

# Cría y Mejoramiento Genético Animal

(primera parte)

*Traducción al castellano, por Gabriela Marisa Iglesias y María Pía Beker*  
*Libro original: "Textbook Animal Breeding and Genetics"*

*Kor Oldenbroek and Liesbeth van der Waaij, 2015. Textbook Animal Breeding and Genetics for BSc students. Centre for Genetic Resources. The Netherlands and Animal Breeding and Genomics Centre, 2015. Groen Kennisnet: <https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/>*

Material de lectura para la cátedra de Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal  
Veterinaria -UNRN



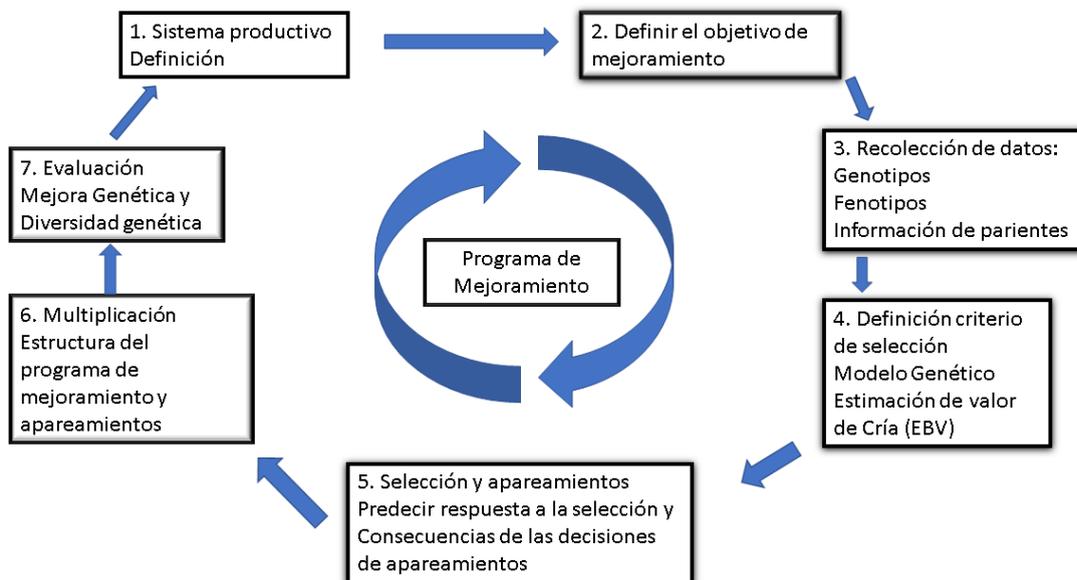
**WAGENINGEN**  
UNIVERSITY & RESEARCH

## ÍNDICE DE CAPÍTULOS (1° PARTE, CAPÍTULOS 1 A 7)

- **Capítulo 1:** Introducción al mejoramiento genético animal
- **Capítulo 2:** Conceptos básicos de la cría y mejoramiento de animales
- **Capítulo 3:** Las razones para mantener a los animales determinan el objetivo de la cría y mejoramiento genético
- **Capítulo 4:** La recopilación de información para la toma de decisiones
- **Capítulo 5:** Los Modelos Genéticos
- **Capítulo 6:** La diversidad genética y la endogamia
- **Capítulo 7:** La herencia de rasgos monogénicos

## **Capítulo 1:** Introducción al mejoramiento genético animal

En este primer capítulo se presenta la historia de la cría y mejoramiento animal. Se describirá la importancia de la selección natural y aspectos importantes del proceso de domesticación. La humanidad comenzó a crear razas utilizando selección artificial hace 250 años. Hoy en día, la cría de animales de granja de alta producción, como el ganado, los cerdos y las aves de corral está en manos de empresas multinacionales que invierten mucho dinero en programas de cría y mejoramiento animal de vanguardia. La cría de ovejas, cabras, caballos y animales de compañía, por ejemplo, el perro, se basa en la colaboración de criadores individuales en la creación de un libro genealógico o una asociación de criadores. La cría de animales tiene por objeto mejorar los animales cambiando sus capacidades genéticas por rasgos importantes. Estos rasgos están determinados por los requisitos y deseos de la sociedad que pueden cambiar con el tiempo. La cría de animales está muy influida por la investigación y los avances en la genética poblacional, cuantitativa y molecular. A veces se observan efectos negativos inesperados de la cría de animales que requieren correcciones adecuadas. Un programa de cría y mejoramiento animal se presentará aquí como una actividad representada en un esquema circular (ver figura abajo). Cada generación, el programa comienza con la formulación del objetivo de la cría y termina con una revisión crítica de los resultados obtenidos en la siguiente generación. La evaluación puede llevar a una reconsideración del objetivo de cría para la siguiente ronda de selección



## 1. capítulo 1.1 La historia de la cría de animales: ciencia y aplicación

Hay 5 aspectos muy importantes que deben ser considerados en la cría y mejoramiento de animales:

1. Lo más importante es que, obviamente, para que la cría selectiva tenga éxito, es esencial que el rasgo (por ejemplo, la velocidad de marcha o la producción de leche o el color del pelaje) que se seleccione sea hereditario.
2. Que los animales tengan diferentes antecedentes genéticos para que la selección sea posible.
3. La dirección de la selección es definida por los humanos y ellos deciden qué animales pueden aparearse y producir miembros de la siguiente generación.
4. El éxito del mejoramiento animal puede juzgarse observando un cambio en el fenotipo promedio de la población de una generación a la siguiente. Así que la cría de animales funciona a nivel de población, no automáticamente a nivel individual.
5. El éxito de la cría y del mejoramiento animal puede medirse como el resultado acumulado de múltiples generaciones de selección. Las decisiones de cría y del mejoramiento animal se toman teniendo en cuenta el futuro

### *Definiciones*

*Rasgos o caracteres: Una característica fenotípica distintiva, típicamente perteneciente a un individuo. En la práctica, esto significa cualquier cosa que se pueda registrar en un individuo. Un fenotipo es lo que se observa o se mide en el animal por el rasgo de la característica o carácter. Puede depender tanto de los antecedentes genéticos del animal (siempre que sea hereditario) como de circunstancias externas como el nivel de nutrición.*

### **Rasgos hereditarios**

Ser capaz de predecir el éxito de la cría de animales se basa en un factor muy importante que todavía tenemos que discutir: ¿por qué el rendimiento en la descendencia se parece al de los padres? La cría selectiva sólo tendrá éxito en caso de que el rasgo seleccionado sea hereditario. Debido a que **sólo una fracción de los animales es seleccionada** para la cría, por lo que se permite producir descendencia, y debido a que el rasgo es heredable, el rendimiento en la descendencia se asemeja al de los padres. **Por lo tanto, sólo los mejores padres se utilizan para la cría y del mejoramiento animal, el promedio de la próxima generación será mejor que el de la actual.** Un rasgo es heredable si el rendimiento de ese rasgo, al menos en parte, depende de la composición genética (ADN) de un animal. Las diferencias de rendimiento entre los animales pueden explicarse (en parte) por las diferencias genéticas entre los animales. Más adelante en este libro se darán más detalles sobre lo que implica esta herencia que son parte del alcance de este libro y de este capítulo. En resumen, la cría de animales se relaciona con la **selección intencional por parte de los humanos basada en el rendimiento de los animales en un cierto ambiente para rasgos predefinidos y heredables.** En la mayoría de los esquemas prácticos de cría de animales la selección se hará sobre más de un rasgo simultáneamente. **Los animales que sean superiores en esta combinación de rasgos serán seleccionados como animales de cría.** En general, esta combinación de rasgos consistirá en rasgos relacionados con el rendimiento (por ejemplo, producción de leche, número de huevos, crecimiento, rendimiento deportivo), la salud y la reproducción. **La teoría que subyace a la selección de una**

**combinación de rasgos se complica fácilmente.** Por lo tanto, *en este libro explicamos la teoría detrás de la cría de animales utilizando la selección de un solo rasgo.* En el resto de este capítulo le daremos una breve historia de la cría de animales, empezando desde cero (por lo tanto, desde la domesticación). Verá que los avances en la cría de animales han ido de la mano con los avances en la sociedad. Luego examinaremos la situación actual y los principales desafíos. Y también intentaremos echar un vistazo al futuro: ¿cuáles son los desarrollos esperados en la sociedad y cómo influirán en las decisiones sobre la cría de animales? Pero primero miraremos hacia atrás para ver cómo empezó todo: con la domesticación.

## 2. Capítulo 1.2 Selección por naturaleza

Suena como si la cría y del mejoramiento animal estuviera en manos de los humanos. Comparado con las poblaciones naturales, este es el caso, ya que decidimos qué animales pueden tener descendencia y cuáles no: *la cría selectiva o, en otras palabras, es: la selección artificial.* Sin embargo, como en las poblaciones naturales hay otra fuerza que juega un papel importante y que es la fuerza de la selección natural. En la selección natural no somos nosotros sino el medio ambiente el que determina la supervivencia y el éxito reproductivo de los animales. Por lo tanto, después de haber decidido qué animales queremos como padres, todavía tienen que ser capaces de sobrevivir hasta la edad reproductiva y ser capaces de reproducirse con éxito. Como pueden imaginar, la selección natural

La selección también da lugar a un cambio direccional en el promedio de la población. Los animales se adaptan a su entorno y los que mejor lo hagan serán los más exitosos en la supervivencia y la reproducción. En otras palabras: en la selección natural la dirección de la selección está en la adaptación al medio ambiente.

### *Definición*

*La selección natural es el proceso en el que los animales que se adaptan mejor a su entorno tienen más posibilidades de sobrevivir y producir más descendencia que los animales menos adaptados. Así, la próxima generación, en promedio, estará más adaptada que la actual.*

Aunque la cría y del mejoramiento animal se definen como la selección intencional por parte de los seres humanos, se puede ver que la selección natural también jugará un papel. ***En algunos casos la selección natural incluso trabajará en la dirección opuesta a la cría selectiva.*** En esos casos, sin la intervención humana, los animales con las cualidades deseadas tendrán menos éxito para sobrevivir y/o producir descendencia. Por ejemplo, el hecho de que en muchas vacas exista una relación negativa entre la alta producción de leche y el hecho de poder quedar preñadas, muestra que los animales con la calidad deseada: alta producción de leche, tienen menos probabilidades de producir descendencia a menos que el criador ponga un esfuerzo adicional en ello. ***Además, el hecho de que las vacas de muy alta producción suelen tener problemas de salud indica que sus posibilidades de producir descendencia son menores en comparación con sus "hermanas" de producción más media.*** La cría selectiva a menudo compite con la selección natural. Nos hemos familiarizado tanto con el hecho de que algunos de los mejores animales de una raza requieren asistencia en algunos aspectos de su supervivencia y/o reproducción que pensamos que es normal. Los animales domésticos son "creados" por los humanos y para mantenerlos debemos aceptar que poseen ciertas desventajas. Pero, ¿hasta dónde debemos llegar? Por ejemplo, algunas razas de perros y ganado vacuno han sido seleccionadas de tal manera el tamaño y forma de la cabeza y los hombros son excesivamente amplios. Pero ser anchos de hombros (o cabezudos) crea problemas de nacimiento. Sin la intervención humana, como la asistencia en el parto, o incluso una cesárea, tanto la madre como la descendencia morirían. En otras palabras: es bueno vigilar las consecuencias no deseadas de la cría selectiva.

### 3. Capítulo 1.3 Domesticación y cría y mejoramiento animal

Ahora discutiremos la historia de los animales domésticos y la cría de animales. ¿Cuándo comenzó la domesticación, cuándo y cómo se organizó la cría selectiva, cuál es el papel de la ciencia en la cría de animales, cómo han evolucionado las técnicas de cría hasta ahora, y cuál es el papel de la sociedad y la cultura en todo esto? Para empezar con la primera pregunta: ¿cómo y cuándo comenzó todo esto?

#### *Definición*

*La domesticación es el proceso de conversión de los animales salvajes en domésticos.*

Los animales domésticos necesitan vivir en (estrecha) asociación con los humanos, por lo tanto, tienen que ser domesticados. También tienen que cumplir con las expectativas de sus dueños con el fin de mantenerlos. Esto puede lograrse mediante la cría selectiva. Las expectativas de los propietarios cambiarán con el tiempo, seguido de un cambio en el plan de cría selectiva. La domesticación a menudo ha dado lugar a un tipo de animales que se ha convertido en bastante diferente de sus homólogos salvajes. Como resultado, la domesticación a menudo implica también el desarrollo de una dependencia de los seres humanos, de modo que los animales pierden su capacidad de vivir en el medio silvestre.

