

## APLICACIONES ACTUALES Y POTENCIALES DE GENÉTICA EN PRODUCCIÓN ANIMAL

Carlos Solarte-Portilla<sup>1</sup> y Carol Rosero-Galindo<sup>2</sup>

### RESUMEN

En este artículo se presenta una revisión general de los desarrollos científicos más importantes de la genética que han permitido la implementación de diversos métodos de selección en especies animales domésticas. El objetivo es describir el proceso evolutivo de las tecnologías genéticas desde sus inicios con procedimientos relativamente simples, como la observación y registro de datos de campo, hasta llegar a la obtención de organismos manipulados en su ADN y multiplicados con procedimientos biotecnológicos que permiten que machos y hembras con características superiores tengan miles de descendientes por año.

Todas estas técnicas han sido satisfactoriamente aplicadas en el último siglo en un sinnúmero de estudios en ciencia animal en varios países y en la región nariñense, nuestro grupo de investigación ha abarcado el estudio de prácticamente todos los métodos selectivos en las especies de mayor interés para la zona como son los bovinos para leche y los cuyes.

---

<sup>1</sup> Zootecnista. M. Sc. Dr. Sc. Profesor Facultad de Ciencias Pecuarias Universidad de Nariño. Grupo de Investigación Producción y sanidad Animal. Coordinador Programa de Mejoramiento Genético Animal. E-mail: [csolarte@udenar.edu.co](mailto:csolarte@udenar.edu.co).

<sup>2</sup> Bióloga Genética. M. Sc. Candidata a Ph. D. en estudios de Genética Molecular Universidad del Valle – Instituto Oswaldo Cruz Río de Janeiro. Directora técnica Programa de Mejoramiento Genético Animal. E-mail: [cyroga@yahoo.com](mailto:cyroga@yahoo.com).

La importancia de la investigación en este campo es indiscutible toda vez que deben tenerse en cuenta los factores positivos derivados de la aplicación genética y los potenciales riesgos de los mismos tanto para la salud humana como para el equilibrio medio ambiental.

**PALABRAS CLAVE:** ADN, Genómica, Mejoramiento Genético, Producción Animal.

## **SUMMARY**

This article presents a general overview of the most important scientific advances in genetics, which have permitted the implementation of diverse selection methods with domestic animal species. The goal of this paper is to describe the evolutionary process of genetic technologies from their early beginnings with relatively simple procedures such as observation and recordings of field data to organisms whose DNA has been modified and which have been multiplied with biotechnological procedures allowing improved male and female specimens to breed thousands of descendants per year.

All these techniques have been satisfactorily applied in the last century in numerous studies in animal science in different countries. Specifically in Nariño, our research group has been concerned with the study of basically all the selective methods in the species which are more relevant for the region, namely, dairy cattle and guinea pigs.

The importance of carrying out research in this field is indisputable, since the positive aspects derived from genetic application and the potential risks they entail for human health and for the environmental balance need to be taken into consideration.

**KEY WORDS:** DNA, Genomics, Genetic enhancement, Animal production

## **INTRODUCCIÓN**

En los últimos años, de modo especial en la década final del siglo XX, se ha evidenciado un rápido progreso en las investigaciones relacionadas con el estudio de varias características productivas en los animales domésticos y su relación con la expresión de genes. En éstas, la

mayoría de dichos caracteres son el resultado de la interacción entre factores ambientales y un elevado número de genes, de tal manera que el estudio y análisis genéticos de esos rasgos ha sido fundamentalmente de tipo estadístico. Entre múltiples ejemplos podría citarse el rendimiento lechero en bovinos, ovinos y caprinos; la velocidad del crecimiento, el peso vivo y el rendimiento en canal en especies dedicadas a la producción de carne, incluido los cuyes.

La mayoría de los caracteres antes citados se han mejorado de manera eficaz mediante herramientas clásicas de selección genética dentro de los denominados programas de mejora, los cuales se basan en la recolección permanente y fidedigna de los datos del desempeño de los animales y el registro de los datos genealógicos o pedigrí, lo que permite la conectar los desempeños productivos de las progenies con sus ascendientes, descendientes y parientes colaterales.

Estos esquemas, basados en la genética cuantitativa, han potenciado el incremento de la productividad en prácticamente todas las especies de interés zootécnico. No obstante, las comunidades productivas y científicas han decidido aplicar otras herramientas, como el uso de marcadores moleculares, con el objetivo de alcanzar mayor eficiencia en los programas de selección dirigida.

