



Fotografía cortesía: Agroindustrial Las Américas

Conceptos de *genética* y *genómica* que se deben tener en cuenta a la hora de seleccionar *toros*

Humberto Guáqueta Munar. M.V. PhD. Ciencias & Salud Animal.
Universidad Nacional de Colombia

En numerosas ocasiones, durante las conversaciones con ganaderos, colegas y estudiantes acerca del interesante tema de la selección de los toros que harán parte del programa de mejoramiento genético en una

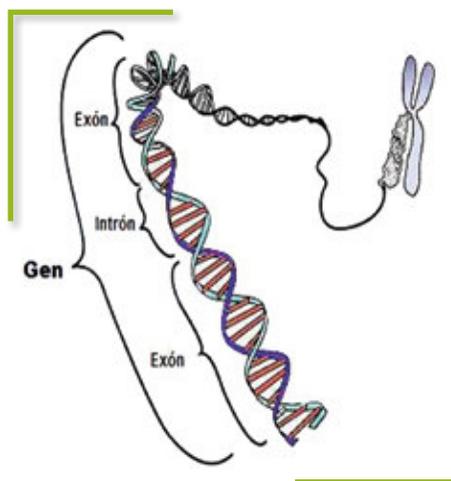
ganadería surgen interrogantes básicos acerca de la terminología utilizada en los catálogos de inseminación artificial y páginas relacionadas; por lo cual es importante conocerlos y entender claramente cuál es la información

que nos suministra cada uno de ellos y cómo la podemos aplicar en los programas de apareamiento dirigido a nivel de finca.

La genética es la rama de la biología que se encarga de estudiar las

características o rasgos que se transmiten de padres a hijos, por lo que se conocen como hereditarios. Al interior de cada una de las células de un organismo, el contenido nuclear contiene unas estructuras denominadas cromosomas, los cuales están compuestos por secuencias muy largas de cadenas de pares de bases (*adenina – citosina – guanina – timina*) enlazadas con un azúcar en el centro (*desoxirribosa*) conocidas como el ADN (*ácido desoxirribonucleico*) conformado por millones de pares de bases ordenadas a manera de escalera de caracol que interactúan para mantener su arquitectura; existen unas secuencias de pares de bases o unidades moleculares de la herencia genética que se conocen como los genes, encargados de codificar cada uno de los rasgos de un individuo. Cada uno de los genes están ubicados dentro de los cromosomas en unas posiciones determinadas y específicas que se conocen como “locus” y el estudio de todas estas estructuras es lo que se conoce como genómica.

Desde hace muchos años la ciencia ha mostrado interés particular en “desenrollar” esas cadenas de pares de bases para establecer la secuencia completa de las mismas en cada especie, lo que se conoce como el “genoma” o el mapa genómico del individuo y así saber en qué posición se encuentran los segmentos que codifican cada característica.



Haplotipos, genes recesivos y principales códigos genéticos

A continuación, se presenta una traducción y adaptación de un artículo encontrado en la página del NBDC (*National Bovine Data Centre, del Reino Unido*), que los lectores pueden consultar en su versión original en: www.ndbc.uk. Es una página diseñada para ayudar a explicar los códigos genéticos actuales que aparecen después de los nombres de los animales de razas lecheras registrados en pedigríes, hojas informativas web, catálogos de IA, boletines genéticos y listas principales.

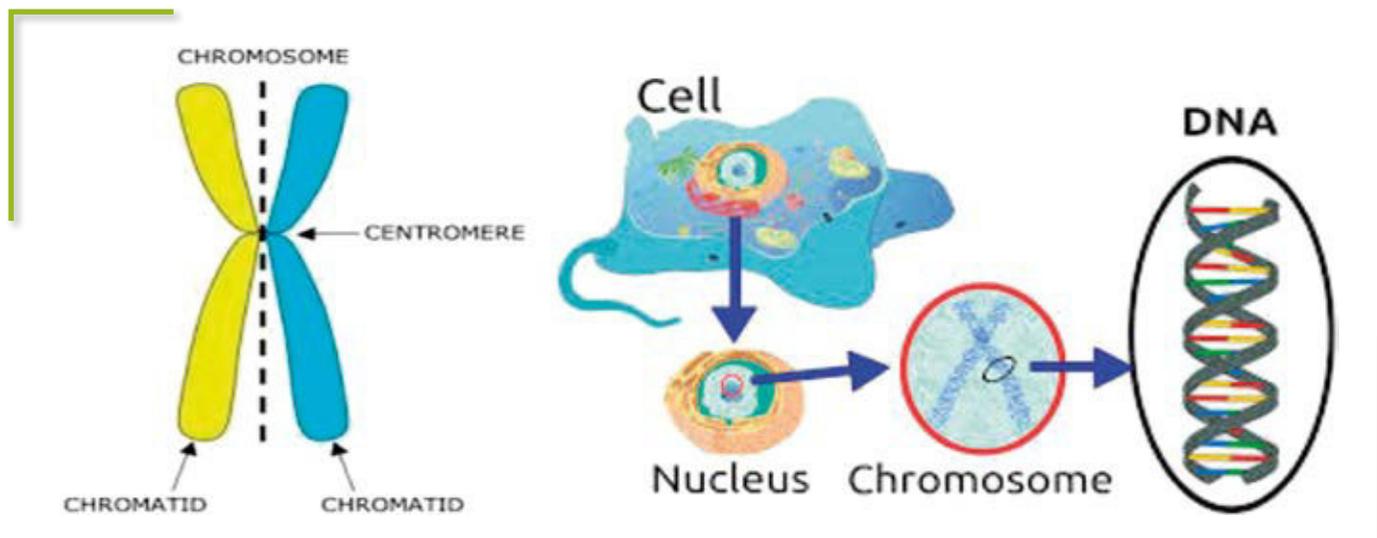
Las siguientes figuras pueden ayudar a visualizar la localización de estos componentes genéticos; seguidas por algunas definiciones de los términos más comunes que se utilizarán en la descripción y explicación de los códigos genéticos de los bovinos que se mencionarán más adelante.