#### **Domesticación del perro**

La primera especie animal en ser domesticada fue el perro. Las estimaciones de cuándo ocurrió esto varían *mucho*, pero fue hace aproximadamente 12.000 años. Una teoría atractiva de cómo ocurrió esto es que cuando la gente empezó a establecerse y a convertirse en granjeros, también empezaron a acumular residuos. Los lobos, más mansos que el promedio, fueron lo suficientemente valientes como para comer de esos desechos y así tuvieron una fuente segura de alimento. Esto era una ventaja, por lo que la presión de la selección natural, era que los lobos debían no tener mucho miedo de los humanos. Con el tiempo, se desarrolló una especie de relación simbiótica, en la que estos antepasados del perro comenzaron a realizar "tareas" como advertir a los humanos de que se acercaban al peligro, ayudar en la caza, proporcionar calor, etc. y a cambio estos animales recibirían seguridad alimentaria. Este tipo de relación simbiótica sigue presente en las poblaciones de perros de aldea en África y Asia, y también en algunos países del sur de Europa. Se cree que nuestras actuales razas de perros domésticos se originan de estos perros de aldea. Hay pruebas de que genéticamente los perros de la aldea están entre los lobos y los perros.

#### **La domesticación de otras especies**

La relación simbiótica, por ejemplo, entre el humano y los ancestros del perro, probablemente es bastante única para los perros. Otros tipos de animales pueden haber sido domesticados de forma menos amigable. Fueron capturados y puestos en un recinto o atados, al menos durante la noche, y sólo se les permitía salir a pastar o a hurgar bajo la supervisión de un pastor. Sólo aquellos animales que no eran agresivos, pero tampoco demasiado tímidos, lograron adaptarse a estas nuevas circunstancias. Así que la cría selectiva (principalmente natural) también en estos casos fue por temperamento. En la tabla encontrará una lista de animales domésticos con su tiempo y lugar aproximado de domesticación. Esto es aproximado, porque especialmente para los tiempos antiguos es difícil hacer una estimación exacta. Pero incluso los eventos recientes no siempre son sencillos. Porque, ¿cuándo se llama a un animal domesticado? ¿Y qué pasa si ocurrió en más de un lugar simultáneamente pero independientemente de cada uno?

Tabla 1. Lista de animales domésticos en los primeros tiempos.

<b>Especie</b>	<b>Latín</b>	<b>Fecha</b>	<b>Ubicación</b>
Perro	<i>Canis lupus familiaris</i>	>30,000 BC	Eurasia
Oveja	<i>Ovis orientalisaries</i>	11000 - 9000 BC	Asia Occidental
Cerdo	<i>Sus scrofa domestica</i>	9000 BC	Cercano Oriente, China, Alemania
Cabra	<i>Capra aegagrus hircus</i>	8000 BC	Irán
Ganado bovino taurino	<i>Bos primigenius Taurus</i>	8000 BC	India, Cercano Oriente, África Norte
Ganado bovino cebú	<i>Bos primigenius indicus</i>	8000 BC	India
Gato	<i>Felis catus</i>	7500 BC	Chipre y Cercano Oriente
Pollos y Gallinas	<i>Gallus gallus domesticus</i>	6000 BC	India and South East Asia
Llama	<i>Lama glama</i>	6000 BC	Perú
Conejitos de india	<i>Cavia porcellus</i>	5000 BC	Perú
Asno	<i>Equus africanus asinus</i>	5000 BC	Egipto
Pato doméstico	<i>Anas platyrhynchos domesticus</i>	4000 BC	China
Búfalo	<i>Bubalus bubalis</i>	4000 BC	India, China
Caballo	<i>Equus ferus caballus</i>	4000 BC	Estepa euroasiática
Dromedario	<i>Camelus dromedaries</i>	4000 BC	Arabia
Abejas	<i>Apis</i>	4000 BC	Múltiples lugares
Polilla de la seda	<i>Bombyx mori</i>	3000 BC	China
Reno	<i>Rangifer tarandus</i>	3000 BC	Rusia
Paloma	<i>Columba livia</i>	3000 BC	Mar Mediterráneo
Ganzo	<i>Anseranser domesticus</i>	3000 BC	Egipto
Camello	<i>Camelus bactrianus</i>	2500 BC	Central Asia
Yak	<i>Bos grunniens</i>	2500 BC	Tibet
Asian elephant	<i>Elephas maximus</i>	2000 BC	Cultura del valle del Indo
Alpaca	<i>Vicugna pacos</i>	1500 BC	Peru
Hurón	<i>Mustela putorius furo</i>	1500 BC	Europa
Carpa	<i>Cyprinus carpio</i>	Desconocido	Asia Oriental
Pavo doméstico	<i>Meleagris gallopavo</i>	500 BC	Mexico
Pez dorado	<i>Carassius aura tusaauratus</i>	Desconocido	China
Conejo europeo	<i>Oryctola guscuniculus</i>	600	Europa
Codorniz japonesa	<i>Coturnix japonica</i>	1100–1900	Japón
Canario	<i>Serinus canaria domestica</i>	1600	Islas Canarias
Rata	<i>Rattus norvegicus</i>	1800s	Reino Unido

Zorro	<i>Vulpes vulpes</i>	1800s	Europa
Nutria	<i>Mustela lutreola</i>	1800s	Europa
Cotorra o cacaúta europea	<i>Nymphicus hollandicus</i>	1870s	Europa
Pájaro diamante cebrá	<i>Taenio pygiaguttata</i>	1900s	Australia
Hamster	<i>Mesocricetus auratus</i>	1930s	Estados Unidos
Zorro gris	<i>Vulpes vulpes</i>	1950s	Unión Soviética
Pitón	<i>Python regius</i>	1960s	África
Ciervo colorado	<i>Cervus elaphus</i>	1970s	Nueva Zelanda
Salmon del atlántico	<i>Salmo salar</i>	1969	Noruega
Bacalao	<i>Gadus Morhua</i>	On going	Noruega

#### 4 Capítulo 1.4 La domesticación continúa

La domesticación no es sólo de la antigüedad. ¡Sigue ocurriendo hoy en día! A menudo se trata de especies que se utilizan para el consumo humano o como acompañantes, y que se vuelven raras en su hábitat natural. Para evitar la extinción, la gente intenta criarlas en cautiverio. A cambio, los beneficios son el fácil acceso a los animales y la posibilidad de optimizarlos mediante la cría selectiva a las demandas (esperadas) del mercado. Y "mercado" es un concepto muy amplio: demanda de alimentos de origen animal, pero también demandas de los agricultores para, por ejemplo, vacas lecheras que puedan ser ordeñadas por un robot, demanda de perros que puedan realizar ciertas tareas, demanda de caballos con cierto temperamento, etc. Allí son algunas ocasiones (raras) en las que se inventan nuevas tareas para ciertas especies animales, potencialmente seguidas de la domesticación. Un ejemplo reciente puede ser el del uso de "avispa rastreadoras" para la detección de explosivos. Estas avispas están entrenadas para oler diferentes tipos de explosivos y, posteriormente, se utilizan en lugares donde es demasiado peligroso para las personas (o los perros) ir. Debido a que las avispas son pequeñas y pueden volar, pueden ir a lugares donde los robots no pueden ir. Posiblemente estas avispas en el futuro serán diferentes de las avispas salvajes. Esto se debe a la selección direccional en, por ejemplo, la capacidad de entrenamiento.

##### ***Prerrequisitos para la domesticación***

La domesticación no siempre es exitosa. A pesar de muchos intentos, la cebrá, por ejemplo, no ha sido domesticada. Aunque está estrechamente relacionada con el caballo y el burro y se puede mantener en un área cerrada donde sobrevivirá y se reproducirá, aparte del caso excepcional, no ha sido domesticada con éxito. Varias generaciones en cautiverio y alguna crianza selectiva no hicieron que la cebrá fuera genéticamente domesticada para que pudiera ser montada. ¿Por qué? La gente no está segura, pero hay una lista de prerrequisitos para la domesticación exitosa que parecen sostenerse. La cebrá puede no cumplir uno o más de ellos. Los aparentes prerrequisitos son:

1. Los animales deben ser capaces de adaptarse al tipo de alimentación que les ofrece el hombre. Esto puede ser diferente (en la diversidad) de lo que estaban acostumbrados en la naturaleza.
2. El animal debe ser capaz de sobrevivir y reproducirse en los espacios relativamente cerrados del cautiverio. Los animales que necesitan un territorio muy grande no son aptos para ser domesticados.
3. Los animales necesitan estar tranquilos por naturaleza. Los animales muy asustadizos o nerviosos serán difíciles de evitar que se escapen.
4. Los animales necesitan estar dispuestos a reconocer a los humanos como sus superiores, lo que significa que deben tener una jerarquía social flexible.
5. Las especies animales que no cumplan todos los criterios anteriores serán muy difíciles de domesticar. Pero un buen número de especies animales han sido domesticadas, y el número sigue

aumentando. La domesticación temprana probablemente fue impulsada principalmente por la selección natural: los animales que mejor se manejaron fueron los que más éxito tuvieron en producir la siguiente generación. La verdadera cría selectiva es de origen bastante reciente.

## **5. Capítulo 1.5 Origen de la cría y mejoramiento de animales: una historia de la ciencia**

### *El comienzo en el siglo XVIII (18)*

Hasta aproximadamente el 1700 la cría y mejoramiento de animales, como la cría selectiva, no existía realmente. Por supuesto que la gente apareaba sus animales con los animales del vecindario que les gustaban. No había una forma sistemática de seleccionar animales para la reproducción, basada en características predefinidas que no cambiaban de un apareamiento a otro, sino que permanecían similares en el tiempo. En Europa, el origen de la cría y mejoramiento de animales se encuentra en el Reino Unido. Fue Sir Robert Bakewell (1725 -1795) que introdujo el mantenimiento de registros precisos del rendimiento de los animales para que fuera posible una selección objetiva. Utilizó la endogamia (apareamiento de animales emparentados con rasgos similares) para fijar ciertas características en los animales y también introdujo la prueba de progenie: el método de evaluar el rendimiento del primer (pequeño) grupo de progenie y utilizar esa información para seleccionar al mejor padre de la futura progenie. Promovió la idea de "criar al mejor para el mejor". Bakewell desarrolló la oveja New Leicester a partir de la antigua raza Lincolnshire. La New Leicester tenía un vellón de buena calidad y un buen hombro graso que era popular en ese momento. Bakewell también notó que el ganado Longhorn crecía bien y usaba menos alimento en comparación con otras reses. Así que lo desarrolló más para poder cultivar más carne de manera eficiente. Es increíble que lo hiciera sin saber nada de genética.

### *El establecimiento de los libros de cría y mejoramiento animal*

Con el tiempo aumentó el número de personas que utilizaban el enfoque de reproducción selectiva introducido por Bakewell. Con el creciente número de generaciones de cría selectiva, se hizo cada vez más difícil recordar las relaciones entre los animales, especialmente más atrás en el pedigrí. Esta fue la razón para empezar a registrar el pedigrí en papel, para que la información correcta pudiera ser reproducida y se pudiera probar que un animal era de una cierta raza. El primer libro de herraje fue para el caballo de pura sangre y se estableció en Inglaterra en 1791. Este libro no contenía todos los pedigrís, sino sólo los de los caballos que ganaban carreras importantes. Después de los caballos de carrera, el ganado Shorthorn (1822) fue el siguiente en iniciar un libro de historia. En el resto de Europa, los libros de parientes sólo empezaron a establecerse a partir de 1826 para los caballos (en Francia), y a partir de 1855 para ganado (también en Francia). El primer libro genealógico internacional se estableció para los cerdos americanos de Berkshire en 1876. El primer perro de los Países Bajos fue registrado por el Koninklijke Nederlandsche Jachtvereniging Nimrod (predecesor del Raad van Beheer op Kynologisch Gebied en Holanda) en 1874. Después del cambio de siglo, la cría y mejoramiento de animales dentro de los marcos de los manuales se convirtió en estándar.

### *Creación de razas*

Con el establecimiento de los libros de registros, se formaron las razas. Todavía hay un debate sobre cuál es la verdadera definición del término "raza". Esto queda bien ilustrado en la cría de perros por el hecho de que la Fédération Cynologique Internationale (FCI), la federación internacional de clubes caninos, que son organizaciones nacionales a través de los libros de genealogías, reconoce 339 razas separadas, mientras que el Kennelclub inglés reconoce 210 razas, y el Kennelclub Americano incluso sólo 162.

### **Definiciones**

**Razas:** *Se trata de un grupo de animales de una especie que, a través de generaciones de cruza selectivas, se ha uniformado en cuanto a su rendimiento, apariencia y selección.*

Es interesante darse cuenta de que estos libros genealógicos se establecieron sin ningún conocimiento sobre la genética. Criadores que les interesaba la herencia y la especie, fue suficiente para inventar esta crianza selectiva

*Especie: es el mayor grupo de animales que es capaz de cruzarse y dar descendencia fértil.*

## 6. Cría y mejoramiento en el siglo 19

En 1859, Charles Darwin (1809 - 1882) publicó su libro "Sobre el origen de las especies", basado en los hallazgos que recogió durante su viaje en el "Beagle". Descubrió las fuerzas de la selección natural. También concluyó que los individuos que mejor se adaptan a su entorno tienen más posibilidades de sobrevivir y reproducirse: son los más aptos. En consecuencia, los diferentes ambientes resultan en diferentes direcciones de presión de selección. Basó esto en sus hallazgos en las islas Galápagos, donde los pinzones de una isla eran diferentes de los pinzones de la siguiente. Su conclusión fue que la diferencia en la fuente de alimento, los depredadores presentes, etc. entre las islas había hecho que los pinzones se desarrollaran de manera diferente a lo largo de muchas generaciones. Se adaptaron a sus entornos específicos.