Los proyectos para secuenciar el genoma humano han servido de catalizador para que genistas de todo el mundo orienten sus esfuerzos hacia la genómica aplicada a la producción animal, con lo que se espera mitigar el riesgo ecológico y ambiental generado por el crecimiento de la población humana que necesariamente conlleva a una mayor demanda de alimentos de origen animal y vegetal. Por esta razón se considera a la genómica como la herramienta de mayor potencial para el desarrollo no solo en la industria animal, sino de otras de tanta importancia como la medicina humana.

Retomando la producción animal, uno de los campos donde más se ha concentrado la actividad investigativa es en la Genómica, con el propósito de identificar en el genoma de cualquier organismo secuencias relacionadas con características productivas, reproductivas y de salud, con lo que se espera acelerar el progreso genético y maximizar la productividad de los animales (Womak, 2005: 1699).

La geonómica es una sub-disciplina de la genética que tiene por objetivo la caracterización molecular de genomas completos, cuyo surgimiento se debe a la integración de las cinco áreas tradicionales de genética denominadas: *genética mendeliana*, *citogenética*, *genética molecular*, *genética de poblaciones* y *genética cuantitativa*, lo mismo que al uso de nuevas tecnologías de informática y robótica.

En síntesis, la genómica contribuye al desarrollo de las técnicas de la mejora genética clásica, al reducir los costos para obtener progenies selectas, puesto que permite la preselección de animales superiores, incluso antes de su nacimiento, ya que los mejores animales son aquellos que heredan segmentos de cromosomas asociados con un mérito genético de interés económico y la transmiten a su prole (VanRadem, 2008: 4414).

Dada la importancia actual de la genética en muchas disciplinas, entre ellas la producción y la salud animal, así como las posibilidades de desarrollo tecnológico que ésta ofrece, el objetivo de este artículo es presentar una revisión de los avances más significativos en las diversas áreas de la genética, sus perspectivas y alcances. Consideramos que este tema tiene una especial importancia para el departamento de Nariño, ya que en esta región la agricultura y la ganadería tienen un peso importante en la generación de empleo y en la seguridad alimentaria.

En la Universidad de Nariño, el Grupo de investigación en Mejoramiento Genético Animal, con apoyo estatal y con vinculación directa con la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño- COLACTEOS, adelanta un programa de investigación, cuyo propósito es producir animales genéticamente superiores haciendo uso de las herramientas convencionales y de última generación, entre las que se incluyen aspectos genómicos y de biotecnología reproductiva, como una manera de contribuir a la sostenibilidad y competitividad de los sistemas de producción de leche en esta región colombiana.

## **1. LA GENÓMICA**

La geonómica estudia la caracterización de los genomas completos, es decir la localización de los genes en los cromosomas, la construcción de mapas genéticos y en última instancia, la secuenciación completa del genoma y de los productos finales de la síntesis, es decir las

proteínas. En un nivel más avanzado la genómica estudia las funciones asociadas a secuencias específicas.

Para una mayor comprensión de este tema es necesario recordar los siguientes conceptos básicos:

1. En los organismos superiores o eucariotas, la información genética está contenida en moléculas de ADN que se encuentran distribuidas en los cromosomas, los cuales se localizan en el núcleo de cada célula.
2. En condiciones normales, el número de cromosomas es constante de generación en generación. Igualmente el juego cromosómico es par, puesto que uno se hereda del padre y otro de la madre.
3. El ADN está formado por nucleótidos.
4. Un nucleótido contiene una base nitrogenada que puede ser Adenina (A), Guanina (G), Citocina (C) o Timina (T), el azúcar desoxiribosa y un grupo fosfato. El orden en que aparecen las bases es lo que denominamos secuencia y un cambio en dicha secuencia es lo que produce las mutaciones.
5. Un mapa genético representa la ubicación específica de secuencias de ADN en cada uno de los cromosomas.
6. Las secuencias ubicadas pueden tener o no una función conocida.

En animales, los primeros intentos por construir mapas de especies domésticas se basaron en dos tecnologías subyacentes de los primeros mapas genómicos humanos: la genética de células somáticas y la hibridización *in situ*<sup>3</sup> (Womack, 2005: 1699). Estos primeros acercamientos al conocimiento de los genomas dieron paso, a su vez, a la aplicación de metodologías basadas en el uso de las endonucleasas de restricción, la PCR y los marcadores moleculares. Todas estas metodologías, en conjunto, hoy en día constituyen la base de la ingeniería genética.

