



DIVULGACIÓN OCLA

¿Qué es una evaluación genética y cuánto cambió con la genómica?

Equipo de Genética Lechera

e-mail: equipo.genetica.lechera@vet.unicen.edu.ar

Desde que el ser humano cría animales con fines productivos, ha seleccionado reproductores que consideró superiores. Se basó en observaciones de los desempeños productivos propios, pero también de los descendientes. Esto último por entender que esta superioridad es, de alguna manera, transmitida a la descendencia. Esta sería la primera forma de evaluación genética. En lechería la incorporación, a lo largo de la historia, de los controles lecheros permitió ordenar la información relativa a las hembras. Para seleccionar los toros, la dificultad radica en que estos no expresan los genes para producción de leche. Esto motivó el comienzo de las pruebas de progenie, que utilizan la información de las hijas, lo que permite diferenciar entre padres superiores e inferiores.

El fenotipo es el resultado de la expresión de la genética, del ambiente y sus interacciones. Por ejemplo, litros de leche, contenido de proteína, presencia/ausencia de preñez, presencia/ausencia de enfermedades. Los investigadores tratan de explicar las diferencias fenotípicas entre los individuos separando estos componentes. Así, la estadística aplicada y la genética cuantitativa aportaron herramientas para el desarrollo de los primeros modelos de la expresión fenotípica y evaluación genética.

En la medida que la teoría de la genética cuantitativa avanzó, se estableció el concepto de relación de parentesco: individuos que comparten variantes génicas —por ser descendientes de ancestros comunes— tienen fenotipos similares. Este es el punto clave que hay que comprender para entender las evaluaciones genéticas.

En un inicio no había información molecular para determinar qué variantes génicas de sus padres recibe la progenie. Por tal motivo, se empleó la teoría de probabilidades y se desarrollaron metodologías para medir el parentesco, donde se asignan valores promedios. Es decir, que los parentescos no son reales, sino lo que se espera en promedio. En otras palabras, los hijos reciben de su padre el 50% de los genes, pero debido a la segregación mendeliana, no podemos saber cuáles. Entonces, se asume que cada uno recibe el 50% promedio del valor genético del padre. Con esto, todos los hijos de un mismo toro —apareado con madres promedio de la población— son potencialmente iguales hasta no contar con información de las producciones lecheras. Esto es lo que se asume tanto en las hembras como en los toritos aventura. Para identificar a los superiores se necesitan las pruebas de progenie en tambos comerciales.

El desarrollo de técnicas de genética molecular permitió cambiar el concepto de relación de parentesco promedio, a partir de la posibilidad de generar información molecular en mayor cantidad y de manera más rápida. Con esto, se diseñaron diferentes estrategias de selección. Una de ellas, la selección genómica, que fue anterior al



desarrollo de la técnica molecular que actualmente permite su aplicación. Los marcadores moleculares para variaciones puntuales de ácidos nucleicos, los llamados SNP por su sigla en inglés, permitieron un gran salto de precisión y respuesta a la selección con la aplicación de la selección genómica. A su vez, se generó un cambio de paradigma, pues del parentesco estimado con probabilidades promedio se pasó al parentesco basado en marcadores moleculares. Esto permite medir el parentesco con marcadores compartidos efectivamente entre parientes. Se pasó así de un modelo de mayor incertidumbre a otro con menor incertidumbre.

Esta reducción en la incertidumbre genera mayor precisión, pero necesita contar con información fenotípica en gran cantidad. Esto es lo que asegura evaluaciones genéticas correctas y retroalimentar las mismas para no perder precisión con el paso del tiempo. Además, es indispensable considerar el rango ambiental en el cual se encuentra la población de referencia que genera la información para la evaluación.

Tener una evaluación genómica no significa que conocemos el valor de los genes que hacen a la expresión fenotípica de la producción lechera. Significa que tenemos identificados, con muy buena precisión, segmentos del genoma relacionados con la variación de la expresión fenotípica dentro de un rango ambiental determinado.

Por otro lado, una vaca sin información fenotípica propia puede presentar una evaluación genética muy precisa si tiene un alto grado de parentesco con la población de referencia. Además, si esa vaca produce en un ambiente similar al que se utilizó para evaluar a la población de referencia, podrá expresar su potencial genético. O sea, el fenotipo predicho será similar al realizado. Pero la precisión se irá perdiendo en la medida que el parentesco con la población de referencia disminuya y/o el ambiente se aleje del rango ambiental donde se desempeñó la población de referencia. Esto es así porque la expresión fenotípica sigue siendo el producto de la interacción entre el genotipo y el ambiente. Este no es un problema nuevo, ya que, en las evaluaciones sin información genómica estaba implícito.

El conflicto de la interacción genotipo ambiente y la necesidad de considerarla para mejorar las predicciones dentro de una población con amplio rango ambiental fue tema de investigación desde el origen de la mejora genética. Con lo cual, la recomendación es siempre la misma: tener evaluaciones nacionales con ajustes regionales para evitar los conflictos en la interacción (que generan incertidumbre), más aún cuando la evaluación se realiza en sistemas productivos diferentes.

Todos sabemos que un dólar es un dólar en cualquier país, pero no compra lo mismo en cualquier lado. Lo mismo ocurre con las evaluaciones genómicas: no son constantes universales como el número pi o la constante de Avogadro. Son estimaciones realizadas en un sistema de producción particular; en ese contexto resultan muy precisas, pero su exactitud disminuye a medida que aumenta la distancia genético-ambiental. Entender esto nos permite evitar la selección adversa.

Equipo de Genética Lechera: Raschia A., Vera M., Rubio N., Tejedo M.E., Maizon D.O., Pardo A., Corva P. y Casanova D.