

UN HITO: SECUENCIARON EL GENOMA DE LA VACA

Nora Bär. 2009. La Nación, Secc. Ciencia y Salud. Bs. As., 24.04.2009.

www.produccion-animal.com.ar

Volver a: [Bovinos en general, selección y cruzamientos](#)

LA DECODIFICACIÓN DE LAS INSTRUCCIONES GENÉTICAS DE LOS BOVINOS ABRE LA PUERTA A UNA NUEVA ERA EN LA CRÍA DE ESTE ANIMAL



Dominette, cuyo genoma fue decodificado por el grupo internacional, con un ternero (Foto: AP)

Aunque ella nunca llegará a enterarse, una vaca Hereford color miel y mirada melancólica que responde al nombre de catálogo L1 Dominette 01449 acaba de convertirse en la primera del mundo cuyo genoma fue descifrado en más del 90%.

La decodificación del genoma vacuno, que hoy anuncia en la revista *Science* un consorcio internacional integrado por 300 científicos de 25 países, el primero que se obtiene de una especie rumiante, demandó cinco años y alrededor de 53 millones de dólares, pero -anticipan- abre la puerta a una nueva era en la cría del que es, en gran parte del mundo, el más importante de los animales de consumo.

"Es un avance importantísimo -opinó Gonzalo Vidal, especialista en genética y clonación de la Sociedad Rural Argentina-. Permitirá saber cómo está organizado el ADN del modelo y de allí en más se podrán empezar a estudiar todas las aplicaciones."

"En definitiva, es una herramienta objetiva para evaluar la calidad de un animal en particular y para hacer una selección que permitirá mejorar rápidamente los rodeos", coincidió el doctor Lino Barañao, ministro de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva y uno de los "padres" de las vacas transgénicas desarrolladas en el país por BioSidus.

Hasta ahora, el mejoramiento y la diversificación de las razas logrado desde que *Bos taurus*, según su nombre científico, fue domesticada, hace alrededor de 10.000 años, se había alcanzado empíricamente, mediante la observación y la compilación de gigantescas bases de datos en las que se guardaba información detallada sobre el árbol familiar de animales elegidos. Pero según explicó uno de los autores del trabajo en un comunicado de la Universidad de Illinois en Urbana-Champaign, Harris Lewin, los expertos en genética animal ya están utilizando secuencias del genoma para seleccionar las mejores vacas lecheras y de ahora en más podrá hacerse lo mismo con el contenido de grasa y la terneza de la carne, entre otras características.

Investigadores argentinos, más escépticos, advierten que hasta que se identifique qué gen determina qué rasgo del animal pasará un largo tiempo.

Lo que ya se sabe es que las vacas tienen por lo menos 22.000 genes (alrededor de 2000 más que los seres humanos) y que su genoma incluye alrededor de tres mil millones de bases, tantas como nuestro genoma.

Según las comparaciones realizadas en el estudio, la secuencia genética de Dominette revela varias curiosidades. Por ejemplo, que los bovinos comparten con nosotros el 80% de sus genes, lo que los hace más similares a los seres humanos que el ratón y podría convertirlos en un mejor modelo de experimentación en algunos temas.

También, que tienen muchos genes duplicados, como los involucrados en el sistema inmune.

Otro dato singular que se descubrió a partir del análisis preliminar de 497 reses pertenecientes a 19 razas es que las vacas están mucho más diversificadas de lo que se pensaba.

"Estamos haciendo una reserva de los tipos superiores y para eso necesitamos el genoma -dijo Vidal-. Es la punta de lanza."

UN LOGRO QUE LA CIENCIA LOCAL PODRÁ APROVECHAR

HAY VARIOS PROYECTOS RELACIONADOS

El genoma es ni más ni menos que una lista de instrucciones para producir proteínas a través de los genes. Ahora, los científicos cuentan con una serie de "palabras" y, de aquí en más, tendrán que traducirlas"; es decir, saber qué quieren decir, qué es lo que determinan.

A medida que se entiendan, no sólo podrán utilizarse para seleccionar diferentes rasgos, sino también, eventualmente, para modificarlos.

"Por ejemplo -ilustra Gonzalo Vidal, autor del reglamento de clonación que rige en el país-, podría diseñarse un organismo genéticamente modificado para que la leche contuviera más caseína. Sin embargo, todavía hay mucha reticencia. En la Argentina no se acepta, y otros países, como los europeos, aún no se expidieron. En todo caso, si los usos de este conocimiento están bien dirigidos, bienvenidos."

Por su parte, el ministro Barañao subraya que la comparación entre genomas permitirá comprender cómo funcionan para obtener distintas características.

"Está en marcha en un campo de Rafaela un proyecto dirigido por el doctor Mario Poli, que contribuyó a la identificación de muchos genes relacionados con la producción lechera, para establecer correlaciones entre características productivas de miles de vacas. Por su parte, la doctora Verónica Becher [investigadora de la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la UBA que lidera un proyecto para detectar elementos repetitivos en el genoma] ya está en España aplicando sus algoritmos computacionales al genoma bovino. Estamos bastante bien ubicados, en la cresta de la ola..."

Volver a: [Bovinos en general, selección y cruzamientos](#)