Darwin también tradujo sus ideas a las especies domesticadas: No podemos suponer que todas las razas se produjeron tan de repente y con una perfecta apariencia como los vemos ahora; de hecho, en varios casos, sabemos que esto no ha sido esa su historia. El poder de selección acumulativa del hombre: la naturaleza le da variaciones sucesivas; el hombre a las razas a ciertas direcciones que le son útiles, en este sentido puede decir que le hace útiles "C. Darwin". Sobre el origen de las especies (1859, p.30)

Aun así, Darwin no conocía las leyes básicas de la herencia. Fue el monje Gregor Mendel, quien en 1865 publicó los resultados de sus estudios de la herencia genética en los guisantes de jardín. Demostró que el material genético se hereda de ambos padres, independientemente el uno del otro. Y que cada individuo (diploide) lleva así 2 copias del mismo gen, de las cuales sólo 1 se transmite a su descendencia. La cual es el resultado del azar (surtido independiente). También demostró que estas copias del gen (alelos) pueden ser dominantes (sólo 1 copia determina la expresión del gen), recesivas (se necesitan 2 copias para la expresión) o aditivas (una copia de ambos alelos da como resultado una expresión intermedia a la de tener 2 copias de cualquiera de los alelos). Estos hallazgos no tuvieron un impacto inmediato en la cría y mejoramiento de animales y no se reconocieron como importantes hasta 1900.

## 7. 1.7 Siglo 20

La mayor parte de la teoría de la cría y mejoramiento de animales que todavía usamos hoy en día, fue inventada en la primera mitad del siglo XX. *El estadístico R. A. Fisher (1890 - 1962)* demostró que la *diversidad de expresión de un rasgo podía depender de la participación de un gran número de los llamados factores mendelianos (genes)*. Publicó muchas cosas relacionadas con la estadística y la cría y mejoramiento de animales, pero su *documento principal salió en 1918. Fisher, junto con Sewall Wright (1889 - 1988) y J.B.S. Haldane, fueron los fundadores de la genética poblacional teórica. Thomas Hunt Morgan (1866-1945) y sus colaboradores conectaron la teoría de la herencia de los cromosomas con el trabajo de Mendel y crearon una teoría en la que se creía que los cromosomas de las células llevaban el material hereditario real. Morgan ganó el premio Nobel por ello en 1933.*

En la primera mitad del siglo XX la Universidad Estatal de Iowa en Ames, Iowa, EE.UU. era el lugar para estar. Fue el hogar de *Jay L. Lush (1896 - 1982)*, conocido como el padre moderno de la cría y mejoramiento de animales. Abogó por que en lugar de la apariencia subjetiva, la cría y mejoramiento de animales se basara en una combinación de estadísticas cuantitativas e

información genética. Su libro *"Animal Breeding Plans"*, publicado en 1937, influyó enormemente en la cría y mejoramiento de animales en todo el mundo. Lanoy Nelson Hazel (1911-1992) se inspiró en el libro de Lush y comenzó a trabajar para él, también en Ames. Recibió su título de doctorado en 1941 y en esa tesis doctoral desarrolló la teoría del índice de selección, un método utilizado durante décadas para determinar qué pesos deben ponerse en los diferentes rasgos bajo selección. En el proceso de desarrollo de este método también se le ocurrió un concepto sobre cómo estimar las correlaciones genéticas. Esto es esencial para asignar el peso adecuado a los rasgos de selección. Hazel también desarrolló un método que utiliza los mínimos cuadrados, una técnica estadística, para datos más complicados con números desiguales de subclases como suele ocurrir en los datos de animales. Hasta entonces, las técnicas estadísticas de Hazel se utilizaban para optimizar el peso de los rendimientos de los distintos rasgos en los animales para seleccionar aquellos con la combinación más óptima. *El valor de cría estimado (ebv de "estimated breeding value) sólo fue desarrollado más tarde por el estadístico C. R. Henderson (1911 - 1989),* quien fue estudiante de Hazel en Ames. El valor estimado de cría permitió clasificar a los animales según su potencial genético estimado (el EBV), lo que dio lugar a resultados de selección más precisos y por lo tanto una mejora genética más rápida a través de las generaciones. Henderson mejoró aún más la exactitud del valor estimado de reproducción al *derivar la mejor predicción lineal sin sesgo (BLUP) del ebv en 1950,* pero el término sólo se utilizó desde 1960. *También sugirió integrar el pedigrí completo de la población para incluir las relaciones genéticas entre los individuos.* De esta forma, el rendimiento de los parientes podría incluirse en la estimación del valor de cría de un individuo. *Así nació el llamado modelo animal.* Por desgracia, en aquellos días la potencia del ordenador era demasiado limitada para poder calcular también los valores de cría utilizando el modelo animal. *La implementación práctica tuvo que esperar hasta finales de los años 80. Las grandes mentes actuales que han desarrollado una forma de incorporar la información del ADN a gran escala que se ha hecho disponible en la teoría del modelo animal (BLUP) para estimar los llamados valores de reproducción genómica son Theo Meuwissen (actualmente profesor en Ås, Noruega) y Mike Goddard (actualmente profesor en Melbourne, Australia).*

*Galería de personas relacionadas con los avances en la cría y mejoramiento de animales*



**Sir Robert Bakewell** (Fundador de la cría y mejoramiento animal)



**Georg Mendel** (Herencia Mendeliana)

Genética cuantitativa:



**R.A. Fisher**



**S. Wright**



**J.B.S. Haldane**



**J. L. Lush** (Padre de la cría y mejoramiento animal)



**L.N. Hazel** (Teoría de índice de selección)



**C. R. Henderson** (Modelo Animal BLUP)



**T. Meuwissen M. Goddard**  
(Selección genómica)

### 8. 1.8 Introducción a la cría y mejoramiento animal

Hasta 1953, los científicos utilizaban estadísticas y presuntos mecanismos para hacer

predicciones sobre la herencia. Nadie sabía exactamente cuál era el mecanismo detrás de esto. Pero en 1953 Watson y Crick, usando los resultados de las investigaciones de Wilkins y Franklin, descubrieron la estructura de doble hélice del ADN y juntos ganaron el premio Nobel por su descubrimiento. Desde el descubrimiento de la estructura del ADN han pasado muchas cosas. Al principio, el estudio del ADN fue muy laborioso y por lo tanto también muy costoso. Hoy en día los robots pueden realizar genotipos a gran escala, por ejemplo, de más de 60.000 marcadores genéticos en miles de individuos en un tiempo muy limitado. Un marcador genético puede considerarse una especie de "bandera" en el genoma. Se conoce su ubicación y composición ("aparición"). Estos marcadores genéticos pueden, por ejemplo, utilizarse para comparar animales basándose en el aspecto de las distintas marcadoras genéticas.

La idea principal detrás de la selección genómica es que la asociación entre la composición del ADN y el rendimiento de los animales puede añadir al valor de cría estimado, o incluso sustituirlo. Debido a que ya no hay que esperar a que el fenotipo pueda ser medido en los animales, ya que se tiene la información del ADN asociado, se pueden seleccionar animales ya a una edad muy temprana y no hay que esperar a que se conviertan en adultos. También puedes usar esto, por ejemplo, para rasgos que son difíciles de medir, como los relacionados con enfermedades. El objetivo sería prevenir enfermedades en tantos animales como sea posible. Sería muy deseable que sólo fuera necesario infectar un número limitado de animales y medir su respuesta a la infección, vincular eso con su ADN y utilizar ese vínculo estimado para predecir la sensibilidad de otros animales a esa enfermedad basándose en su ADN, sin tener que infectarlos. Más sobre la selección genómica más adelante en este libro. **Meuwissen y Goddard (y sus colaboradores) incluso dan un paso más y ya trabajan en métodos para incorporar secuencias genómicas completas (todo el ADN de un individuo) en la estimación de los valores de reproducción genómica.** Pero la disponibilidad a gran escala de secuencias completas es todavía algo del futuro, ya que actualmente es todavía demasiado caro. Pero los desarrollos van rápido, hay que estar preparado para el futuro.

### **9. 1.9 Mejoramiento animal: asociación con requerimientos de la sociedad**

En los Países Bajos, y en otros países desarrollados, la cría y mejoramiento de animales, y especialmente la cría y mejoramiento de animales de granja, se ha convertido en una industria profesional con tecnologías modernas, recopilación de datos a gran escala y análisis. Esto ha dado como resultado programas de cría y mejoramiento muy eficientes y efectivos, produciendo muchos miles de animales mejorados genéticamente para diferentes partes del mundo. Sin embargo, para esta cría y mejoramiento de animales a gran escala se requiere una gran infraestructura, combinada con una recopilación de datos de alta calidad, una gran capacidad de computación y personas altamente educadas para llevar a cabo el programa de cría y mejoramiento. Este nivel de organización no está disponible en todas las partes del mundo (todavía). Especialmente en los países en desarrollo la situación es similar a la que existía en Europa antes de la Revolución Industrial (que comenzó alrededor de 1750). En esos países en desarrollo los animales se mantienen con múltiples propósitos: para producir alimentos, mano de obra (poder de tracción), calor, para sus pieles y/o lana, su estiércol se utiliza como fertilizante para la tierra y también como combustible para el fuego, como cuenta de ahorros (vender un animal cuando sea necesario), y para aumentar el estatus social (más es mejor). El excedente de animales o productos animales se vende en el mercado. También en los países en desarrollo se procura mejorar la productividad de los animales para aumentar el bienestar de las personas de sus propietarios, generalmente pobres. Para nosotros es evidente que los animales de una determinada raza son uniformes en cuanto a tipo y rendimiento, que la cría selectiva suele estar bien organizada y estructurada, y que existe la infraestructura necesaria. En muchos países en desarrollo este no es el caso (todavía). Sin embargo, se ha desarrollado un número cada vez mayor de programas de cría selectiva en una gran variedad de países, y muchos de ellos tienen bastante éxito. El creciente nivel de educación en esos países es un factor importante de ese éxito.

### *Novedades que afectan a la cría y mejoramiento de animales*

Mucho sucedió en el siglo XX, con su influencia en la cría y mejoramiento de animales. La revolución industrial cambió la sociedad enormemente. La gente se trasladó de las granjas a las ciudades para trabajar en las fábricas, por lo que menos granjeros estaban disponibles para la producción de alimentos. Se necesitaba una mayor producción por granja. Simultáneamente, los desarrollos técnicos fueron rápidos. El tren se introdujo a finales del 1800, el coche a principios del 1900, y el avión poco después. El uso del tractor en las granjas se hizo más común en los años 50. Alrededor de la Segunda Guerra Mundial se introdujo la inseminación artificial en el ganado, para que un padre soltero pudiera producir más descendencia. Con la introducción del almacenamiento de semen en nitrógeno líquido, las posibilidades de utilizar extensamente un padre soltero en una gran área se hicieron aún mayores. La introducción de estos desarrollos técnicos tuvo su impacto en el uso de los animales. Esto fue especialmente el caso de los bueyes y los caballos. Donde los bueyes y los caballos eran la principal fuente de mano de obra para trabajar la tierra, la introducción del tractor hizo que esos animales fueran superfluos. Los bueyes ya no se retenían, sino que se sacrificaban a una edad más temprana. Los caballos pasaron por tiempos difíciles, ya que no tenían mucho uso. No fue sino hasta 1960 que los caballos de deporte se hicieron populares. En el pasado, el deporte sólo lo practicaban oficiales del ejército y hombres ricos. Cuando la equitación se hizo más popular entre las mujeres, y especialmente cuando se hizo disponible para más que los muy ricos, el número de caballos aumentó de nuevo.