En 1970, Daniel Nathans y Hamilton Smith descubrieron las endonucleasas o enzimas de restricción. Estas enzimas tienen la capacidad de cortar el ADN en puntos con una

---

<sup>3</sup> Existen varias fuentes con referencia a la construcción de mapas genéticos en animales domésticos, a manera de ejemplo, véase, Womack y Moll (1986) para mapa en *Bos taurus* y Yerle et al. (1995) en cerdos.

secuencia específica<sup>4</sup>. En 1977 se presentaron dos métodos diferentes que permitieron determinar la secuencia nucleotídica del ADN, uno desarrollado por Allan Maxam y Walter Gilbert y otro por Fred Sanger. A partir de estos métodos fue posible conocer la secuencia concreta de muchos de los genes descritos hasta entonces y en la actualidad sigue siendo la técnica básica para llevar a cabo el objetivo último de la genómica estructural<sup>5</sup>

Posteriormente, un gran avance para el desarrollo de la genómica, lo constituyó el descubrimiento de la PCR (Polymerase Chain Reaction) conocida como *reacción en cadena de la polimerasa* y descrita por Kary Mullis en 1985. La PCR permite replicar regiones concretas de una hebra de ADN generando un número muy elevado de copias del fragmento inicial. Esta técnica fue posible gracias al descubrimiento de una polimerasa termoestable, obtenida a partir de la bacteria *Thermus aquaticus*.

Finalmente, el descubrimiento de los marcadores moleculares, ha propiciado relevantes y múltiples aplicaciones en ciencia animal. Estos marcadores son fragmentos de ADN que sirven de referencia para seguir la transmisión de un segmento de cromosoma de una generación a otra. En un sentido restringido, un marcador genético es una *entidad genética que manifiesta polimorfismo y se hereda de forma mendeliana* (Futuyma, 1997: 239). Por polimorfismo se entiende múltiples formas de una misma característica, como por ejemplo el grupo sanguíneo. El interés por detectar variación molecular ha conducido a un enorme incremento en el tipo y número de marcadores disponibles para análisis genético.

En un cromosoma normal de un organismo eucariota, pueden observarse polimorfismos en las regiones intrónicas y exónicas. Las primeras corresponden a las secuencias que se encuentran en mayor número y que se distribuyen en el centrómero y telómero en forma de minisatélites y a lo largo de todo el cromosoma, con preferencia fuera del centrómero, en forma de microsátélites. Los genes están situados a lo largo de todo el cromosoma en

---

<sup>4</sup> Enzimas producidas por bacterias como mecanismo de defensa frente a los fagos, ausentes en la mayoría del resto de los seres vivos. Muchas de estas enzimas cortan el ADN de tal manera que se generan extremos cohesivos, que pueden formar puentes de hidrógeno, esto es, unirse con secuencias complementarias, independientemente del organismo del que provengan. Esta propiedad permite obtener quimeras de ADN, lo que no representa otra cosa que la posibilidad de construir ADN recombinante artificial.

<sup>5</sup> La genómica estructural se refiere a la caracterización física de los genomas.

regiones de cromatina más activas o regiones exónicas y se caracterizan por ser poco receptivos a la tinción con el colorante Giemsa.

## **2. TIPOS DE MARCADORES MOLECULARES**

### **RFLPs o Polimorfismos de Longitud de Fragmentos de Restricción**

En los RFLPs (Restriction Fragment Length Polymorphisms) el genoma total de un individuo es cortado por una endonucleasa de restricción generándose una serie de fragmentos cuya longitud se determina por el reconocimiento de una secuencia de nucleótidos. Los cambios nucleotídicos generados por distintos cortes permiten detectar el polimorfismo entre dos o más individuos. Este polimorfismo se evidencia por electroforesis, que es la migración del ADN fragmentado en un soporte físico sometido a un campo eléctrico ((Futuyma, 1997: 50).

### **RAPD o Polimorfismos de ADN amplificados al azar.**

En los RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) se emplean cebadores cortos (10 pares de bases) que se utilizan de forma individual en reacciones de PCR con un nivel de especificidad muy bajo. De esta forma se genera un patrón de bandas sencillo que dependerá de la capacidad de los cebadores para encontrar zonas en el ADN, parcial o totalmente complementarias. En función de la secuencia nucleotídica, la amplificación evidenciará el polimorfismo existente entre dos individuos, dando lugar o no a determinadas bandas (Avisé, 2004: 91).

