

GENÉTICA Y GENÓMICA

MVZ, MA, Esp. Cert. Arturo C. Sánchez Mejorada Porras*. 2014. Pregón Agropecuario.

*Miembro de AMVEB Laguna, Comarca Lagunera, México.

arturosanchezmejorada@msn.com

www.produccion-animal.com.ar

[Volver a: Selección y cruzamientos, bovinos en general](#)

La genómica animal es reconocida como una de las áreas de investigación que evoluciona rápidamente y en la práctica, en los bovinos lecheros es una realidad cotidiana. Trataremos de explicar en forma muy concisa lo que es y su importancia.

La selección genómica representa una mejora significativa sobre la selección tradicional por pedigrí. La predicción genómica proporciona una nueva y poderosa herramienta y una opción adicional en los programas de cría y mejoramiento del ganado lechero. Pongamos en contexto y demos algo de historia.

Desde la década de 1980 se marcó una nueva era en la genética animal, época en que la tecnología del ADN recombinante y el desarrollo del mapa del genoma del ser Humano, influyó en los genetistas de animales en todo el mundo y se empezaron a tomar pasos decisivos hacia el desarrollo de mapas de la genética de los animales domésticos.

La Identificación de localizaciones físicas de genes (“loci” y “syntenys”) y grupos de ligamiento en el ganado bovino, de cerdo y el caballo fueron algunos de los principios clave y desarrollos que proporcionaron los estímulos de investigación y sentaron las bases de los mapas de genes en el futuro. Han pasado más de treinta años desde que se dieron los primeros pasos en éste sentido, durante este período, la genómica animal ha evolucionado de una manera sin precedentes. Hoy en día, los programas de genoma están vigentes para casi todas las especies de animales domésticos. Los objetivos son simples: mejorar la producción, reproducción, resistencia a enfermedades, diagnóstico y atención de la salud entre otros. La secuenciación del genoma entero está completa o a punto de terminar para prácticamente todas las especies de animales domésticos.

La genómica animal es reconocida como una de las áreas de investigación que evoluciona rápidamente y en la práctica, en los bovinos lecheros es una realidad cotidiana. Trataremos de explicar en forma muy concisa lo que es y su importancia.

En los bovinos la estimación tradicional del mérito genético de un animal depende de la colección de datos de información de campo, de registros de producción, de clasificación por tipo, datos de fertilidad, etc. Estos resultan en evaluaciones genéticas confiables, pero a la vez resulta en un método que consume demasiado tiempo. Los padres de las vacas tienen entre cuatro y cinco años al momento en que su mérito genético tiene un 80% o más de confiabilidad y así el especialista puede recomendar al productor lechero el decidir que toro usar en su ganado. Hasta entonces solo el 10-15% de estos toros estarán disponibles como productos probados. La conjetura lógica es que estos resultados están influenciados por su ADN.

La Genómica, es el método donde la información de los valores genéticos tradicionales estimados se combina con el ADN de los animales a sus resultados fenotípicos (físicos y de producción). El ADN de toros y vacas está disperso en sus cromosomas en cada célula de su cuerpo. Los “bloques” (nucleótidos o bases) con los que se construye el ADN son de cuatro tipos y se conectan por pares (Adenina-Timina y Guanina –Citosina). En total hay cerca de 3,000 mil millones de estos bloques que construyen el ADN de un toro o de una vaca en 30 pares de cromosomas. El 99.8 % del ADN es idéntico entre bovinos de una misma raza, de modo que solo el 0.2% del ADN es diferente, y ésta es la porción que explica las diferencias genéticas que nosotros vemos en la información recogida en el campo y en los valores genéticos. La misma proporción se guarda en los seres humanos. Esto significa que hay cerca de 6 millones de pares de bases (0.2% del ADN) que causan las diferencias existentes entre toros o vacas. Estos pares de bases que causan éstas diferencias se llaman SNP’s (snips). Se analiza el ADN de un significativo grupo de animales con pruebas altamente confiables, o población de referencia.

En éste análisis se mapean aproximadamente 45,000 SNP’s .mediante poderosas herramientas estadísticas, se calcula el valor genético de cada uno, esto es estimar la relación de cada “snip” con, por ejemplo, la prueba para “% de grasa”, luego la relación de cada SNP y la “profundidad de la ubre” y así sucesivamente. De modo que para cada uno de los SNP’s se estima la relación que tiene con cada valor genético. Estas relaciones se llaman “efectos de SNP”. Algunos SNP tienen un fuerte efecto, por seguir nuestro ejemplo, con el “% de grasa”, pero tienen escaso o ningún efecto sobre otros rasgos. Cuando todos estos pequeños efectos de los SNP por rasgo son sumados se puede calcular el Valor Genómico Directo.

Se asume que los efectos de los SNP’s estimados en la población de referencia pueden ser extrapolados a otros animales de la misma raza. Esto abre la puerta para hacer la prueba de ADN a animales muy jóvenes y cal-

cular su prueba genómica usando estos efectos de SNP's. Estas asociaciones se estiman utilizando datos de los ancestros del animal, particularmente los toros con progenie probada representados en el pedigrí del animal.

Las cooperativas europeas tienen la base de Población de Referencia más amplia. Los animales clave en este proceso en los EUA han sido los toros para leche representados en el Depósito en Cooperativa de ADN Lechero (Cooperative Dairy DNA Repository, CDDR, siglas en inglés). En los últimos años un gran número de animales han sido geno-tipificados utilizando un "Chip", esta tecnología nos da la posibilidad de llevar a cabo 54,000 pruebas de marcador de ADN en forma simultánea, a un bajo costo por animal, analizando los marcadores SNP dentro de la secuencia de ADN de una vaca o un toro. La Confiabilidad de la producción genómica y de las pruebas de tipo es de aproximadamente el 70%, de modo que ésta presunción es bastante buena. Pueden ser toros de un año sin progenie o toros tresañejos que cuenten con información de facilidad para la producción de animales vivos, pero que no tienen hijas lactantes. Estos toros tienen pedigrís atractivos (porque son más jóvenes que la cosecha actual de toros probados), pero sus confiabilidades son menores, casi siempre en el rango del 60 al 80%, en lugar del típico rango del 80 al 90% que se ve en un toro probado de primera cosecha. Si bien no es perfecta, comparada con la confiabilidad de los promedios genéticos de los padres, es un paso enorme. Una confiabilidad del 70% puede ser comparada con la información obtenida de 35 hijas en producción de un toro. Por tanto ahora y debido a que las relaciones entre los marcadores SNP y los genes funcionales de importancia que observamos en los ancestros de un animal se mantienen por varias generaciones. Los animales más jóvenes pueden usarse como padres, usando éstos valores de predicción, sin haber tenido todavía una progenie, reduciendo los intervalos generacionales y aumentando la ganancia genética.

[Volver a: Selección y cruzamientos, bovinos en general](#)