### **La producción de alimentos es importante en muchas especies**

Después de la Segunda Guerra Mundial estaba muy claro que la producción de alimentos debía tener una prioridad muy alta. La intención era que los alimentos de suficiente calidad y cantidad estuvieran disponibles para todos a un precio asequible. Por lo tanto, los animales deberían ser más productivos. Esto podría lograrse mediante la cría selectiva, pero también mediante el ajuste de la gestión. Los cerdos y los pollos se mantuvieron bajo circunstancias controladas para que el alimento que comían fuera de igual calidad y la ingesta de alimentos pudiera asignarse a la producción, y no a cosas innecesarias como mantener el calor, o combatir las infecciones. En consecuencia, los animales se mantuvieron en circunstancias muy eficientes y controladas, tan confinados y en el interior. Las granjas se especializaban más en (sólo unos pocos tipos de) cultivos o animales. En aquellos días también se hizo más fácil transportar grandes cantidades de mercancías a largas distancias, especialmente por mar. En los Países Bajos esto significó que se hizo posible importar grandes cantidades de cultivos tropicales como la tapioca y la soja. Estos productos relativamente baratos se utilizaron como reemplazo de los (costosos) granos como materia prima para la producción de concentrados. Donde los cerdos solían ser animales que se mantenían en combinación con otros tipos de agricultura porque podían digerir muchas sobras, la disponibilidad de estos concentrados hizo posible iniciar granjas porcinas especializadas. Y lo mismo ocurre con las granjas avícolas. Debido a que los bueyes ya no se necesitaban, y su cultivo hasta el peso de la matanza era bastante caro, los terneros que no se utilizaban para el reemplazo en la lechería, los agricultores se especializaron en alojar estos terneros y los venden a una edad bastante temprana y con eso nació una nueva rama: *el crecimiento de los terneros de cría*.

## **10. 1.10 Organización de las actividades del programa de cría y mejoramiento**

### *Inicio de la organización de las actividades de cría y mejoramiento*

Los registros de cría y mejoramiento de cerdos, caballos y ganado se organizaron a nivel regional. Los propietarios de los potenciales machos reproductores llevaban esos animales a exposiciones

donde se les juzgaba por su aspecto y los propietarios de las hembras podían verlos para decidir con cuál criar. Los criadores de cerdos fueron los primeros en dejar de exhibir sus verracos en público a finales de los años 60, seguidos por los criadores de ganado lechero y sus toros en los años 70. Las razones principales fueron prevenir la propagación de enfermedades infecciosas, y que las cifras de producción se habían vuelto más importantes que las apariencias. Para la exportación (también de semen) es importante que se pueda probar que los animales nunca han estado en contacto con ciertos patógenos. Los sementales se siguen mostrando en los espectáculos, y también se utilizan en las competiciones de equitación. Hoy en día, todos los caballos que participan en espectáculos y/o competiciones son vacunados. En los caballos, cada raza tiene su propio estándar. Hay algunas excepciones, especialmente en la cría de caballos de deporte, donde no es tanto la raza, sino más bien el tipo de caballo lo que interesa. El caballo de sangre caliente holandés (KWPN), por ejemplo, se ha desarrollado desde un registro de libro genealógico de caballos originalmente holandeses hasta un registro de caballos criados en los Países Bajos. Su objetivo es la cría y mejoramiento de caballos de deporte de gran éxito. Este estándar racial está abierto y orientado al mercado, en lugar de centrarse en la cría pura. Se permite el uso de sementales de otros países, siempre y cuando hayan sido aprobados por el KWPN.

### *Organización de la cría y mejoramiento en la actualidad*

En la cría comercial de animales de granja la situación cambió bastante drásticamente. De granjeros que poseían machos y hembras, a compañías de inseminación artificial (IA) que poseían los machos (en el ganado) y más tarde también hembras reproductoras (en los cerdos). El número de propietarios de animales de pedigrí ha disminuido drásticamente en los últimos decenios, pasando de muchos registros regionales a un único registro nacional (en el caso del ganado vacuno) o a empresas internacionales de cría y mejoramiento (en el caso de los cerdos). Al principio, los libros genealógicos se fusionaron para combinar fuerzas, pero más tarde también porque las empresas más grandes se hicieron cargo de las más pequeñas. Los criadores de aves de corral comenzaron a especializarse completamente en la cría y mejoramiento de gallinas ponedoras o pollos de engorde y a vender eso como un producto, en lugar de huevos o carne. Estaban desarrollando su propio sistema de registro de pedigrí. En la cría y mejoramiento de ganado, los machos son propiedad de una empresa, pero (la mayoría de) las hembras son de propiedad privada. La compañía de cría y mejoramiento vende semen como producto principal, no animales. Así que en cierto modo venden la mitad del producto final: el ternero, la otra mitad, el ovocito (es decir, la vaca), es de propiedad privada. La situación es muy diferente para las empresas de cría y mejoramiento de cerdos y aves de corral. Sus productos finales son animales.

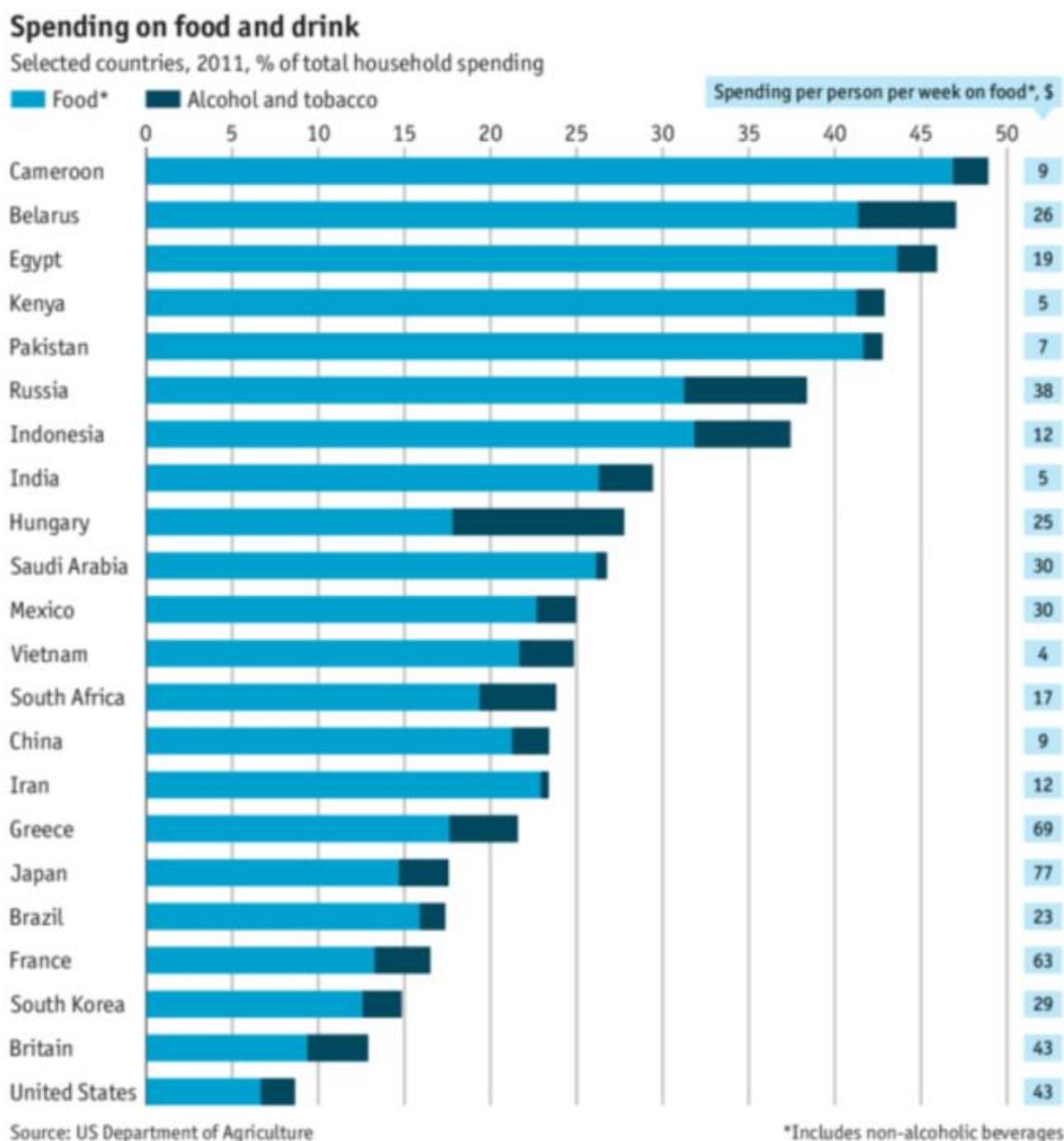
Esto significa que, si otras personas se apoderan de sus animales originales, pueden duplicar el producto y no tener los costos de desarrollo. Esta es una razón importante por la que las empresas de cría y mejoramiento de cerdos y aves de corral no venden animales de pura raza: entonces regalarían su genética. ***Al vender animales cruzados o semen de animales cruzados, no venden las razas puras para que nadie pueda reproducir el producto final. Las compañías comerciales a menudo mantienen múltiples razas o líneas. Las empresas de cría y mejoramiento de cerdos y aves de corral mantienen múltiples líneas para combinarlas en los productos finales, por lo que también mantienen múltiples registros de pedigrí.*** Pero cuando compras sus productos no recibirás información específica sobre el pedigrí. **Los registros de pedigrí son sólo para su propio uso en la cría selectiva. En los Países Bajos, hay dos compañías que cría y mejoramiento en cerdos: TOPIGS e Hypor (Hendrix-Genetics). En las gallinas ponedoras (ISA) y Turquía (Híbrido), Hendrix-Genetics es también el propietario. La cría y mejoramiento de pollos de engorde está en manos de una empresa estadounidense llamada Cobb, y la división en los Países Bajos pertenece a Cobb Europa. A nivel mundial, el número de empresas de cría y mejoramiento está disminuyendo, especialmente en lo que se refiere a la cría y mejoramiento de aves de corral. En gallinas ponedoras y en pollos de engorde sólo quedan 2**

grandes empresas de reproducción. En cerdos hay unas pocas más, pero sólo 5 más grandes. En el ganado vacuno hay un fuerte intercambio internacional de semen para muchas razas. Así que, en la práctica, especialmente en la Frisona Holstein (holando), la población se ha convertido en una, pero con registros superpuestos. En resumen: la cría y mejoramiento de animales de granja es una industria cada vez más global.

Diferente de la cría y mejoramiento de caballos y animales de compañía. Especialmente los libros de registro de cría de caballos de deporte están operando cada vez más a nivel internacional y de competición. En los Países Bajos el mayor libro de cría de caballos de deporte es el KWPN. Son muy exitosos internacionalmente en la cría de caballos de doma y salto. Los sementales son aprobados por el studbook después de pasar por estrictos criterios de selección. El KWPN es un libro de sementales abierto, lo que significa que no se limita a los caballos nacidos y criados en Holanda, sino que también aprueba sementales de otros libros de sementales, siempre que pasen los criterios de selección.

### 11. 1.11 Relación de la Sociedad con el mejoramiento genético

Entonces, ¿dónde estamos hoy? Los cambios que ocurrieron en el campo de la cría de animales siempre han estado relacionados con los cambios en la sociedad. Se trataba de una combinación de la disponibilidad de técnicas y la demanda del mercado. Entonces, ¿qué cambios actuales pueden tener un reflejo en la cría de animales? Una gran diferencia en el mundo desarrollado de hoy en comparación con hace 30 años es que la gente es relativamente rica y/o la comida se ha vuelto relativamente barata. El porcentaje del gasto medio de ingresos en alimentos en los Países Bajos ha disminuido del 24% en 1980 a sólo el 9,8% en 2010. En promedio, la gente de los países europeos gasta alrededor del 12% de sus ingresos en alimentos, mientras que la gente en Rusia gasta el 31%, en la India el 36%, y en algunos países de África Oriental incluso más del 50% (datos de la FAO).



**Figura 1:** Gasto de los ingresos familiares en alimentos y bebidas

La comida barata significa que puedes conseguir más por tu dinero. En el mundo occidental hay una creciente preocupación de la gente por la forma en que se producen sus alimentos. Debería ser saludable y natural y ser producida localmente. Además, los productos animales también deben ser producidos de forma respetuosa con el bienestar. En nuestra cultura esto se considera muy normal, pero es un signo definitivo de riqueza que la gente pueda permitirse el lujo de preocuparse por estos temas. En las zonas más pobres del mundo la principal preocupación es tener suficientes alimentos de suficiente calidad, la forma en que se produjeron no es una prioridad.

### *Desafíos para el futuro*

La población mundial está creciendo rápidamente, especialmente en las zonas urbanas (véase la figura). Todas estas personas necesitan ser alimentadas. ***En este momento estamos usando el doble de los recursos que deberían usarse para asegurar la supervivencia de nuestro planeta.***

Al mismo tiempo, alrededor del 20% de los alimentos se desperdician en los países desarrollados, mientras que en los países en desarrollo sigue habiendo una considerable escasez de alimentos. El desafío para el futuro es reducir el desperdicio en el mundo desarrollado, aumentar la disponibilidad de alimentos en el mundo en desarrollo y hacerlo con una huella de carbono reducida. Un desafío adicional radica en el hecho de que el combustible fósil es sustituido por el biocombustible. Muchos cultivos como el trigo o la caña de azúcar se utilizan para la producción de biocombustibles a expensas de la producción de alimentos.

