

# LO QUE VENDRÁ: LA SELECCIÓN GENÓMICA

Dr. Rodolfo J C Cantet\*. 2009. Revista Brangus, Bs. As., 31(59):74-77.

\*Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía UBA - CONICET.

Integrante de la Comisión Técnica de la AAB.

[www.produccion-animal.com.ar](http://www.produccion-animal.com.ar)

Volver a: [Genética en general](#)

## SEPA UD. QUÉ ES LO QUE VA USAR MUY PRONTO

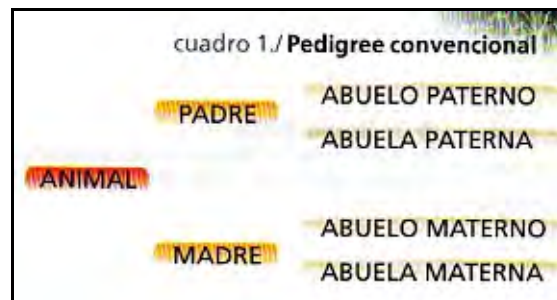
Desde hace algún tiempo los criadores vienen escuchando que el ADN y los marcadores moleculares llegaron al ganado de carne. Con los constantes cambios tecnológicos que hemos visto desde el principio de este siglo (I pods, clones, GPS, etc., etc.) difícilmente el futuro cercano puede tomarnos muy desprevenidos.

Tarde o temprano asimilaremos esos cambios y los utilizaremos en nuestra vida diaria.

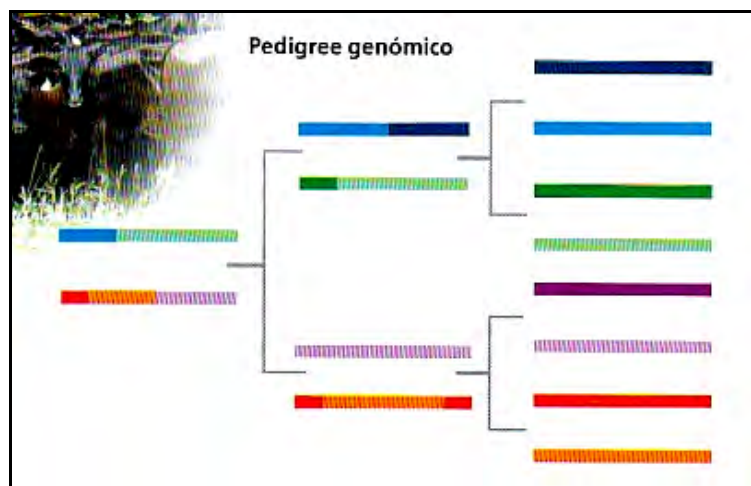
¿Porqué entonces puede sorprendernos usar la información que provee el ADN para seleccionar animales?

## ADN, GENOMA, DEPS, SEGREGACIÓN Y RECOMBINACIÓN

Lo más importante que usted vende o compra, dentro de un toro o vaca es su código hereditario, la información que le pasará a cada uno de sus hijos. Hasta ahora usted usó primero su ojo para seleccionar animales, que luego acompañó con las DEPs. Estas predicciones del mérito genético funcionan asumiendo que cada padre pasa la mitad de sus genes (o sea su ADN) a cada hijo. Por lo tanto, un individuo tiene la mitad de los genes de papá, la mitad de los de mamá, un cuarto de cada abuelo, un octavo de cada bisabuelo y así sucesivamente. Eso es lo que clásicamente informa un pedigree convencional, como en el cuadro 1.



Ahora bien, aunque cada padre pasa a sus hijos la mitad de sus genes, no necesariamente les transfiere a todos la misma mitad. Ocurre que existen dos procesos genéticos al formarse un óvulo o espermatozoide, la segregación y la recombinación, que hacen que el ADN transferido de padres a hijos sea generalmente distinto. Por medio de la segregación, el reproductor pasa sólo la mitad de sus genes en forma aleatoria, transfiriendo los que recibió de su padre o los que recibió de su madre. Durante la recombinación, el segundo proceso, el material genético del abuelo de la futura cría puede (o no) combinarse aleatoriamente con el de la abuela del ternero que se está gestando, quién recibirá entonces una mezcla de genes de ambos abuelos en proporciones iguales o distintas. Si pudiéramos ver el ADN del ternero, observaríamos lo siguiente:



