

Un nuevo método aumenta la eficiencia en la selección de ganado

Una colaboración entre científicos brasileños y estadounidenses de la Universidade Estadual Paulista (Unesp) (Brasil),

la Universidad de Maryland y del Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA) dio como resultado el desarrollo de un método que añade un nuevo parámetro a la selección y la preservación de la variabilidad genética en una población de ganado.

Dicho estudio, publicado en el Journal of Dairy Science, contó con financiación de la Fundación de Apoyo a la Investigación Científica del Estado de São Paulo – FAPESP y del USDA.

Aparte del valor genético, asociado al potencial de un ejemplar de producir leche, grasa y proteínas, entre otros elementos, este nuevo abordaje tiene en cuenta también la llamada varianza de la diversidad gamética. Con este nuevo parámetro se determina la capacidad de un ejemplar para transmitirles sus características a las próximas generaciones.

“No todos los descendientes de los animales altamente productivos heredan esta cualidad. Con este nuevo método, logramos seleccionar a aquéllos que darán origen a descendientes sumamente productivos”, dijo Daniel Jordan de Abreu Santos, quien realizó este estudio durante su posdoctorado en la Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias de la Universidade Estadual Paulista (FCAV-Unesp), en la localidad de Jaboticabal (en el estado de São Paulo, Brasil).

En la actualidad, De Abreu Santos lleva adelante un segundo

posdoctorado en la Universidad de Maryland, en Estados Unidos, donde ya había cursado una pasantía de investigación con beca de la FAPESP.

“La varianza de la diversidad gamética se genera mediante la separación de los cromosomas homólogos y a través de la tasa de recombinación entre genes ligados a ellos. Hasta ahora, no se la tenía en cuenta en el método de selección tradicional”, declaró De Abreu Santos.



Ganado vacuno. (Foto: CallyL/Pixabay)

Con el nuevo método, se estiman las probabilidades de transmisión de ciertas características a las próximas generaciones con base en los datos genéticos de un reproductor o de las combinaciones posibles en un determinado apareamiento.

Pese a haber sido desarrollado para la selección de cualquier especie, en el estudio esta tecnología se aplicó con ganado lechero de las razas jersey y holstein (holandesa), debido al volumen y a la calidad de los datos disponibles.

En simulaciones computacionales, el método generó un mejoramiento del 16% en un hato de raza holstein en el transcurso de 10 generaciones, en comparación con otro que no tuvo en cuenta la diversidad gamética.

Este trabajo fue posible porque actualmente los cruzamientos pueden simularse partiendo de grandes bancos de datos genómicos. Estos suministran información minuciosa sobre la genética de los animales, tal como en lo atinente a ciertos genes relacionados con determinadas características que se desean alcanzar mediante programas de mejoramiento.

Esta información permite estimar las posibles combinaciones del material genético del padre y de la madre y prever cómo

será la prole. Sin embargo, la distribución de dichas características entre los descendientes no resulta homogénea.

Animales con características de interés pueden generar tanto descendientes con valores tanto muy altos como muy bajos de esos mismos rasgos.

Por eso, la previsión de cómo serán los descendientes constituye tan sólo un término medio de las características del padre y de la madre, tales como la producción de leche, la de carne o la de grasa. Hasta ahora no era posible estimar la enorme variación en torno a esa cifra promedio.

“Pero ahora sí se puede prever antes del apareamiento cuáles animales generarán más crías altamente productivas, por encima del promedio esperado. La diversidad gamética suministra ese valor, pues determina la capacidad de los animales para transmitir sus características a la prole”, dijo De Abreu Santos.

Para aplicar su teoría en un programa de mejoramiento real, De Abreu Santos utilizó el banco de datos del Agricultural Research Service, el brazo de investigaciones del USDA.

Se utilizaron más de 150 mil datos moleculares de ganado jersey y alrededor de un millón y medio de holstein, la raza más utilizada para producción de leche en el mundo y que compone el 90% del hato lechero de Estados Unidos.

Un software que los investigadores desarrollaron calculó la variación de todas las combinaciones posibles entre los cromosomas y permitió separar a los ejemplares que tenían mayor y menor variación gamética.

“Con base en estas variaciones, es posible seleccionar a los animales específicamente para determinados propósitos. Se pueden escoger animales que tendrán progenies (descendientes) más homogéneas, que son interesantes para la selección de características como el peso al momento del nacimiento, o

aquéllos que tendrán descendientes más heterogéneos, y que por tal motivo exhiben la posibilidad de que una parte de su prole sea más productiva que el promedio esperable”, dijo.

Más que asegurar que una generación sea tan productiva como la anterior, este nuevo parámetro permite obtener grandes mejoras genéticas en el futuro, en la medida en que se da origen a nuevas generaciones partiendo de un mismo reproductor.

Los investigadores también verificaron el posible impacto de esta metodología en los hatos reales de las razas lecheras. La coincidencia entre la variación estimada según los datos genómicos y la observable entre las hijas adultas de reproductores llegó al 90% cuando el animal tuvo más de 400 descendientes.

“Ésta es una demanda científica de punta, y tardará algún tiempo hasta que llegue a Brasil. No obstante, tiene reflejos acá, pues importamos mucho material genético proveniente del ganado holandés de Estados Unidos para realizar cruzamientos. Gran parte de la base genética de la raza holstein en Brasil es de semen producido allá”, dijo Humberto Tonhati, docente de la FCAV-Unesp, quien supervisó el estudio en Brasil.

Este nuevo parámetro ayuda también a disminuir el impacto de la selección sobre la merma de la diversidad genética de las poblaciones. Los animales de producción, tal como es el caso del ganado vacuno, suelen tener una baja variabilidad genética debido a su alto grado de parentesco.

“Es otra forma de ayudar a mantener la variabilidad genética. Algunos ejemplares a los que se considera mejores aplicando el método tradicional son sumamente endogámicos (provenientes de apareamientos entre especímenes emparentados). Sin embargo, al considerar este nuevo parámetro, pueden que no se los clasifique más entre los mejores”, dijo De Abreu Santos. Fuente: AGENCIA FAPESP/DICYT.