### **AFLP o Polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados.**

Los AFLPs (*Amplified Fragment Length Polymorphisms*) constituyen un procedimiento patentado que se desarrolló en plantas en 1995. Estos marcadores se consiguen al combinar dos metodologías: enzimas de restricción, al igual que en el procedimiento de los RFLP y la reacción en cadena de la polimerasa, lo que genera patrones de bandas complejos en dónde es fácil encontrar polimorfismos claramente diferenciables (Avisé, 2004: 95).

### **STRs o microsatélites.**

En el año 1989 se identificaron los microsatélites al descubrirse que existían zonas del ADN no codificante que contenían repeticiones de mono, di, tri o tetranucleótidos y en un número variable de veces. Estos marcadores han sido, probablemente, los más usados en la identificación de marcadores mendelianos altamente polimórficos. Los microsatélites se llamaron primero VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats*) porque la unidad repetible estaba presente un número variable de veces. El término VNTR también incluía los minisatélites cuya unidad de repetición es más larga (de 100 a varios cientos de nucleótidos). La nomenclatura terminó dejando el término microsatélite o STR (*Short Tandem Repeat*) para los más cortos, y minisatélites o VNTR para los otros (Awise, 2004: 93).

### **SSCPs o polimorfismos conformacionales de cadena única.**

Las cadenas sencillas de ADN (denaturadas) y que generalmente constan de 1000 pares de bases (pb), asumen con frecuencia diferentes conformaciones, aún, cuando difieren en un único nucleótido. Estas diferencias pueden ser detectadas por electroforesis, una vez han sido amplificadas usando la técnica de PCR (Awise, 2004: 97). En sentido estricto los SSCP no son marcadores, sino una técnica derivada de los marcadores SNP.

### **SNP o Polimorfismos de un solo nucleótido.**

Los SNP (*Single Nucleotide Polimorphism*) son polimorfismos producidos por un único cambio nucleotídico, cuya frecuencia oscila entre 1 de cada 600 y 1 de cada 1000 pb. La importancia de estos marcadores se ha visto magnificada a partir del momento en que la descripción de microsatélites, cuya densidad es mucho menor, ha resultado ser insuficiente cuando se trata de estudiar una parte concreta del genoma con un número alto de marcadores.

La ventaja de los SNP es su facilidad de detección al ser loci dialélicos, por lo que el uso de 'microarrays' o 'microchips' de ADN se está generalizando, aumentando drásticamente la velocidad de detección y el volumen de análisis posible.



A la fecha, en el laboratorio de Mejoramiento Genético Animal de la Universidad de Nariño se han estandarizado las técnicas para obtener los marcadores antes descritos, excepto los microarrays, los cuales esperamos desarrollar en próximos trabajos de investigación.

### **3. PROPIEDADES DE LOS MARCADORES MOLECULARES**

La detección de los marcadores en el laboratorio puede realizarse sobre cualquier tejido del animal y a cualquier edad, obteniéndose un genotipo que no se verá influido por el paso del tiempo ni por el ambiente, a diferencia de los marcadores fenotípicos que están fuertemente influidos por el ambiente y cambian con la edad.

El nivel de información, facilidad y costo de detección de los marcadores varían dependiendo del tipo de marcador utilizado. En general, un marcador es más informativo cuando tiene más alelos y cuando su herencia es codominante.

Los datos obtenidos con el uso de marcadores moleculares proveen información genética altamente informativa en el estudio de los genomas. El uso de estos marcadores revela no solo, las características del ADN sino también, que puede especificarse la forma de transmisión de los caracteres (Awise, 2004: 6).

### **4. APLICACIONES DE LOS MARCADORES MOLECULARES**

Los marcadores moleculares han sido ampliamente usados en biología evolutiva y aplicada, permitiendo la asociación de especies distantes filogenéticamente y en humanos como técnica de diagnóstico de varias enfermedades hereditarias y en pruebas de paternidad. En ciencia animal, la selección asistida por marcadores (Marker-Assisted selection ó MAS) permite la identificación de caracteres que son heredables y que pueden ser medidos, independientemente de la edad y sexo del animal. La ventaja de esta selección, está en las posibles correlaciones, que pueden identificarse con características de valor económico (Haley y Visscher, 1998: 85). A continuación describiremos algunas de las aplicaciones más frecuentes en la selección asistida por marcadores:

## 4.1 Mapas genómicos

En un mapa genómico todos los cromosomas están señalados con marcadores y con genes. Para esto, se requiere la previa elaboración de un mapa genético relacionando los diferentes loci entre sí independientemente de su localización cromosómica, que a su vez se ha establecido mediante técnicas que culminan en un mapa físico. Las mismas técnicas de localización genética y física se utilizan para la identificación de secuencias correspondientes a caracteres de interés, denominados QTLs (*Quantitative Trait Loci*) o genes que afectan a caracteres de importancia económica.