Cromosoma: Es una gran unidad de ADN que contiene muchos genes y cada cromosoma está formado por un par de cromátidas. Los bovinos presentan un número de 60 cromosomas en total ($2n=60$) que se encuentran en la mayoría de las células del cuerpo, a excepción de los espermatozoides y óvulos, en las cuales las cromátidas existen como entidades únicas no apareadas ($n=30$). Por lo tanto, un animal hereda la mitad de cada cromosoma y, por lo tanto, una copia de cada gen de cada padre.

Gen: Es una secuencia de ADN que codifica (*es decir, es el manual de instrucciones*) para un aminoácido en particular; los aminoácidos son los componentes básicos de las proteínas. Cada animal tiene dos copias de cada gen (*que pueden variar en su presentación*).

Alelo: Es una forma o versión de un gen. Un animal puede tener el mismo alelo en ambos cromosomas (*homocigotos*) o diferentes alelos (*heterocigotos*). Los genes pueden tener múltiples alelos, como el gen MCR1 responsable de algunas de las variaciones de color del pelaje rojo, sin embargo, el 2 es el más común. Un animal solo puede heredar un alelo de cada padre.

Alelo recesivo: Es aquel que solo tiene efecto cuando un animal hereda esta versión del gen de cada padre. Un alelo dominante afecta a un animal cuando se heredan una o dos versiones. La mayoría de los alelos dañinos son recesivos.



SNP (*Single Nucleotide Polymorphism* o *Polimorfismo de Nucleótido Simple*): es una unidad única de ADN que varía entre animales dentro de la misma raza o especie. Un SNP puede estar ubicado dentro de un gen o en una región entre genes en un cromosoma. Los SNP son los marcadores utilizados para genotipificar animales en todos los programas establecidos para la selección genómica.

Haplotipo: Es un grupo de SNP o alelos ubicados cerca uno del otro en el cromosoma, que generalmente se heredan juntos. A través de los años la ciencia ha logrado encontrar y demostrar la presencia de varios haplotipos que pueden llegar a afectar significativamente la producción y/o reproducción en las principales razas de lechería especializada, diversas investigaciones han reportado la presencia de haplotipos asociados con disminución en las tasas de desempeño reproductivo, principalmente en lo que tiene que ver con mortalidad embrionaria y abortos tempranos.

Hasta el momento se conocen seis haplotipos defectuosos, identificados mediante pruebas genómicas, con impacto negativo en la fertilidad en la raza Holstein, que son HH1, HH2, HH3, HH4, HH5 y HH6. De manera similar, el haplotipo JH1 se informa en la raza Jersey, así como BH2 en Brown Swiss y AH1 y AH2 en Ayrshire.

Se desconocen las razones exactas por las que los haplotipos afectan la fertilidad; sin embargo, se cree que la herencia del mismo haplotipo defectuoso de cada padre da como resultado una concepción fallida o una muerte embrionaria temprana.

Los animales que portan una versión de un haplotipo defectuoso se codifican con una C (Carrier). Por ejemplo, un animal que porta HH1 se codifica como HH1C. Los animales identificados como libres del haplotipo se codifican con una T, por ejemplo: HH1T, que en teoría debería ser el código que se busca al seleccionar un toro.