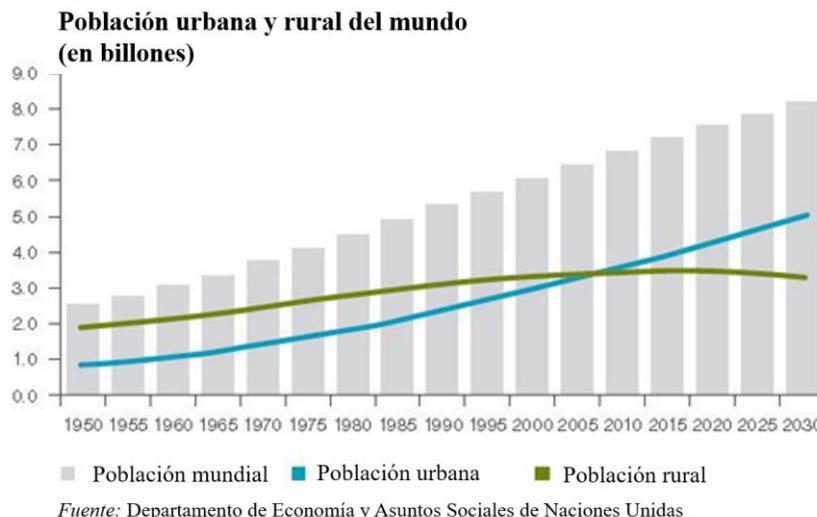


Figura 2: Crecimiento de la población urbana

En resumen, hay una serie de acontecimientos que la industria de la cría y mejoramiento de animales debe anticipar. Como la cría de animales de granja se ha convertido en una industria global, las empresas de cría y mejoramiento necesitan desarrollar productos que se ajusten a los diversos mercados. En los Países Bajos hay un grupo creciente de clientes que quieren gastar su dinero en productos con una atención extra para la producción ecológica y respetuosa con los animales. En otras partes del mundo la principal preocupación sigue siendo alimentar a la familia, y allí el énfasis está más en el precio que en el método de producción. Las empresas de cría y mejoramiento de animales suministran a ambos mercados. Pero las empresas de cría y mejoramiento de animales también tienen la obligación moral de criar animales que pueden producir los productos para los mercados específicos teniendo en cuenta la huella de carbono que dejan. Por ejemplo, se está investigando si los cerdos y los pollos pueden funcionar con piensos

que contengan productos de desecho de la industria de los biocombustibles. Y en la cría de ganado se están desarrollando métodos para reducir la emisión de metano a través de la cría selectiva.

### 12. 1.12 Resultados del mejoramiento animal

La cría selectiva de animales ya tiene casi 300 años de historia. Se ha logrado mucho desde entonces. Se han logrado resultados obvios en el campo de la cría y mejoramiento de perros. La cría selectiva ha producido perros muy altos como el Irish Wolfhound (>71 cm), perros muy pesados, como el Boerboel (50-80 kg), perros muy pequeños como el Chihuahua (20 cm), perros muy rápidos como el Greyhound (17.5 m/seg), y muchas más razas con diferente apariencia y propósitos. El resultado del progreso genético varía de generación en generación, dependiendo de la técnica utilizada para seleccionar los animales para la cría. La introducción de nuevas técnicas de mejora y reproducción permitieron seleccionar los mejores animales para la cría y mejoramiento con mayor precisión y eficiencia. Especialmente la introducción de técnicas de reproducción como la inseminación artificial (IA), que hizo posible tener grandes cantidades de descendientes por padre, y seleccionar sólo los mejores machos para la cría, sin disminuir la población en tamaño. No se dispone de técnicas con un efecto similar en el número de descendientes por padre para la reproducción de las hembras, sin embargo, en las hembras las técnicas como el trasplante de embriones (ET) o la captación de óvulos han hecho posible producir un número mucho mayor de descendientes de hembras de excelencia, que, con las técnicas de reproducción normales, sólo era posible tener una o pocas descendientes por año.

#### *Resultados obtenidos en la cría y mejoramiento de ganado lechero*

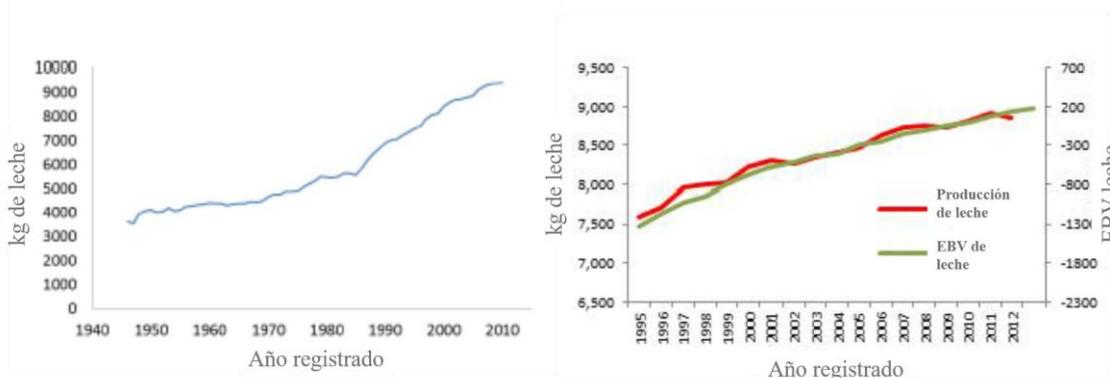


Figura 3. A la izquierda está la tendencia fenotípica de la producción de leche de las vacas lecheras holandesas en blanco y negro en el período 1945 - 2010. A la derecha se muestra la tendencia fenotípica (rojo) comparada con la tendencia genética estimada (verde) de la producción de leche de las vacas lecheras holandesas en blanco y negro en el período 1995 - 2013. EBV = valor de cría estimado (fuente: CRV, Países Bajos).

En la Figura 3 de la izquierda se ve el aumento de la producción de leche en los Países Bajos entre 1945 y 2000. El aumento hasta 1970 es mucho menos pronunciado que el de 1990 en adelante. Las razones de esto son muchas, pero las más importantes son el **fuerte aumento en el uso de la IA para que fuera posible una mayor selección en los toros, la introducción de técnicas más precisas para estimar los valores de cría, la introducción del ordeño automático y el establo libre en lugar del establo atado, y una nutrición de mejor calidad**. En el gráfico de la derecha se muestra la tendencia fenotípica comparada con la tendencia genética en el período 1995 - 2013. Se observa que el aumento de la producción de leche fenotípica (= realizada) en ese período, es muy similar al aumento estimado del potencial genético para la producción de leche: en ambos

casos aproximadamente 1500 kg. Esto indica que las mejoras sistemáticas en el medio ambiente, como el ordeño automático, el alojamiento suelto y la calidad de la dieta tienen efectos similares en todas las vacas.

*Resultados obtenidos en la cría y mejoramiento de aves de corral*

En la figura 4 se ven ejemplos de lo que se ha logrado en la cría y mejoramiento de pollos de engorde y gallinas ponedoras desde los años 50. En la figura de la izquierda se ve que, aunque el efecto de la mejora de la nutrición está presente en los pollos de engorde, **la cría selectiva es la razón más importante del fuerte aumento del peso corporal en las semanas de tamaño**. Es increíble darse cuenta de que **la cría selectiva ha aumentado el peso corporal a los 84 días de 1907 g en 1957 a 5958 g en 2001**, ambos con la misma dieta. **¡El peso se ha más que triplicado en tamaño!** En las gallinas ponedoras el efecto de la cría selectiva no es tan grande, pero **también aquí en 43 años de cría selectiva las gallinas empiezan a poner 28 días (=15%) antes, ponen 7 g (=12,5%) huevos más pesados, ponen más huevos, y utilizan alrededor de un 10% menos de alimento para hacerlo! Y eso fue en 1993, la selección ha continuado desde entonces. El peso corporal de las gallinas ponedoras ha permanecido aproximadamente igual.**

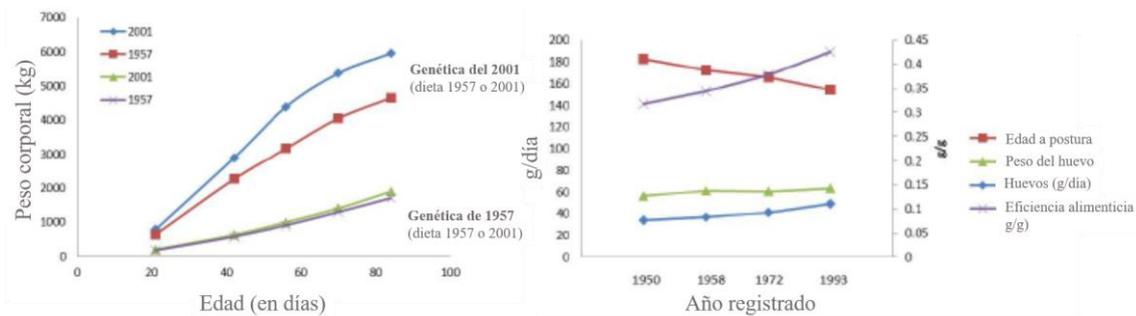


Figura 4. A la izquierda se muestra el efecto de la mejora de la genética y la nutrición sobre el peso a edades fijas en 2001, en comparación con 1957 en los pollos de engorde (después de Havenstein et al., 2003). A la derecha está el efecto de la cría selectiva en gallinas ponedoras sobre la edad del primer huevo, el peso y la masa del huevo, y la eficiencia de la alimentación en el período de 1950 a 1993 (después de Jones et al., 2001).

*Los resultados obtenidos en la cría y mejoramiento de caballos*

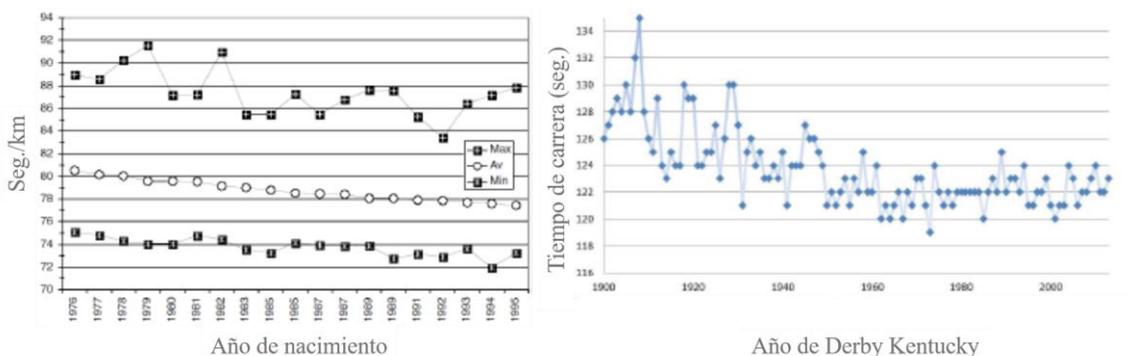


Figura 5. A la izquierda se observa la tendencia en la velocidad de caballos de carrera machos, suecos, en el período 1976 a 1996 (Fuente: Arnasson, 2001), y a la derecha se observa la tendencia fenotípica de los caballos ganadores del Derby Kentucky, entre 1900 y 2013 (Fuente: <http://www.horsehats.com/KentuckyDerbyWinners.html>).

En los caballos de carrera, la cría selectiva ha dado lugar a una disminución lineal de los tiempos kilométricos (velocidad de carrera) de aproximadamente 1 segundo en 20 años (véase la figura 5). No hay pruebas de que este ritmo de mejora vaya a disminuir. En los caballos de carreras la

historia comienza también con mucho éxito. La cría selectiva ha hecho que los caballos corran más rápido. Sin embargo, para los caballos de carrera la historia de éxito parece detenerse a principios de los años 50. El récord del Derby de Kentucky, cuyos tiempos de victoria están graficados en la figura 5, ¡data de 1973! Aunque la cría selectiva ha continuado, y con más avanzadas técnicas los animales no se han vuelto más rápidos. ¿Qué ha pasado? Eso todavía no está claro, porque todavía hay pruebas de variación genética, por lo que algunos animales son genéticamente superiores a otros, y hay una selección de cualidades de carrera. La persona que sabe cómo aumentar la velocidad de los caballos de carrera se volvería muy rica.

### Resultados obtenidos en la cría y mejoramiento de cerdos

En los cerdos de nuevo se puede contar una historia similar. En la figura 6 se ven los resultados de 10 años de crianza selectiva sobre el crecimiento, el ojo del lomo (la parte más cara de la carne), el menor contenido de grasa (espesor del tocino dorsal) y el rendimiento reproductivo (número de lechones nacidos vivos). También aquí hay un claro aumento de los rasgos que generan ingresos (músculo del lomo y lechones vivos), y una disminución de los factores que cuestan dinero, como la grasa y los días hasta el sacrificio.