El primer paso para realizar un mapa genómico es la descripción de un número suficiente de marcadores moleculares; éstos se relacionan unos con otros basándose en la detección de ligamiento<sup>6</sup>. El análisis de ligamiento es el método clásico que permite conocer la fracción de recombinación mediante el estudio de la cosegregación de los marcadores con los de caracteres de interés, utilizando individuos que pertenecen a estructuras familiares (medios hermanos) o determinados tipos de cruzamientos (F2 o Retrocruzamiento).

## 4.2 Mapas físicos

Para muchas de las aplicaciones en geonómica se requiere un mayor grado de resolución que es posible lograr mediante la cartografía física de fragmentos de ADN.

Un mapa físico inicia con la fragmentación del genoma mediante una digestión parcial, los fragmentos generados, forman un conjunto de clones que se traslapan unos sobre otros hasta completar un cromosoma o el genoma completo de una especie. La ubicación en

---

<sup>6</sup> Esta propiedad física permite deducir la posición de unas secuencias determinadas de ADN midiendo el número de veces en que se separan dos loci por recombinación meiótica. De esta manera, los distintos marcadores se pueden posicionar a lo largo de los cromosomas en grupos de ligamiento o sinténicos consiguiendo una densidad que permite en muchos casos localizar genes de interés en patología o producción por su ligamiento con determinados marcadores. Para una ampliación de conceptos y definiciones, véase Haley y Visscher (1998).

estos fragmentos de regiones conocidas de ADN (marcadores) permite un traslape, de manera que se puedan ir construyendo pequeños grupos que se agrupan a su vez en unidades mayores hasta cubrir en su totalidad el cromosoma en estudio.

### 4.3 Aplicaciones de los mapas Genómicos

Una de las aplicaciones más importantes de los mapas genómicos es la posibilidad que nos ofrecen para iniciar trabajos de localización de genes responsables de caracteres de interés. Las estrategias de identificación de estos genes dependerán del tipo de carácter que nos interese, esto es, si se trata de un carácter mendeliano<sup>7</sup> o complejo y del nivel de conocimientos que tengamos sobre la biología del carácter o del modelo de herencia. De esta manera se han identificado genes tan importantes como el gen *hal*, responsable del síndrome de estrés porcino o el gen *mstn*, asociado con la hipertrofia muscular bovina.

La mayoría de los caracteres productivos están influenciados por múltiples loci o poligenes. La posición de estos genes puede estimarse a partir del grado de ligamiento entre marcadores moleculares que se sitúan en sus extremos y los caracteres de interés, lo que permite su localización, estimación del efecto que produce sobre el carácter y la posterior identificación de la secuencia responsable.

Una metodología general de localización de genes o QTLs<sup>8</sup> (Quantitative Trait Loci) se puede concebir en tres pasos:

Inicialmente se hace un barrido genómico, por ejemplo mediante la obtención de 300-400 marcadores distribuidos uniformemente por todo el genoma, utilizando técnicas clásicas de análisis de ligamiento, lo que permitiría, la localización de la región o regiones de interés con una resolución de 20-30 cM (centiMorgan). Luego se satura la región o regiones de interés con un elevado número de marcadores y se procede a un análisis de desequilibrio de ligamiento (análisis de asociación). En este procedimiento el grado de ligamiento, es decir, la proximidad, se estima analizando la reducción que se produce con el paso del tiempo del nivel de desequilibrio de ligamiento. El análisis de asociación, a diferencia del análisis de

---

<sup>7</sup> Caracteres de herencia simple, generalmente determinados por un único gen.

<sup>8</sup> Para ampliar la información sobre construcción de mapas físicos usando QTLs puede consultarse el capítulo 1 del libro: Molecular markers, Natural history, and evolution de Avise, J. C. (2004).

ligamiento, permite incorporar individuos que no pertenecen a alguna estructura familiar, e incrementar así, la resolución hasta valores de 0,1-1 cM. Finalmente, se realiza un clonado posicional, obteniendo, la secuencia exacta del gen implicado en el fenotipo de interés. Dos ejemplos característicos de esta estrategia en tres etapas lo constituyen la identificación del gen responsable de la fibrosis quística en el hombre y del gen responsable de la hipertrofia muscular en bovino (Awise, 2004: 16).

