transformará la industria de la cría en todo el mundo y los criadores que deseen que sus cabañas estén vigentes de acá a 50 años necesitarán comprometerse tarde o temprano con el potencial que brinda la genómica.

5. MINIMIZAR EL IMPACTO DE DEFECTOS GENÉTICOS

Trabajar en la vanguardia de la cría de bovinos de carne es un desafío que no está libre de riesgos. Cuando se identifican toros de elite sobre la base de la performance existe una estampida entendible del uso de su semen. ¿Pero qué sucede si el toro es portador de un defecto genético desconocido hasta el momento?

Esto sucede con la mayoría de las razas, pero este tema ha tomado relevancia recientemente cuando se descubrió que un toro Angus muy popular era portador de un defecto genético letal, Artrogriposis Múltiple (AM), que comúnmente es denominado como "ternero enulado". Los sistemas de registros de performance actuales debieran proveer un mecanismo para calcular el riesgo de defectos genéticos conocidos en toda la población de cría. ABRI ha tratado este tema integrando completamente en el sistema de performance/pedigree del BREED PLAN, un programa avanzado de rutina denominado Geneprob, tal como se muestra a continuación:



El programa Geneprob también ha sido desarrollado por el profesor Brian Kinghorn. Utiliza análisis de marcadores genéticos y pedigrees para calcular las probabilidades de presencia de un gen (favorable o desfavorable) en cada animal de toda la base de datos de una asociación, que puede ser entre millones de animales.

Tan pronto se descubrió el análisis de marcador genético para AM, los criadores comenzaron a analizar animales clave e ingresaron los resultados de dichos análisis en la base de datos. El programa se corre semanalmente y las probabilidades se actualizan en el sitio web. Los animales con altas probabilidades de ser portadores se eli-

minarán rápidamente de la población. Esto sucederá ya sea porque los animales con altas probabilidades serán invendibles para cría o porque los criadores los analizan y solo retienen a los no portadores. Además, el mismo programa puede dar probabilidades de animales que sean portadores de alelos favorables, tales como la ternera. También se puede usar para identificar animales candidatos para análisis de ADN, es decir, animales clave que cuando se analicen mejorarían la precisión con la que se puedan calcular las probabilidades genéticas para el resto de la población de cría.

Volver a: [Bovinos de carne, selección y cruzamientos](#)