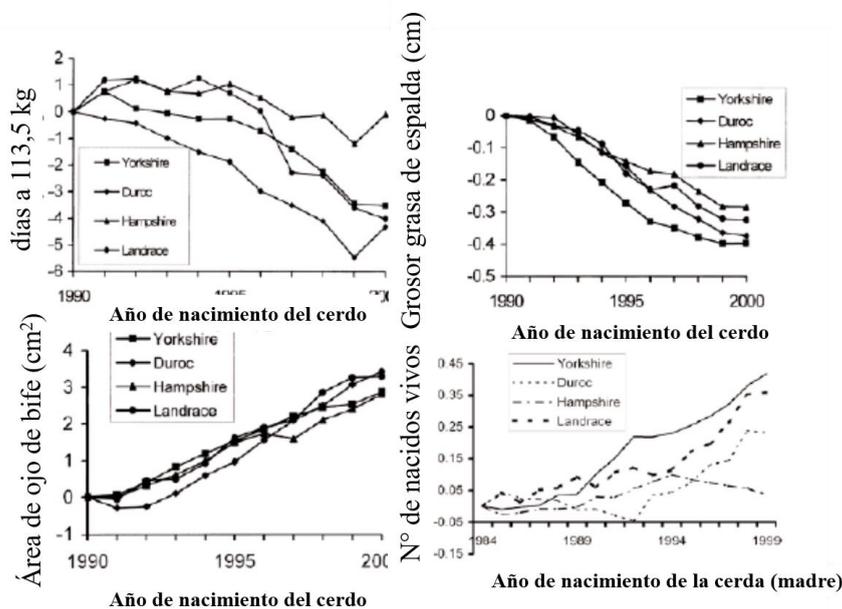


Figura 6. Tendencias fenotípicas para los días hasta 113,5 kg, espesor del tocino dorsal, área del ojo del lomo, y número de nacidos vivos en cuatro razas de cerdos en establecimientos registrados en los EE.UU. en el período 1990 - 2000 (Fuente: Chen et al, 2002, 2003).

### 13. 1.13 Efectos negativos del mejoramiento genético

No todo es positivo lo que ha resultado de las prácticas de cría y mejoramiento de animales. Hay ejemplos en los que la cría selectiva ha ido demasiado lejos. También hay ejemplos en los que la cría selectiva no sólo ha mejorado ciertos rendimientos, sino que simultáneamente y sin quererlo también ha deteriorado otros rendimientos que no estaban bajo selección: las llamadas respuestas **con correlación negativa o correlaciones negativas**. Ambos tipos de respuestas negativas a la cría selectiva son difíciles de predecir y normalmente sólo se notan después. Esto se debe a que lleva un tiempo darse cuenta de que los efectos negativos son estructurales y no una coincidencia, y que se producen con una frecuencia cada vez mayor en toda la población. **Incluso entonces, a**

*veces se necesita dar un paso atrás para darse cuenta de las consecuencias negativas. Los cambios van despacio, así que te acostumbras a ellos.*

#### *Efectos negativos en la cría y mejoramiento de perros*

*Algunos ejemplos claros de selección que ha ido demasiado lejos se pueden encontrar en la cría de perros. Esto se debe en parte a que la cría selectiva de perros tiene una larga historia, pero sobre todo porque algunas razas de perros se seleccionan principalmente por su apariencia. Y la apariencia más extrema tiende a ser considerada la mejor, por lo que la selección en esas razas ha sido, y sigue siendo, por la apariencia extrema (para algunos ejemplos ver Figura 7). El hecho de que la forma del cráneo en algunas razas dificulta que coman alimentos normales debido a que la mandíbula superior es mucho más corta que la inferior, como en el caso del **Boxer o el Bulldog, o la respiración, como en el caso de todas las razas con una mandíbula superior corta que da como resultado una cara plana, o dar a luz o incluso aparearse sin intervención médica (e. por ejemplo, el Bulldog), o cuando existe el riesgo de que los ojos se salgan de la órbita porque el cráneo es demasiado pequeño para sus ojos (por ejemplo, el Pekinés, el Chihuahua), son claros ejemplos de selección llevada demasiado lejos.** Y la mayoría de estos ejemplos sólo están relacionados con el cráneo. Otras características de la raza que no están aumentando el bienestar del perro son, por ejemplo, las **orejas demasiado largas, de modo que las infecciones son comunes (por ejemplo, el Basset Hound), o la espalda y el cuello largos, de modo que la enfermedad del disco intervertebral se ha vuelto común (por ejemplo, el Dachshund), o demasiada piel, de modo que la inflamación entre los pliegues se vuelve común (por ejemplo, el Bulldog), o la espalda inclinada, de modo que los problemas de cadera son comunes (por ejemplo, el Perro Pastor Alemán).** Todos los ejemplos se refieren a la cría selectiva y a la toma de razas cada vez más extremas, porque **con eso se gana la exposición.** Mirando hacia atrás sólo nos damos cuenta de que nosotros también hemos ido lejos. Y esa comprensión llega muy lentamente porque la gente se acostumbra a los animales con ciertas características. No los consideran anormales durante mucho tiempo. Es importante darse cuenta de que estos **efectos pueden ser revertidos seleccionando en la dirección opuesta.***

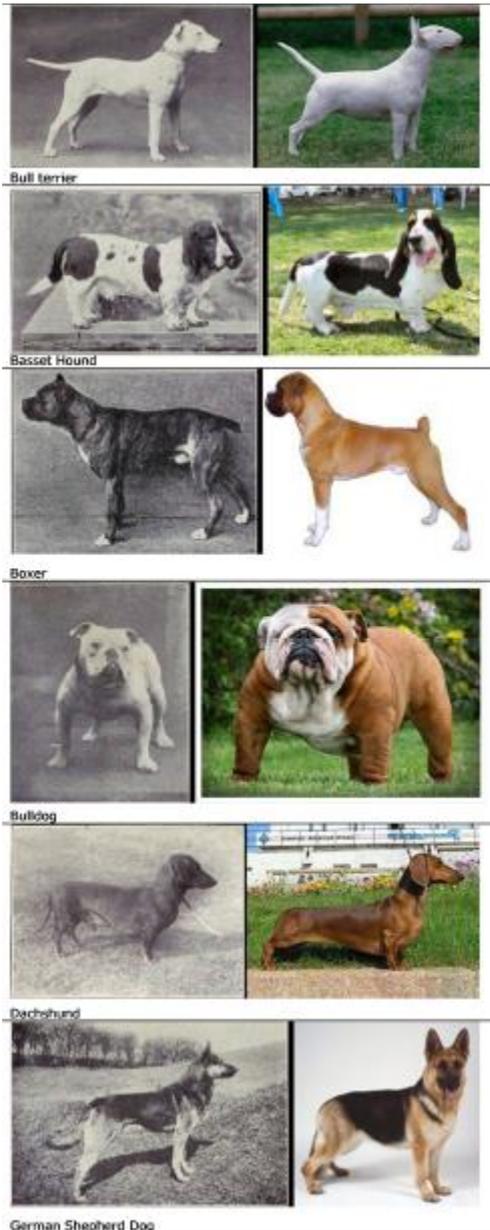


Figura 7: Ejemplos de representantes de razas de perros en "Perros de todas las naciones" (Mason, 1915) y en 2012, respectivamente, del Bull Carrier, Basset Hound, Boxer, Bulldog, Dachshund y Pastor Alemán.

<https://dogbehaviorscience.wordpress.com/2012/09/29/100-years-of-breed-improvement/>

### *Efectos negativos de la cría y mejoramiento en los animales de granja*

No es sólo en los perros es donde hemos llevado la cría selectiva un paso demasiado lejos. La selección de crías grandes ha dado como resultado una alta fracción de nacimientos difíciles, que a veces requieren cesáreas en las ovejas raza Texel, e incluso casi como una forma estándar de parto en las razas de ganado vacuno Belgian White and Blue Holandés y en el ganado rojo y blanco. En la oveja de Texel la selección contra los nacimientos difíciles ha dado lugar a una fracción decreciente de nacimientos que requieren asistencia. En este caso el proceso podría ser invertido. Pero en el ganado belga blanco y azul y el holandés mejorado rojo y blanco la situación es más problemática y el proceso de reparación llevará muchas generaciones.

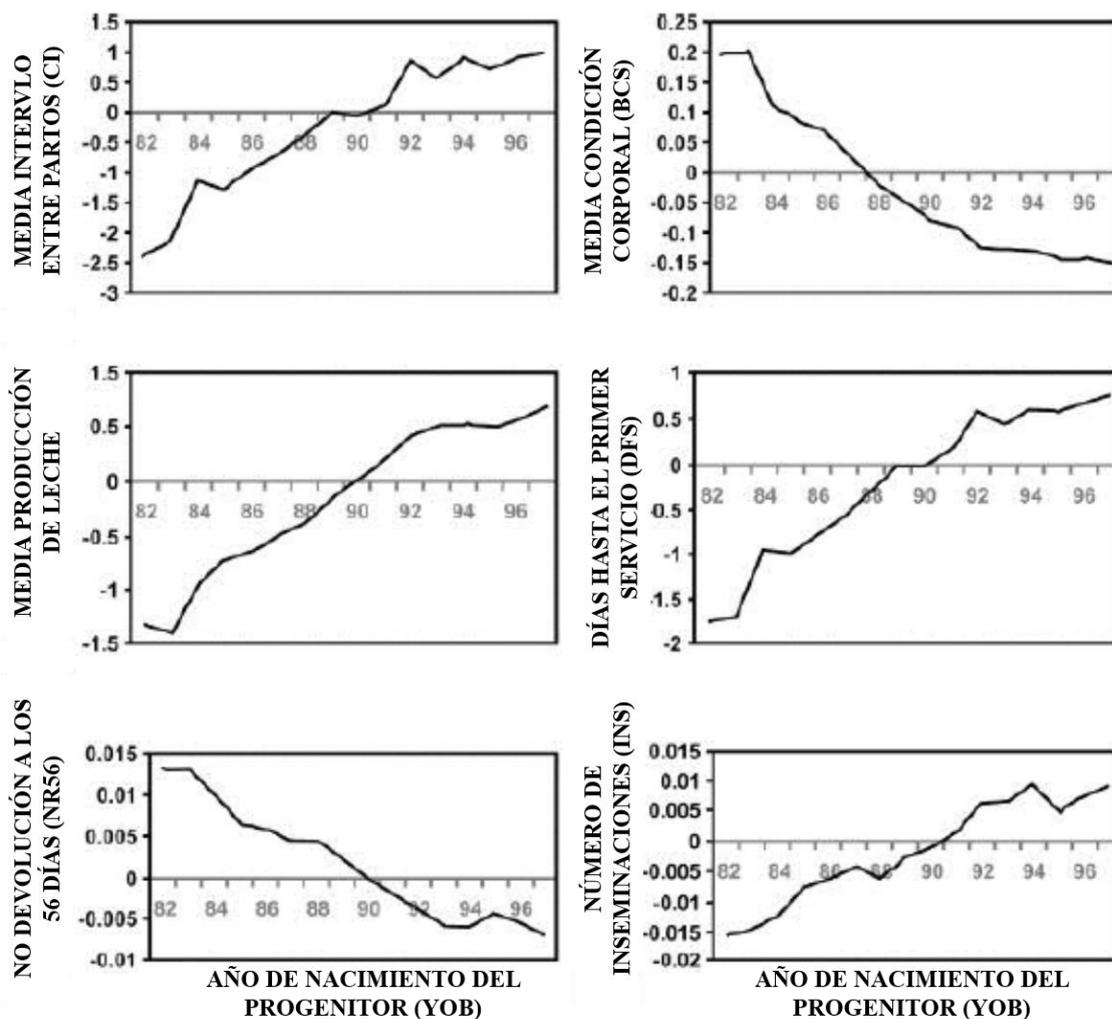


Figura 8. Tendencias genéticas de una serie de rasgos relacionados con la fertilidad en el ganado lechero del Reino Unido, expresadas como las capacidades de transmisión predichas (PTA) por año de nacimiento del progenitor (YOB), para el intervalo de parto (CI), la puntuación de la condición corporal (BCS), la leche, los días hasta el primer servicio (DFS), la no devolución a los 56 días (NR56) y el número de inseminaciones (INS). Un PTA es igual a la mitad del valor estimado de cría: la parte que se transmite a la descendencia (DEP). Fuente: Wall et al., 2003

Los problemas de **nacimiento no son la única consecuencia negativa no intencionada de la cría selectiva en animales de granja**. Recuerden que la intención era producir mucha comida, pero barata para que estuviera disponible para todos. Esto ha dado lugar a sistemas de cría intensiva, como en la cría y mejoramiento de cerdos y aves de corral, donde los productos animales deben ser producidos con los menores costos posibles. Así que un crecimiento rápido o más huevos con menos alimento. Esto ha ido muy bien durante muchos años y los criadores realmente pensaron que no habría límites a las mejoras genéticas a medida que la producción aumentara linealmente. Desafortunadamente, en la década de 1980 se hizo más claro que también había algunas consecuencias negativas de la fuerte selección para los rasgos de rendimiento. *Por ejemplo, los pollos de engorde comenzaron a mostrar problemas de salud metabólica debido al rápido crecimiento, las gallinas ponedoras comenzaron a tener más fracturas óseas porque no podían manejar la suficiente ingesta de calcio para depositar en el creciente número de huevos, las vacas lecheras y las cerdas comenzaron a mostrar una reducción de la fertilidad durante el período de alta producción.* Esto se ilustra en la figura 6, donde las tendencias en el parto.