## **5. IDENTIFICACIÓN GENÉTICA, TRAZABILIDAD Y CONTROL GENEALÓGICO**

El individuo, desde estados muy tempranos, posee un genoma estable para el que tendrá un determinado genotipo en los marcadores analizados. Esta *huella genética* que, como la huella dactilar de un individuo, es única y fácilmente reconocible mediante técnicas moleculares, permite la identificación en todo momento y circunstancia. La trazabilidad es una de las consecuencias de la posibilidad de identificación individual que nos permite los marcadores moleculares. Este término se aplica a la posibilidad de identificar una muestra anónima y seguir su rastro hasta su origen.

Otra consecuencia inmediata de las posibilidades de identificación individual junto con la propiedad de herencia mendeliana de los marcadores moleculares es la posibilidad de llevar a cabo el control de filiación, lo que nos permitirá mantener la integridad de los libros genealógicos cuya fiabilidad es fundamental para llevar a cabo los programas de selección y mejora (Awise, 2004: 15).

La potencia estadística que es posible hoy en cualquier especie de animal doméstico permite no sólo la exclusión de paternidad, también es posible la asignación de paternidad o, en general, la contrastación de cualquier otro tipo de parentesco.

La diferencia genética entre poblaciones aisladas reproductivamente es posible ser detectada y, por ello también lo es asignar muestras anónimas a determinadas poblaciones.

## **6. ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA**

Los marcadores moleculares constituyen una buena herramienta también para analizar la diversidad genética como medida de control de actuación de poblaciones, introducción de determinados genotipos, límites para la selección y medida del empobrecimiento de la variabilidad genética. Dado que la información contenida en los genomas es enorme<sup>9</sup>, la aplicación de los marcadores moleculares permite identificar inicialmente el estado genético de las poblaciones de estudio y determinar parámetros como la migración entre individuos dentro de la misma especie, consanguinidad, parentesco o identidad genética.

En ciencia animal, estos estudios han potenciado los programas de selección asistida, porque permiten a los criadores asociar las frecuencias de los parámetros con la presencia o ausencia de caracteres de interés productivo.

## **7. CARACTERIZACIÓN DEL PROTEOMA.**

La geonómica funcional tiene como objetivo la caracterización del proteoma, esto es el conjunto completo de genes que determinan proteínas en un genoma y de la caracterización de los patrones de expresión génica.

La geonómica funcional parte de la información proporcionada por la secuenciación a gran escala llevada a cabo en los proyectos genoma y dispone de numerosas estrategias para identificar el conjunto de genes funcionalmente activos, entre ellas la utilización de chips de ADN en los que se ubican muestras de ADNc (copias sintéticas de ADN) conocidos de diferentes genes que posteriormente se exponen a ARNm total (ARN de tipo mensajero) aislado de las células o tejido que nos interese. El resultado permite conocer qué genes se expresan en un tejido concreto, en cualquier fase del desarrollo o en cualquier situación ambiental.

Esta tecnología de microchips<sup>10</sup> permite ya hoy disponer en una pequeña superficie de pocos centímetros de hasta 400.000 sondas de ADN que pueden ser hibridadas con miles de

---

<sup>9</sup> Por ejemplo un genoma típico de mamíferos consiste de cerca de 3 billones de pares de nucleótidos.

<sup>10</sup> Véase Collier et al (2006), use of gene expression microarrays for evaluating environmental stress tolerance at the cellular level in cattle.

ARNm provenientes de un tejido determinado o de una célula sometida a diferentes ambientes, lo que resulta de gran utilidad en el análisis de la expresión génica. Esta estrategia masivamente utilizada ha permitido identificar genes a partir de colecciones de secuencias denominadas ESTs (marcadores de secuencias expresadas). Aunque en la actualidad la información disponible de estos marcadores en las especies de animales domésticos es significativamente más reducida, unas 200.000 en bovino o 65.000 en porcino, en comparación con la especie humana en la que existen casi 4 millones de ESTs depositados en bases de datos de acceso público, constituyen un buen punto de partida para posicionar genes de interés o definir conjuntos de genes o proteínas que son importantes en la determinación de caracteres de interés económico.