Fotografía cortesía: Agroindustrial Las Américas

Algunos defectos recesivos comunes en el ganado bovino

Nombre del Gen	Descripción	Nomenclatura utilizada
BLAD	Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency (deficiencia de una proteína normal necesaria para los glóbulos blancos o leucocitos)	BLC = Portador probado de BLAD BLF = Probado NO portador de BLAD
Mule Foot	Mule-Foot o "Pata de Mula" (los dedos de los pies están unidos, dando al animal una sola pezuña, en lugar de hendidas)	MFC = Portador probado de Mule Foot MFF = Probado NO portador de Mule Foot
DUMPS	Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase (una de las numerosas enzimas que contribuyen a realizar procesos metabólicos)	DPC = Portador probado de DUMPS DPF = Probado NO portador de DUMPS
CVM	Complex Vertebral Malformation (Complejo de Malformación Vertebral, que causa pérdidas embrionarias tempranas, mortinatos y abortos)	CVC = Portador probado de CVM CVF = Probado NO portador de CVM
Brachyspina	Brachyspina (causes abortion and stillborn, shortened spinal cord, long legs and abnormal organs)	BYC = Portador probado de Brachyspina BYF = Probado NO portador de Brachyspina
CD (direct test)	Cholesterol Deficiency (Deficiencia de Colesterol), Terneras que tienen colesterol reducido o no lo tienen, resultando en muerte a una edad joven	CDF = Probado NO portador / Libre (free) de deficiencia de colesterol CDC = Portador probado de deficiencia de colesterol (heterocigoto) CDS = Probado verdadero portador de la deficiencia de colesterol (homocigoto)

— Stimovit™ MOV — ES EL COMPLEMENTO

IDEAL

PARA REFORZAR LA SALUD DE TU HATO



Un animal sano es un negocio sano

Las vitaminas, minerales y aminoácidos de Stimovit™ MOV, vigorizan a tu ganado y fortalecen sus funciones naturales.

¿Por qué Stimovit™ MOV?

Dosis única:
Ahorras tiempo
y esfuerzo

Listo para usar:
No hace falta
reconstituirlo

**Estable hasta
por 21 días
después de abierto**

Heredabilidad de un haplotipo

1. Si ambos padres son portadores de un haplotipo indeseable (HH1C) hay un 25% de probabilidad de que haya una descendencia afectada que no sobreviva al nacimiento; y de su descendencia viva, un tercio serán no portadores no afectados y dos tercios serán portadores, por ejemplo: Vaca HH1C (portadora = Rr) x Vaca HH1C (portadora = Rr)

R = Haplotipo normal / r = Haplotipo HH1 (que contiene la mutación causante)

2. Si se desconoce la condición genética madre, pero el abuelo y el toro son portadores no afectados de un haplotipo indeseable (HH1C): existe un 12,5% de probabilidad de que el embrión resultante no sobreviva hasta el nacimiento.

3. Si la vaca y el toro fueran portadores de diferentes haplotipos, por ejemplo. si la vaca fuera HH1C y el toro fuera HH2C, se podría esperar la siguiente descendencia resultante:

- 25% no portadores de ambos (HH1T y HH2T))
- 25% portadores de uno (HH1C)
- 25% portadores del otro (HH2C)
- 25% portadores de ambos (HH1C y HH2C)

El mejor consejo es evitar el uso de toros que porten alguno de estos haplotipos defectuosos, ya que el uso de tales toros reducirá las tasas de concepción en el rebaño promedio. Y en un futuro cercano, cuando tengamos la posibilidad de analizar las hembras del hato, por medio de las pruebas genómicas, entonces tendremos la posibilidad de tomar decisiones más precisas con respecto al uso de un toro portador si la hembra no es portadora. 6



Fotografía cortesía: Agroindustrial Las Américas

Otros genes de importancia económica en producción bovina:

Polled Status	Gen	Nomenclatura utilizada
Polled	Prueba indirecta para presencia de los cuernos Polled significa sin cuernos	POS = Probado verdadero portador sin cuernos (homocigoto PP) POC = Probado portador sin cuernos (heterocigoto Pp) POF = Probado portador gen con cuernos
Color del Pelo	Gen	Nomenclatura utilizada
RED	Gen de pelo rojo (MCR1)	RDC = Portador del gen de pelo rojo RDF = Probado NO portador gen pelo rojo
RED	Variante del gen de pelo rojo	VRR = No probado/determinado por linaje VRS = Probado verdadero portador (homocigoto) *Incluye código BKC VRC = Probado portador (heterocigoto) VRF = Probado libre
BLACK/RED	Pelo Negro/Rojo (MCR1)	BRC = Portador del gen de pelo negro / rojo
BLACK	Gen de pelo negro (MCR1)	BKC = Portador de gen de pelo negro

Proteínas de la Leche	Gen	Nomenclatura utilizada
Beta Caseína (A2)	CSN2	A1A1 = Homocigoto para el alelo A1 A1A2 = Heterocigoto para A1 y A2 A2A2 = Homocigoto para A2
Kappa Caseína (K)	CSN2	KCAA = Homocigoto para el alelo A KCAB = Heterocigoto para A y B KCBB = Homocigoto para B KCAC = Heterocigoto para A y C KCAE = Heterocigoto para A y E