El intervalo, la puntuación de la condición corporal, la producción de leche, los días hasta la primera inseminación, la tasa de no retorno y el número medio de inseminaciones necesarias

por embarazo se representan como capacidades de transmisión previstas (PTA). Estas PTA o DEPs en castellano (diferencia esperada en la progenie) se utilizan especialmente en el Reino Unido para indicar qué parte del valor de la cría se transmite a la descendencia. Desde que esos problemas se hicieron evidentes, la presión de selección ha pasado de ser principalmente por mayor rendimiento, a prestar mucha más atención a la salud animal y al rendimiento reproductivo (nuevos objetivos de selección). **Este cambio ha sido la tendencia en todas las especies de animales de granja. En la figura con el ejemplo de las vacas lecheras este cambio de atención ha comenzado a principios de los años 90**, como puede verse en el aplanamiento de las pendientes de las líneas.

#### 14. 1.14 Claves en el mejoramiento animal

1. En la cría y mejoramiento de animales, la gente *selecciona los animales* que producirán la próxima generación de animales que son, *en promedio, superiores a la actual generación de animales*.

2. La selección por la naturaleza, *la selección natural, es muy importante para la adaptación de los animales a las circunstancias en las que se crían*.

3. Un importante requisito previo para el éxito de la cría y mejoramiento de animales es *que los rasgos sean heredables*, lo que implica que la capacidad para el rasgo se transmite de padres a descendientes.

4. La domesticación de los animales comenzó con el perro. Más tarde, los animales de granja fueron domesticados.

*La domesticación de una especie requiere rasgos específicos*. Dentro de las especies domesticadas el proceso aún continúa debido a los nuevos requerimientos causados por el cambio de circunstancias.

5. *La cría selectiva de animales comenzó hace 250 años* con la formación de razas y libros de registro. La base científica de la cría y mejoramiento de animales se desarrolla en el *siglo XX*. La aplicación de los *desarrollos científicos en la reproducción en los últimos 50 años* hizo que la cría y mejoramiento de animales fuera más efectiva. *Recientemente recibió un fuerte impulso de los desarrollos en genética molecular*.

6. *Las actividades de cría y mejoramiento están directamente influenciadas y relacionadas con los desarrollos de la sociedad*: la producción de alimentos necesarios para los animales y las necesidades del hombre de animales de compañía y de ocio.

7. *Los programas de cría y mejoramiento de ganado, cerdos y aves de corral produjeron fuertes aumentos en la cantidad de leche, carne o huevos. También las capacidades de los caballos mejoraron notablemente*.

8. La cría y mejoramiento de animales no sólo dio resultados positivos: *en los perros la endogamia y la selección unilateral de los rasgos de conformación dio lugar a perros con más problemas de salud y menos bienestar. En los animales de granja la selección para el rendimiento implica un riesgo de deterioro de la calidad y de los rasgos de conformación*.

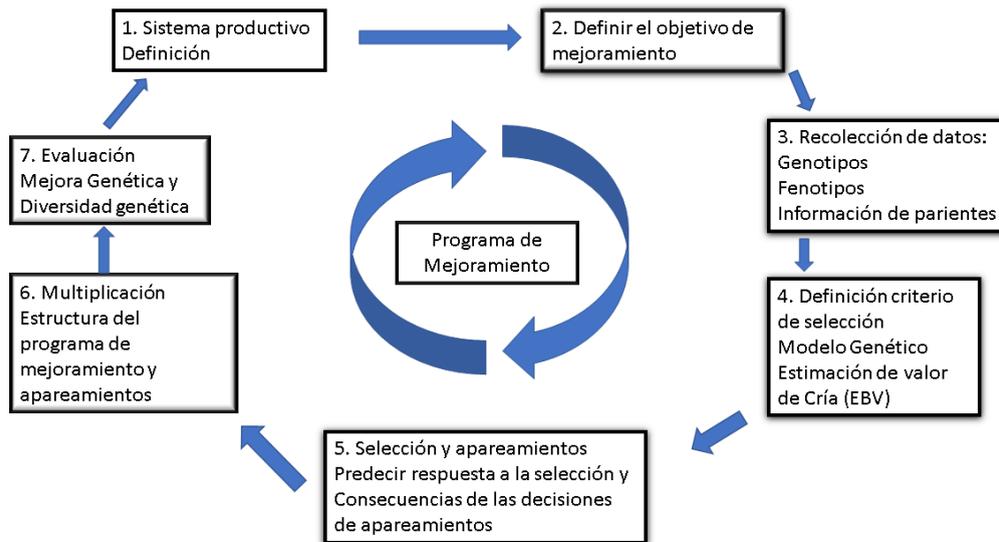
## **Capítulo 2:** Conceptos básicos de la cría y mejoramiento de animales

## **Tabla de contenidos**

- 1 Capítulo 2.1 Puesta en marcha de un programa de cría y mejoramiento animal
- 2 Capítulo 2.2 El ADN como portador de información genética
- 3 Capítulo 2.3 Estructura y composición de los cromosomas
- 4 Capítulo 2.4 La transferencia de cromosomas y genes de los padres a su descendencia
- 5 Capítulo 2.5 La expresión de genes, de sus alelos, en el fenotipo
- 6 Capítulo 2.6 La meiosis crea diferencias entre la descendencia de un individuo
- 7 Capítulo 2.7 Familiares que comparten ADN similar, están emparentados
- 8 Capítulo 2.8 Aspectos críticos de conceptos básicos de la cría y mejoramiento de animales

## Programa de cría y mejoramiento genético de animales

Los programas de cría de animales se basan en el hecho de que los rasgos de los padres se ven reflejados en mayor o menor medida en su descendencia. Esto es causado por el hecho de que los rasgos o caracteres (*traits*) son más o menos heredables y que el 50% del ADN, que comprende la capacidad heredable para los rasgos de un animal, se transmite de los padres a su descendencia. En animales de cría, los potenciales padres se seleccionan por ciertos rasgos y los mejores se utilizan de hecho como padres. De este modo, la próxima generación será mejorado genéticamente para los rasgos deseados. Para actividades de reproducción programadas para el largo plazo es necesario un programa de cría, como se ilustra en el siguiente:



### 1. Capítulo 2.1 Puesta en marcha de un programa de mejoramiento

#### Sistema de producción

En primer lugar, la puesta en marcha de un programa de mejoramiento se inicia con una descripción del sistema de producción (1). En términos más generales, consiste en conocer la forma en cómo se mantienen y con qué propósito se crían los animales. ¿Qué es relevante con respecto a esto último? Por ejemplo, para un pequeño perro que se mantiene solo para animal de compañía en una casa con todas las comodidades, su comportamiento y su salud son dos aspectos importantes.

Para ovejas de climas cálidos y áridos mantenidas en condiciones severas durante todo el año, los rasgos de aptitud y comportamiento de pastoreo son relevantes. Para el crecimiento de pollos de engorde en los sistemas intensivos con altos costos de producción, el crecimiento diario es decisivo.

#### Objetivo de mejoramiento

En segundo lugar, la cuestión de qué rasgos se deben mejorar en las próximas generaciones. ¿Cuál será el objetivo (s) a mejorar (2)? Esta pregunta está muy relacionada con las razones por las que mantienen a los animales. Este proceso merece un estudio en profundidad, ya que el mejoramiento de animales a largo plazo solo es efectivo cuando el programa de mejoramiento se mantiene durante muchas generaciones.

Entre algunos ejemplos de objetivos de mejoramiento podemos mencionar mejoras en los rasgos de la producción, calidad del producto, características de salud y bienestar, rasgos de conformación, el rendimiento deportivo, fertilidad, etc.

## **Recolección de información**

En tercer lugar, sabiendo el objetivo de la selección, se debe recolectar información relevante (3). Asociado a esto, los rasgos de los animales, también conocido como fenotipo, pueden ayudar a establecer el valor de un animal con respecto a la meta de reproducción. Cuando el rendimiento de salto es un rasgo objetivo en la cría de caballos, se recogen entonces datos sobre performance en salto. Cuando la fertilidad de los cerdos está en el objetivo de selección, los rasgos de la camada se registran. Otra información relevante es el pedigrí de los animales. La mejora de animales no es más que tratar de pasar capacidades genéticas de una generación a la siguiente. Cuando se desea realizar un seguimiento o influir en este proceso de pasar los rasgos hereditarios, un registro de las relaciones padres e hijos, el pedigrí de un animal, es crucial. Y hoy en día, el análisis de ADN es posible, e incluso practicado, para rastrear e influenciar la transmisión de determinantes genéticos para ciertos *traits* o rasgos.

## **Estimación del valor de cría y criterios de selección**

En cuarto lugar, conociendo el objetivo de selección y luego de registrar rasgos relevantes de los potenciales progenitores, se realiza la selección de los progenitores y se excluyen aquellos que no van a usarse para reproducción.

Basado en un modelo genético, un modelo estadístico que incluye información de pedigrí, se estima un valor de cría para un rasgo. Hoy en día, si la información del ADN de los animales está disponible, también puede ser utilizado para estimar los valores de cría. El valor estimado de cría indica el valor del animal con respecto al objetivo de selección: los más bajos tendrán un efecto negativo sobre el mejoramiento, mientras que los más altos permitirán acercarnos al valor objetivo de nuestro plan de mejora genético.

## **Selección y el apareamiento**

En quinto lugar, dado los valores de cría estimados (EBV ó *Estimated Breeding Value*) de padres y madres, se realiza la selección de los padres. (5). Aquellos con un EBV superior a la media poblacional van a mejorar los rasgos objetivos del plan de mejora en la próxima generación. Por ejemplo, cuando un grupo de vacas lecheras que poseen los mayores EBV para rendimiento de leche, son seleccionadas con progenitoras para la siguiente generación, su descendencia hembra va a producir más leche que la generación actual de vacas lecheras.

La selección adecuada de los padres dará una respuesta de selección positiva en las próximas generaciones. La selección crea avances en los rasgos objetivo del plan de mejoramiento genético.

Después de la selección de los padres, se debe escoger quién se aparea con quien. Es decir, qué hembra con qué macho. Esto puede hacerse en base a la información del pedigree disponible para los rasgos objetivos a mejorar.

## **Diseminación/Multiplicación de la ganancia genética**

En sexto lugar, en muchos esquemas de mejoramiento, el número de animales de los que se lleva registro de sus características es bastante pequeño en relación a la población de animales utilizados para fines productivos. La multiplicación de la respuesta a la selección depende de la estructura de los programas de mejoramiento.

En los programas de aves y cerdos la selección se realiza en lo más alto del programa de mejora, y a través de “generaciones multiplicadoras” la respuesta a la selección obtenida en la parte superior se disemina a los animales productores de carne y huevos. En el mejoramiento del ganado, las técnicas de reproducción artificial, en especial las técnicas de inseminación artificial, dan la posibilidad de producir un numero alto de descendencia, diseminando ampliamente así

los genes de los animales superiores.

La selección de un grupo reducido de animales puede tener un impacto muy grande en los rasgos de una población. En los esquemas de los programas de mejoramiento comerciales, por ejemplo, se cruzan líneas especializadas de cerdo y aves. Cada una de estas líneas son seleccionadas por rasgos específicos, y cruzadas en la fase de multiplicación para obtener así progenie híbrida que combina los rasgos de las líneas usadas como parentales.

### **Evaluación de los resultados**

En séptimo lugar, el programa de cría debe ser evaluado regularmente (7). La primera pregunta es: ¿alcanzamos nuestros objetivos? ¿Es la nueva generación de los animales mejor con respecto a nuestro objetivo de mejoramiento? ¿Observamos efectos no deseados producto de la selección? Por ejemplo, ¿nos dimos cuenta de un mejor crecimiento de nuestros animales productores de carne, pero tienen más problemas con sus aplomos que sus padres? La segunda pregunta es: ¿qué ha pasado con el parentesco entre los animales de la nueva generación? ¿Están más emparentados entre sí que con sus padres, debido al hecho de que se emplearon como padres individuos fuertemente emparentados? ¿Disminuimos la diversidad genética de la población?

Entonces, el círculo de mejoramiento comienza de nuevo con una revisión crítica a los cambios en el sistema de producción. Las preguntas a ser respondidas son: ¿cambian los requisitos del mercado, por ejemplo, carne de cerdo de diferente calidad? ¿Las circunstancias de producción cambian? por ejemplo, ¿se espera que se suprima la cuota de producción de leche para las granjas lecheras en el futuro próximo?