## **8. INSEMINACIÓN ARTIFICIAL**

En la mayoría de los actuales sistemas de producción prevalece el carácter intensivo<sup>11</sup> de los mismos, en los que se cría a los animales en espacios reducidos, la alimentación se basa en concentrados cuidadosamente balanceados y se someten a una medicación intensiva tanto de carácter preventivo como sintomático. En este marco, la selección genética tradicional se basa en cruzamientos entre distintas razas de una misma especie y en la selección intensa dentro de cada raza. Este esquema tiene como fundamento la multiplicación de machos selectos a través de la inseminación artificial, lo que permite que un buen semental, tenga miles de descendientes, incluso después de muerto, tal como ha sucedido con toros especialmente de razas como Holstein y Brahaman.

Las nuevas técnicas han potenciado aun más el uso de la selección artificial, ya que el semen antes de congelarse se puede sexar, clasificar como libre de una buena cantidad de enfermedades y saber si transmitirá genes favorables para ciertos rasgos.

---

<sup>11</sup> Un ejemplo claro del carácter intensivo de selección dirigida, se evidencia en el trópico Alto de Nariño. Aquí, estudios adelantados por el grupo de Mejoramiento Genético Animal de la Universidad de Nariño, han establecido, de manera preliminar, una selección por volumen de leche en las distintas razas del ganado existente en los distritos lecheros de Pasto, Pupiales y Guachucal. La aplicación del marcador molecular SSCPs sobre el genoma de estos ejemplares provee una clara herramienta en la identificación de los genotipos asociados al gen de la kappa-caseína, proteína de la leche bovina.

## **9. LA TRANSFERENCIA DE EMBRIONES.**

En los últimos años, en los países de la Unión Europea, Estados Unidos y Canadá, la inseminación artificial se combina y potencia con una nueva técnica conocida como *transferencia embrionaria*, que consiste en administrar una cantidad controlada de hormonas a hembras seleccionadas por sus cualidades genéticas y que dan origen a una superovulación, es decir que se generan varios óvulos en vez de un solo óvulo fecundable.

Por medio de la inseminación artificial estos óvulos son fecundados con espermatozoides altamente calificados. Unos siete días después de la fecundación artificial, los embriones generados por los óvulos son extraídos de la matriz de la vaca por medio de una sonda y posteriormente implantados en el útero de otra vaca nodriza, que será la que desarrolle y termine la preñez, con lo que en teoría se obtiene un “superternero”. Con este sistema una vaca selecta puede tener varios hijos por año, a diferencia del sistema natural donde solo puede parir un ternero anual.

La técnica ha evolucionado de manera sorprendente y no se limita a la obtención de varias crías de una misma vaca, sino que los embriones pueden sexarse, particionarse y caracterizarse molecularmente para determinar en ellos la existencia de genes favorables o desfavorables, para multiplicarse si la situación es favorable o descartarse si en el embrión se detectan genes desfavorables.

## **10. LOS ANIMALES TRANSGÉNICOS.**

La transgénesis consiste en la hibridación de genes de especies evolutivamente distantes. Por ejemplo la introducción de genes de especies vegetales en especies animales o de genes humanos en el genoma de animales.

Dado que en general los genomas son altamente complejos, aun existe una gran escasez de información en torno a sus estructuras. Por lo tanto la implantación de un nuevo gen en el genoma animal presenta diversos riesgos y cualquier inserción debe realizarse con un conocimiento muy exacto del gen que se va a reemplazar y de las relaciones estructurales de ese nicho genético con el genoma en conjunto. También debe tenerse en cuenta que se

corre el riesgo de neutralizar genes quizá básicos para el crecimiento o que acarreen la muerte del embrión.

En 1983, en la Universidad de Washington y Pensilvania se consiguió insertar con éxito un gen de la hormona del crecimiento humano en el genoma de un embrión de ratón. Los ratones que surgieron de esta manipulación tenían el doble del tamaño normal. En 1985, en la Universidad de Ohio se implantaron genes de la hormona del crecimiento de un conejo en embriones de ratones; también en este caso surgieron ratones gigantes. Debido a estos éxitos, el Ministerio de Agricultura de Estados Unidos subvencionó otra serie de experimentos en microgenética en los que se insertaron genes de la hormona humana del crecimiento en embriones de cerdos y corderos; sin embargo los resultados no fueron demasiado alentadores ya que en los pocos ejemplares que sobrevivieron a la implantación se apreciaban graves deformaciones óseas en su crecimiento, así como dolencias reumáticas en las extremidades y defectos oculares como el estrabismo. Otro sinnúmero de ejemplos sobre inserción de genes incluye los trabajos en tilapias

