

# Marcadores genéticos en ganadería

La Sección de Mejora Genética del CENSYRA de Somió ha recibido recientemente una importante subvención del FEDER y la CICYT para realizar investigaciones orientadas a la detección de genes de efecto importante (QTL) en la producción de carne y leche en ganado vacuno mediante técnicas no invasivas de genética molecular. El proyecto de investigación contará con la participación coordinada de los departamentos de Genética de la Universidad Complutense de Madrid y de Estadística e Investigación Operativa de la Universidad de Oviedo. Esta línea de trabajo se basa en los resultados obtenidos en el marco de los diversos proyectos del genoma que corroboran la tesis de que unos pocos genes podrían controlar una parte relativamente grande de la variabilidad genética de los caracteres de interés económico. De ser así, la incorporación de información sobre las distintas versiones de los genes presentes en una población a los programas de mejora genética permitiría superar la teoría clásica de la Mejora Genética que establece que los caracteres de importancia económica están controlados por un número casi infinito de genes, cada uno de ellos con un efecto imperceptible.

La principal ventaja de disponer de información de este tipo radica en la posibilidad de complementar las predicciones del valor genético de los animales basadas en el análisis de los registros productivos y genealógicos de los animales, que es de

menor eficacia para las variables que solo se miden tarde en la vida del animal, en un solo de los sexos o con un costo muy elevado, y en aquellas de pequeña componente genética.

El proyecto comprende una primera fase de puesta a punto de técnicas laboratoriales y estadísticas a la que sigue un programa de recogida de muestras de material genético en nuestra cabaña ganadera que acaba de ponerse en marcha con la colaboración de las asociaciones ASEAVA, ASCOL y Asturiana de Carnes S.A. Simultáneamente, se están estudiando los esquemas alternativos de mejora genética que harán uso de la información generada.

La herramienta básica de estas investigaciones son los marcadores genéticos, las "huellas dactilares" que permiten seguir el rastro a cada una de las dos versiones de un gen que porta un individuo -alelos, uno de cada progenitor- según se transmiten en su descendencia. Los marcadores no necesitan tener una función genética definida, sino que bastaría con que fuesen fácilmente detectables mediante el análisis de una pequeña cantidad de tejido del individuo.

De ahí surge un interesante subproducto de la investigación sobre QTL, ya que se ha generalizado la utilización de marcadores genéticos con un elevado grado de polimorfismo -es decir, con gran número de variantes distintas- como los microsatélites, en estudios de diversidad genética y de estructura genética de pobla-

ciones tanto en especies de animales domésticos como silvestres. Asociado a estos estudios ha surgido un interés creciente sobre la posibilidad de utilizar estos mismos marcadores genéticos para determinar paternidades (beneficio éste que ya figuraba entre los objetivos del proyecto de investigación) y para establecer la probabilidad de que un animal sea de una raza u otra.

Con este fin se ha empleado un estimador denominado de afiliación étnica que mide la diferencia entre dos distribuciones, que vale 0 cuando son iguales y tiende a infinito a medida que divergen. El valor de dicho estimador se obtiene mediante la suma para todos los loci del producto de las probabilidades a priori del genotipo marcador por el logaritmo del cociente de verosimilitudes. Las aplicaciones pueden ser diferentes y, dependiendo del interés concreto, diferentes serán las hipótesis a contrastar. Así, por ejemplo, puede que el interés resida en probar que un animal con un perfil genético determinado pertenece a una población cuyas frecuencias alélicas son conocidas, resultando difícil definir una población alternativa.

Con el fin de probar el potencial de estos marcadores en los problemas planteados de asignación o rechazo de animales a diversas poblaciones hemos utilizado dos especies, bovino y equino, para los que se dispuso de 16 y 13 microsatélites respectivamente. La probabilidad media de equivocación resultó ser del 1,2 %; por raza el 1% de las asignaciones a la raza Tudanca fueron erróneas, 2,4% en el caso de la Asturiana de los Valles, 1,4% para la Asturiana de la Montaña, 0,3% para la Sagués y un 1% para la Alistana. Considerando sólo dos razas, la posibilidad de asignar erróneamente un animal de la raza Asturiana de la Montaña a la raza Asturiana de Valles sería del 0,44%, y la probabilidad de asignar un animal de raza Asturiana de la Montaña a la de Valles sería del 0,91%. El pony Asturcón está incluido también en estudios similares sobre équidos.

*Los marcadores genéticos permiten seguir el rastro a cada una de las dos versiones de un gen que porta un individuo según se transmiten en su descendencia*

El estudio de la diversidad genética es otra área en la que la disponibilidad de abundante información genética a nivel molecular que proporcionan los marcadores moleculares del tipo de los microsatélites permite elevar la especificidad de los resultados. El aislamiento genético reduce el tamaño efectivo de las poblaciones contribuyendo a la subdivisión de las poblaciones en razas, y puede ser detectada mediante la estimación de la deriva. Esto ha permitido establecer troncos en las razas caballerizas que sitúan próximo genéticamente al Asturcón y a la raza Losina como caballos atlánticos, que detectan un cierto grado de confusión entre el resto de las razas atlánticas (Jaca Navarra, Caballo Gallego y Pottoka) y que sitúan a las dos razas de las Islas Baleares próximas al Pura Sangre. En la raza Asturiana de la Montaña se han identificado tres ramas: dos incluidas en un bloque con fuerte influencia de animales de raza Asturiana de los Valles, y cercanas a los animales de raza Tudanca, geográficamente próximos, y una tercera rama que muestran una cierta diversidad y que evidencia la reciente inclusión en la raza de poblaciones de ese ganado de las sierras costeras del Oriente Asturiano.

#### Colaboración técnica:

Jesús Angel  
BARO DE LA FUENTE  
(SERIDA-Somío)  
Carlos CARLEOS ARTIME  
(ASEAVA-  
Universidad de Oviedo)  
Javier CAÑÓN FERRERAS  
(Universidad Complutense de  
Madrid)