

Selección Genómica: Una Explicación Práctica

*por el Dr. Kent Weigel, Profesor Asociado y Especialista en
Extensión Genética, Universidad de Wisconsin-Madison*

Desde diciembre del 2007 alrededor de 15.000 toros lecheros de América del Norte tienen su genotipo, usando la tecnología desarrollada por una asociación integrada por Illumina Inc., el Servicio de Investigación Agrícola del Departamento de Agricultura de Estados Unidos, NAAB (Asociación Nacional de Criadores de Animales), Merial, e investigadores de varias universidades e institutos.

Un Cambio muy Importante

El cambio mayor que presenta esta tecnología es la habilidad de conducir 54.000 análisis de marcadores ADN en forma simultánea, con un costo moderado. Estos marcadores de poliformismo nucleótido simple (SNP) que representan cambios en la base individual (A, T, C o G) dentro de la secuencia del ADN, pueden obtener su genotipo de modo mucho más eficiente que con los marcadores microsatélite usados en el pasado, que requieren una labor muy intensiva (uno por vez).

El segundo cambio que hace que la selección genómica sea posible es el descubrimiento reciente de que, una vez que un gran número de marcadores genéticos más o menos espaciados (p.ej., por lo menos 30.000) se encuentran disponibles para un animal determinado, puede estimarse el valor genético de ese animal basado en asociaciones entre los genotipos de esos marcadores y el rendimiento en leche, puntajes de células somáticas, vida productiva, tasa de preñez de las hijas, y otros rasgos importantes.

Estas asociaciones se estiman usando datos de los ancestros de los animales, en particular los toros con pruebas de progenie representados en el pedigrí del animal. Los animales clave en este proceso han sido los toros lecheros representados en el Repositorio de ADN de Cooperativas Lecheras (CDDR), que fue formado hace casi 15 años, cuando las empresas de inseminación artificial comenzaron a guardar muestras de semen de cada todo joven que entraba a sus programas de pruebas de progenie, con el propósito de realizar investigaciones en el futuro.

Una Explicación Simple

Aunque parezca misteriosa, la selección genómica es realmente bastante simple. Todo lo que sabíamos acerca del potencial genético de un toro joven en el pasado era el promedio de su padre y madre (PA), que era sencillamente el promedio de las habilidades trasmisoras (PTA) de sus padres, y no teníamos manera de determinar si este animal joven tenía una muestra de genes que fuera mejor o peor que el promedio de sus padres. No teníamos opción tampoco, sino esperar dos años hasta que pudiéramos medir su desempeño propio, en el caso de hembras, o esperar cinco años hasta poder medir el desempeño de su progenie, en el caso de machos.

Ahora, ya que las relaciones entre los marcadores SNP y los importantes genes funcionales que observamos en los ancestros de un animal se mantienen por varias generaciones (antes que la re-combinación destruya estos enlaces genéticos), podemos finalmente darle una mirada a la bola de cristal, y ver qué nos deparará el futuro para un animal joven determinado.

Investigaciones recientemente realizadas muestran que, para un toro joven y una vaquilla Holstein, podemos combinar el PA del animal con la información

genómica para tener un “PTA Genómico” con una confianza del 60 al 70%. Esto es muchísimo mejor que la confianza de su PA, que es típicamente sólo del 30 al 40%. Para una ternera, la confianza de su PTA genómico es equivalente al que se tendría al medir datos de varias lactancias del animal y de sus hijas. Y para una vaca joven, la información puede combinarse con sus propios datos de lactancia para obtener una estimación significativamente más exacta de su mérito genético. Para un ternero macho, la confianza de su PTA genómico es equivalente al que se obtendría midiendo el desempeño de cerca de una docena de hijas. Debido a esto, una vez que este toro completa sus pruebas de progenie y tiene datos del desempeño de 80 a 100 hijas, la información genómica pierde un poco su valor.

¿Qué puede esperar la Industria?

¿Qué significa esto para la industria lechera? Del lado del macho, casi todos los toros jóvenes que entran a un centro de I.A. de América del Norte son analizados genómicamente ahora, y muchas madres potenciales son analizadas también. Esto generará una tasa mucho mayor de éxito en las pruebas de progenie del futuro, ya que sabemos antes de la entrada al centro de I.A. que cada toro joven ha recibido una buena muestra de genes de sus padres. A través del tiempo los centros de inseminación comenzarán a comercializar semen de toros jóvenes individuales, o “equipos” de toros jóvenes que tienen PTAs genómicas, pero no hijas propias.

Estos toros con “análisis genómicos” tenderán a reemplazar a los toros probados más viejos, que estaban al final del grupo de toros activos, y algunos toros jóvenes con PTAs genómicas realmente destacables serán usados en contratos de apareamiento. A la larga, cuando los centros de I.A. y los productores se sientan más cómodos con esta tecnología, podríamos ver una declinación en las pruebas de progenie, dado que su propósito es básicamente el mismo que el del BeadChip - ver qué toros jóvenes tuvieron las mejores muestras de genes de sus padres. En las vacas, el análisis de ADN de las madres potenciales de toros ya se está transformando en la norma, y el análisis de crías o vaquillas potencialmente valiosas en ventas de consignación puede volverse común pronto también. En el caso de transferencia de embriones, ya sea para producir un ternero macho para I.A. o una ternera para exportación o venta en consignación, la primera elección del “flushing” acaba de volverse mucho más valiosa.

Aplicaciones en la Industria

Como podría esperarse, estos hechos recientes han originado una explosión en las investigaciones de la genómica lechera. Muchas herramientas nuevas y útiles, algunas de las cuales ni siquiera pueden imaginarse todavía, serán desarrolladas en la próxima década basadas en la tecnología relacionada con la genómica. Un tema de gran interés es el desarrollo de sistemas de bajo costo que puedan ser utilizados para obtener el genotipo de gran cantidad de animales (por ejemplo, de vaquillas de reemplazo) en las fincas comerciales. Un producto así puede además ser empleado para la revisión de familias de pedigrís “cruzados”, diferentes, para encontrar machos o hembras “elite” que puedan ofrecer contribuciones únicas a la raza.

Otro tema de interés es el desarrollo de programas de apareamiento basados en los resultados de los análisis de ADN, en lugar de los pedigrís o los datos de conformación. Y por último, debe enfatizarse que, a esta altura, los resultados de otras razas lecheras aparte de la Holstein no han sido tan promisorios. Las ganancias en nivel de confianza en Jersey han sido alrededor de la mitad de las ganancias que se han observado en la raza Holstein, y las ganancias en la confianza de la raza Pardo Suiza han sido casi insignificantes. Pero este desempeño tan pobre puede deberse más que nada al número reducido de animales de estas razas (por ejemplo, no hay muchos toros con pruebas de progenie disponibles, que permitan estimar las asociaciones entre los marcadores de SNP y los rasgos más importantes), y los esfuerzos ya están encaminados para combinar la información de los toros de América del Norte con la de poblaciones clave de ganado a nivel internacional.