## **11. LA REVOLUCIÓN GENÉTICA.**

La revolución genética en las explotaciones ganaderas no se basa solamente en el uso de tecnologías reproductivas, marcadores moleculares y animales transgénicos, sino en la utilización de bacterias transformadas genéticamente que influyen decisivamente en el metabolismo del animal. El máximo exponente es el caso de las hormonas del crecimiento del ganado vacuno, que ahora empieza a discutirse en Europa. Así uno de los mayores objetivos de la investigación genómica en bovinos es la identificación de genes relacionados con la producción de la leche y así establecer su uso en los programas de selección asistida (Szyda y Komisarek, 2007: 2971). A su vez, la importancia fundamental de las proteínas de la leche en la tecnología de los alimentos es, establecer, el papel que juega cada proteína con el rendimiento de queso y la calidad de leche (Jiménez y Richardson, 1988: 2640).



## **12. CLONACIÓN.**

La clonación verdadera consiste en obtener copias idénticas de un organismo adulto a partir de cualquier célula de su cuerpo. El ejemplo más representativo de la clonación fue logrado en Escocia cuando Ian Wilmut, logró obtener la oveja Dolly a partir de células de la glándula mamaria.

La clonación ofrece un potencial ilimitado para el desarrollo de nuevos métodos de tratamiento de múltiples enfermedades y para el desarrollo científico ya que proporciona importante información respecto a la diferenciación celular y las posibilidades de programarlo y reprogramarlo.

### **CONCLUSIONES Y CONSIDERACIONES FINALES**

Desde el redescubrimiento de las leyes de Mendel, la genética se convirtió en una disciplina científica que revolucionó la biología. Los principios de Mendel siguen vigentes y han contribuido con la solución de múltiples relacionados con la producción y salud de los animales domésticos. La aplicación genética de mayor impacto está relacionada con el mejoramiento de los caracteres de mayor importancia económica en casi todas las especies domésticas, pero con el advenimiento de las técnicas moleculares, la secuenciación de los genomas y el uso de las biotecnologías reproductivas, los actuales esquemas de producción han experimentado y continuarán experimentando notables cambios que permitirán encontrar el animal ideal, el cual podría describirse como un individuo altamente productivo, poco exigente en nutrientes, altamente fértil y longevo.

Si bien son innegables los beneficios obtenidos por efecto de la aplicación de la genética en producción animal, es necesario tener en cuenta que también existen efectos potencialmente nocivos como la diseminación de enfermedades y alteraciones ecológicas en muchos hábitats sensibles.

Las anteriores consideraciones evidencian la necesidad de investigar en todos los campos de la genética para ofrecer a las comunidades científicas y productivas información veraz sobre los efectos de las aplicaciones de las nuevas tecnologías que ofrece la genética. En

este sentido nuestro grupo de investigación ha mantenido una dinámica de crecimiento y ha abarcado hasta la fecha la mayoría de aspectos reseñados en este artículo y tiene como meta avanzar en nuevos temas para estar a tono con la actualidad científica nacional e internacional. Para consultar la actividad investigativa del grupo recomendamos visitar la página WEB <http://promegalac.udenar.edu.co>

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AVISE, John. C. (2004) Molecular markers, natural history, and evolution. Second edition. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts.

COLLIER, R.J, STIENING, C.M, POLLARD, B.C., VANBAALE, M.J., BAUMGARD, L.H., GENTRY, P.C. y P.M. COSSENS (2006) Use of gene expression microarrays for evaluating environmental stress tolerance at the cellular level in cattle. *J. Anim Sci.* 81:E1-E13.

FUTUYMA, Douglas. J. (1997) *Evolutionary Biology*. Third edition. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts.

HALEY, C.S. y P.M. VISSCHER (1998) Strategies to utilize marker-quantitative trait loci associations. *J. dairy. Sci.* 81(2):85-97.

MAXAM A.M, GILBERT W. (1977) A new method for sequencing DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 74(2):560-4.

NATHANS D, SMITH H.O. (1975) Restriction endonucleases in the analysis and restructuring of DNA molecules. *Annu Rev Biochem.* 44:273-93.

SANGER F, NICKLEN S, Y COULSON AR. (1977) *DNA* sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 74(12): 5463–5467.

SZYDA, J y J. KOMISAREK. (2007) Statistical modeling of candidate gene effects on milk production traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 90:2971-2979.

VANRADEN, P.M. (2008) Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy sci.* 91:4414-4423.