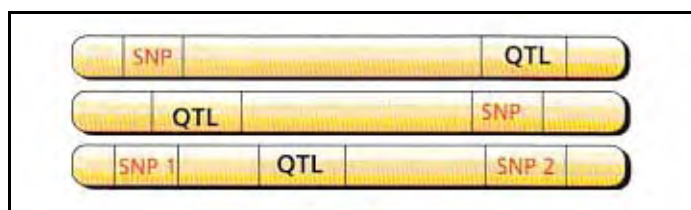
En este "pedigree genómico" (el genoma es la configuración particular de ADN de cada individuo), observamos que la generación de los abuelos (a la derecha) muestra el ADN que recibió de cada padre en un único color. El gráfico debe interpretarse refiriendo todos los parentescos al ternero de la izquierda. Este animal tiene sus dos copias de ADN tal que arriba se muestran los genes originados en su padre, y abajo el ADN que proviene de su madre. El padre del ternero, arriba en el centro, tiene sus dos copias provenientes del abuelo paterno (arriba) y la abuela paterna (debajo). El abuelo paterno tiene su ADN paterno en color azul y el materno en celeste. Su hijo, el toro padre del ternero, ha recibido una combinación de más o menos la mitad de cada abuelo. Sin embargo, por su madre ha recibido más de su abuela materna (verde oscuro). El material genético que tiene dos o más colores en el gráfico es resultado de la recombinación. Por otra parte, la vaca madre ha recibido de su padre el ADN de su abuela paterna (en color rosa) por el proceso de segregación. En consecuencia, la madre ya no tiene genes del bisabuelo (con ADN de color violeta). Nótese que en este caso no hubo recombinación dado que el ADN es de un solo color.

Si bien en promedio muchos nietos de un toro o una vaca tienen un cuarto de los genes de ese reproductor, debido a la segregación y la recombinación un nieto en particular puede tener entre nada y la mitad de los genes de dicho reproductor. Por ejemplo, nuestro ternero en el gráfico no tiene material genético de su bisabuelo con ADN de color violeta. Esta información no es tenida en cuenta en el cálculo de las DEPs donde se presume que cada animal tiene un medio del valor genético de cada padre, más un elemento aleatorio o probabilístico que se llama "residuo de segregación Mendeliano", en honor del monje austríaco que propusiera las leyes de la herencia durante el siglo XIX. Este "residuo" aleatorio es lo que hace que dos hermanos enteros no sean completamente iguales, dado que ambos tienen la mitad de papá y la mitad de mamá. Esas mitades distintas para cada hijo constituyen la incertidumbre que origina el residuo Mendeliano, y que hace que nuestras predicciones DEPs sean más o menos imprecisas. En ganado de carne sólo se puede predecir el residuo mendeliano cuando se cuenta con el dato propio del animal y, sobre todo, cuando existen datos de los hijos. Por lo tanto, como bien nos indica la precisión de las DEPs, a mayor número de hijos más precisa es la predicción del mérito genético del toro, porque logramos descifrar mejor lo más difícil de predecir: el residuo Mendeliano; lo que diferencia a un ternero de cada uno de sus hermanos completos. Y es en ese punto que la tecnología de los marcadores del ADN nos puede dar una mano para la selección: en predecir el residuo Mendeliano sin que el animal tenga hijos, ni siquiera datos propios.

## SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES Y QTLS

Hasta el momento los criadores de hacienda de carne cuentan con "pruebas genéticas" de ADN, ofrecidos por empresas comerciales, que les "marcan" algunos genes asociados con la terneza de la carne. ¿Qué "marcan" específicamente los "marcadores" de ADN? Cualquier carácter económicamente importante, la terneza de la carne, el peso al nacer, la circunferencia escrotal, el área del ojo del bife, por citar algunos, están gobernados o afectados por una gran cantidad de genes, muchos de ellos con un efecto pequeño sobre el carácter. Las DEPs predicen la mitad del valor de cría del animal, sin mirar en particular a algunos de esos genes sino a todos en conjunto.

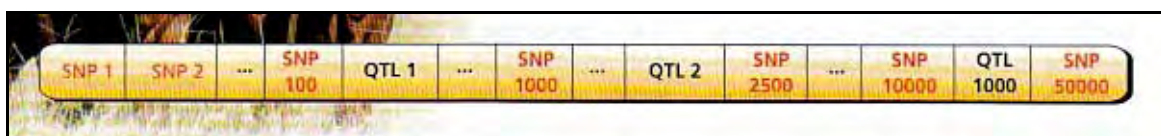
El ADN de cualquier animal está constituido en 30 unidades mayores, llamadas cromosomas que vienen en pares: uno porta el ADN paterno y el otro es recibido de la madre. A su vez, cada cromosoma está constituido por unidades químicas llamadas bases. El genoma bovino tiene 35.000.000.000 pares de bases. Sí, leyó bien: treinta y cinco mil millones! En muchas de esas bases todos los animales Brangus son iguales: no hay diferencias. Pero cada 60.000 a 100.000 pares de bases, aparece una que puede ser distinta en diferentes animales. Técnicamente se lo llama un "polimorfismo": un par de bases en el genoma donde existen diferencias en los animales de una raza. Entonces, ese "polimorfismo de un solo par de bases" (abreviado como SNP, por sus siglas en inglés, se pronuncia "Snip") se constituye en un "marcador", porque marca una diferencia genética entre animales. En tanto que los genes que gobiernan los caracteres económicamente importantes pueden estar constituidos por mil a cinco mil pares de bases y son denominados QTLs, siglas en inglés que indican al "lugar en el genoma donde se halla uno de los genes que afectan a un carácter". El problema es que no sabemos donde están ni cuántos son los QTLs que afectan la terneza o cualquier carácter en particular!!!! Por lo tanto, se realizaron muchos experimentos donde se buscaba la existencia de una asociación entre un SNP o marcador (en posición conocida) con un QTL (en posición desconocida): ¿a la derecha o a la izquierda de un marcador?, ¿en medio de dos marcadores?, tal como se los representa en los esquemas siguientes.



La "selección asistida por marcadores", que usted puede realizar con la información que les provee la prueba del ADN de una empresa comercial, consiste en elegir reproductores evaluados mediante marcadores de ADN. Esta prueba indica si un toro o vaca poseen los marcadores asociados con la variante del QTL que aumenta la terneza, o con la variante que disminuye el carácter. ¿Cuál es el problema con este tipo de selección? Para empezar, usted puede seleccionar por uno o pocos QTLs y, como mencionamos más arriba, cualquier carácter está afectado por muchos genes. Por lo tanto, usted estará trabajando con una pequeña fracción del determinismo genético de terneza, o peso al nacer, o circunferencia escrotal, etc., etc.: su selección no será tan efectiva como lo es con las DEPs. Además, puede ocurrir que aparezca alguna recombinación entre el marcador y el QTL para algunos hijos del toro "marcado", con lo cual a pesar de tener el marcador, no necesariamente tendrán la variante "buena" del QTL. Por estas razones, la selección asistida por marcadores difícilmente tenga un rol importante en el mejoramiento de animales de carne, sin embargo el aprovechamiento del ADN vendrá de la mano de otra forma de selección!

## SELECCIÓN GENÓMICA

Como encontrar y usar algunos QTLs es problemático y no muy efectivo, a un investigador holandés se le ocurrió lo siguiente. Suponga que disponemos de muchos SNPs distribuidos en forma más o menos pareja a lo largo del genoma. Algo más o menos así:



Entonces, uno podría marcar (arrimarse) a la gran mayoría de los QTLs que gobiernan un carácter, sin necesidad de saber donde están ni cuantos son! Actualmente, por unos 250 dólares por animal, una empresa estadounidense llamada Illumina provee información sobre 50.000 SNPs del bovino. La selección genómica se ha realizado en razas lecheras del siguiente modo. A un grupo de toros evaluados con muchas hijas se les obtuvo su ADN, que se envió a Illumina y se determinaron los valores de los 50.000 SNPs para cada toro. Esta información fue utilizada por la unidad de evaluación genética del ARS-USDA (o sea el INTA estadounidense) para calcular una ecuación de predicción de los efectos cercanos a cada SNP empleando las DEPs de los distintos caracteres evaluados. Para otro grupo de toros sin hijas en producción pero con prueba de ADN e información de los 50.000 SNPs, se aplica la ecuación de predicción y se les calculan sus "valores de cría genómicos" o MBVs. La exactitud o precisión de este tipo de selección se determina evaluando luego el valor observado en las hijas y correlacionándolo con los MBVs. De este modo se han observado precisiones muy superiores a las que se producen cuando no hay información para predecir el residuo Mendeliano del animal: su dato propio, o los registros de sus hijos. En toros lecheros el impacto de esta selección es muy importante porque permite seleccionar un ternero recién nacido con la exactitud de una prueba de progenie con 5 a 25 hijas, dependiendo del carácter. Imagínese todo el tiempo que se gana al no tener que esperar que el ternero llegue a toro, produzca semen, tenga hijas que lleguen y completen su primer lactancia, y estos datos sean procesados! Esto además se traduce en un gran ahorro de dinero para los centros de inseminación artificial dado que no necesitan mantener toros en prueba tantos años para luego descartarlos. Hoy los MBVs son publicados en los sumarios de padres. Es importante observar que en la medida que el toro tiene más hijas evaluadas, la exactitud de la DEP clásica se va haciendo superior a la del MBV, dado que hay cada vez más información para predecir el residuo Mendeliano. Por eso la selección genómica es útil para evaluar caracteres costosos de medir, pero es particularmente importante cuando se evalúan características que se miden tardíamente en la vida del animal, como por ejemplo la terneza, donde se requiere sacrificar hijos novillos del reproductor.

Si bien la selección genómica está en la etapa experimental en ganado de carne, su utilización es cuestión de tiempo, y también de dinero. Asimismo, es importante hacer notar que la selección genómica requiere de las DEPs para realizarse, en consecuencia son tecnologías complementarias. El uso de la información de 50.000 SNPs requiere unificar esfuerzos: criadores, centros de inseminación, asociaciones de criadores, instituciones académicas o tecnológicas que puedan procesar la información. Su aplicación permitirá acelerar los procesos de selección. Y eso está a la vuelta de la esquina mañana!

[Volver a: Genética en general](#)