## **2. Capítulo 2.2 de ADN como almacenamiento de información**

*DNA como forma de almacenamiento de la información genética pasa a la siguiente generación*

Como criador quieres transferir el mejor material genético que puedas obtener de la generación presente y transmitirla a la próxima generación. Este material genético se almacena en los cromosomas en el núcleo de todas las células de los animales que pueden ser seleccionados como padres para la próxima generación. Este proceso de transferencia tiene lugar con la transferencia de los cromosomas conteniendo los genes a través de la síntesis de células germinales, esto es, espermatozoides y ovocitos en las gónadas. La combinación de un espermatozoide y un ovocito en un cigoto es el punto de partida de un nuevo animal con una composición genética única. En la transferencia de cromosomas de los padres a la descendencia la meiosis juega un papel importante. Hace que la transferencia sea determinada, en cierta medida por leyes, reconocidas por Mendel (véase el capítulo 1) y en cierta medida por procesos azarosos.

Las leyes conectan genéticamente a los parientes, por ejemplo, los padres y su descendencia: los padres comparten cada uno el 50% de los cromosomas, el mismo ADN y por lo tanto el mismo valor genético con su descendencia. Por lo tanto, los rasgos fenotípicos de los padres, se pueden encontrar en los rasgos fenotípicos de su descendencia, basados en los genes que obtuvieron de sus padres. En conclusión: la descendencia y progenitores y, más en general, los animales emparentados comparten una parte de su ADN; ellos tienen una relación genética.

### **Los cromosomas como unidades de ADN**

Las células del cuerpo de los mamíferos y las aves tienen un núcleo donde se encuentran pares de cromosomas (unidades de ADN). Cada especie tiene un número específico de cromosomas como se ilustra en la tabla siguiente:

Número de pares de cromosomas para diferentes especies:

Especies	Número de pares de cromosomas
Hombre	23
Vacas	30
Caballo	32
Cerdo	19
Oveja	27
Cabra	30
Conejo	22
Pollo	39
Pato	40

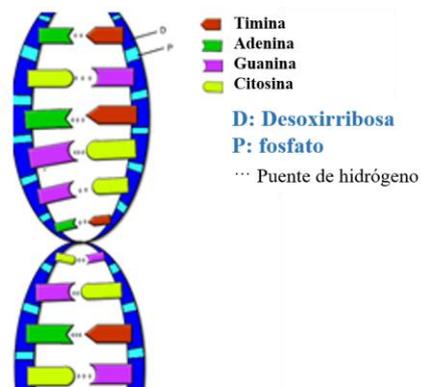
### 3. Capítulo 2.3. Estructura y composición de los cromosomas

El diferente número de cromosomas impide el cruzamiento entre diferentes especies. En la formación de un cigoto producto de la fusión de un espermatozoide y un ovocito los cromosomas se reagrupan de a pares. Si hay un número diferente de cromosomas en el espermatozoide y en el óvulo, como ocurre si provienen de diferentes especies, el proceso de agrupación de cromosomas de a pares falla.

Desde el punto de vista químico, el ADN es un polímero de nucleótidos, es decir, un polinucleótido. Cada nucleótido, a su tiempo, está formado por un glúcido (la desoxirribosa), una base nitrogenada (que puede ser adenina→A, timina→T, citosina→C o guanina→G) y un grupo fosfato (derivado del ácido fosfórico). Lo que distingue a un polinucleótido de otro es, entonces, la base nitrogenada, y por ello la secuencia del ADN se especifica nombrando solo la secuencia de sus bases. La disposición secuencial de estas cuatro bases a lo largo de la cadena es la que codifica la información genética, siguiendo el siguiente criterio de complementariedad: A-T y G-C. Esto se debe a que la adenina y la guanina son de mayor tamaño que la timina y la citosina, por lo que este criterio permite cumplir una uniformidad. En los organismos vivos, el ADN se presenta como una doble cadena de nucleótidos, en la que las dos hebras están unidas entre sí por unas conexiones denominadas puentes de hidrógeno.

## ADN

- Nucleótido
- Cada nucleótido: 1 de 4 pares de bases
- Pares de bases: T, A, C, G
- Regiones codificantes y no codificantes:
  - 95% ADN: no codificante
  - Pero con un sentido!! Ya lo verás



#### 4. Capítulo 2.4. La transferencia de cromosomas y genes de padres a hijos

Para entender las relaciones genéticas entre los animales emparentados es necesario entender qué sucede en la formación de los espermatozoides, ovocitos y cigotos como el inicio de un nuevo animal. En los mamíferos y las aves todas las células del cuerpo de un individuo son diploides: todos los cromosomas en el núcleo de una célula están presentes de a dos (agrupados de a pares).

##### *Definiciones*

Un **cromosoma** es un bloque discreto de ADN y es una de las estructuras básicas del genoma. Todo el ADN nuclear está organizado en cromosomas cuyo número varía según la especie animal. Los genes que se ubican sobre el mismo cromosoma están ligados y tienden a ser heredados juntos

El **ADN**, o ácido desoxirribonucleico, es una macromolécula en forma de doble hélice, que lleva la información genética en todas las células de los organismos superiores.

Un **gen** es la unidad hereditaria, una región de ADN en un cromosoma que contiene información genética que se transcribe en ARN, y posteriormente, se traduce en una cadena de polipéptidos con una función fisiológica. Un gen puede presentar varias formas, denominados alelos.

Un **alelo** es una versión de la secuencia de nucleótidos de un gen en un locus. de ADN en un locus. No todos los individuos llevan exactamente los mismos alelos. *Esta variación alélica es la fuente de la variación genética.*

Un **locus** es una posición en un cromosoma, por ejemplo, de un gen. El plural es loci.

Para ilustrar estas definiciones: El locus MC1R-locus (gen receptor de melanocortina-1) se ha identificado en el cromosoma 5 en los perros. A partir de este gen, se conocen 2 alelos, E y e. El original, el llamado tipo salvaje o alelo E (alelo no mutado) es responsable del color negro en los perros, mientras que el alelo e, causado por una mutación que provoca la pérdida de función del gen, provoca un color de capa amarillento en los animales con genotipo e/e.

#### 5. Capítulo 2.5. La expresión de genes, de sus alelos, en el fenotipo

En todas las células del cuerpo los cromosomas están presentes por duplicado: uno proveniente del padre y otro de la madre. Por lo tanto, todos los genes están presentes por duplicado. Estos genes pueden ser idénticos: tanto el alelo materno como el materno coinciden. Entonces se dice que el animal es homocigota para este gen. Entonces un animal es homocigoto para ese gen. Esto implica que la progenie de este animal siempre recibirá un único alelo. En cambio, cuando el animal es heterocigoto, es porque presenta alelos diferentes para un mismo gen. Esto implica que su progenie puede recibir uno u otro alelo.

##### *Definiciones*

**Homocigota:** es un individuo que porta alelos idénticos para un mismo gen. Ej.: EE o ee.

**Heterocigota:** es un individuo que porta alelos distintos para un mismo gen. Ej.: Ee.

Para un determinado gen se pueden distinguir tres genotipos diferentes: por ejemplo, EE, Ee o ee. Estas combinaciones de alelos pueden causar diferentes fenotipos. Supongamos que “E” es responsable de la producción de la proteína eumelanina en células de la piel de los perros dando una pigmentación negra de la piel y “e” es responsable de la producción de feomelanina en la piel dando una pigmentación colorada. Es obvio que los animales de genotipo EE serán de color negro y los animales de genotipo ee serán de color rojo. Pero, ¿cómo será el pelaje de los animales de genotipo heterocigota Ee? ¡Pues resulta que ellos también son de color negro! Este fenómeno se denomina dominancia: la expresión del alelo e no se manifiesta en el fenotipo. El alelo E es dominante sobre el alelo e, o, dicho de otro modo, el alelo e es recesivo.

#### **Definiciones**

**Alelo dominante:** Es aquel alelo que tiene un efecto sobre el fenotipo no sólo cuando se presenta en estado homocigota (EE), sino también en el estado heterocigota (Ee). Cuando el alelo E es dominante sobre e, EE y Ee tienen el mismo valor fenotípico.

**Alelo recesivo:** es aquel alelo que tiene efecto sobre el fenotipo sólo cuando se presenta en estado homocigota. En este caso sería el alelo e, dando los individuos de genotipo ee un fenotipo diferente a los genotipos EE o Ee.

En el caso de que un gen esté involucrado en la expresión de un rasgo cuantitativo, por ejemplo, el peso corporal de una cabra adulta, los alelos podrían tener una expresión diferente, conduciendo así a pequeños cambios en el peso corporal de animales adultos. Tomando un ejemplo:

1. Los animales GG pesan 40 kg, los animales Gg 38 kg y los animales Gg 36 kg. El peso corporal de los heterocigotos es exactamente el promedio de los dos animales homocigotos. Los dos alelos tienen un efecto aditivo. Denominamos a este efecto co-dominancia.
2. Los animales GG pesan 40 kg, los animales Gg 42 kg y los animales Gg 36 kg. El peso corporal de los heterocigotas es superior a la media de los dos animales homocigotos e incluso superior al valor del padre homocigota de mayor peso. Denominamos a este efecto sobredominancia.

#### **Definiciones**

**Co-dominancia:** es una relación que se establece entre los alelos de un gen en el estado heterocigota, manifestándose en el heterocigota el efecto de ambos alelos por igual. Ver “Aditividad”.

**Aditividad:** se asume que un alelo influencia el rasgo o característica en cuestión de manera independiente al otro alelo presente en el otro locus, y de otros alelos presentes en otros loci. Por ejemplo, si los alelos G y g tienen un mérito de 1 y -1, respectivamente, entonces podemos asumir que los genotipos GG tienen un valor de 2, el heterocigota Gg un valor de 0 y el genotipo gg un valor de -2.

Además de los efectos de diferentes alelos de un gen en un solo locus, los alelos de diferentes genes en diferentes loci podrían interactuar entre sí y esta interacción expresarse en fenotipo del rasgo que influyen.

Nuevamente tenemos dos posibilidades: los efectos de diferentes alelos en diferentes loci son aditivos: el efecto es la suma del efecto de los alelos individuales. Cuando estos efectos no son aditivos, la interacción entre alelos de diferentes loci se conoce como epistasia.

### Definiciones

**Epistasis:** relación que se da entre alelos de diferentes genes y que son no aditivas. El valor genotípico de un locus sobre una característica (*trait*) depende del genotipo en otro loci, o en la situación en la que una expresión diferencial de un determinado genotipo depende del

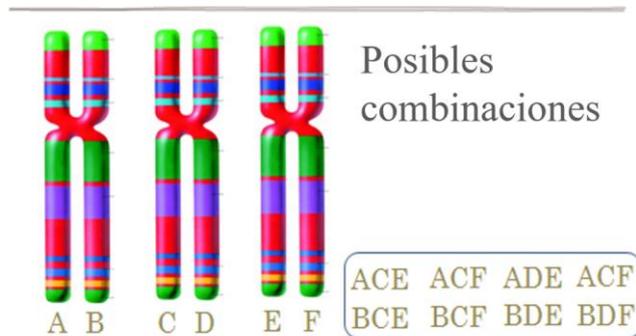
### Ejemplo de epistasis (Minkema 1966)

El plumaje de las aves está determinado, entre otros genes, por la interacción de alelos de dos loci diferentes: el locus E y el locus S. El locus E tiene dos alelos, E y e<sup>+</sup>, mientras que el S, S y s. El alelo E es dominante sobre e, y causa un plumaje negro uniforme. En los animales de genotipo e<sup>+</sup>e<sup>+</sup> la coloración negra está restringida a algunas partes del plumaje, y en las partes “no-negras” del plumaje, el genotipo SS o Ss presentan coloración plateada a estas zonas, mientras que los animales ss tendrán en cambio coloración dorada. Es por ello entonces que la coloración plateada o dorada solo se manifiesta en animales con genotipo e<sup>+</sup>e<sup>+</sup>. El alelo E es dominante sobre los alelos presentes en el locus S.

### 6. Capítulo 2.6. La meiosis crea diferencias entre la descendencia de un individuo

En las células espermáticas y en los ovocitos, los cromosomas ya no se encuentran agrupados de a pares (pares de homólogos), sino que se presentan solos (células haploides). Durante la meiosis, en los testículos y ovario, los pares de cromosomas homólogos se separaron, quedando sólo uno de ellos por gameta. Este proceso se denomina meiosis, y se ilustra a continuación con tres pares de cromosomas en un macho:

### Combinaciones de cromosomas



El par de homólogos del cromosoma 1 corresponde a A y B, el par de homólogos del cromosoma 2 corresponde a C y D, mientras que el par homólogo del cromosoma 3, E y F. En la meiosis los pares de cromosomas se separaron y por azar, van a una célula espermática. De esta manera, se crean 8 posibilidades ( $2^3$ ) o diferentes combinaciones de cromosomas: ACE, ACF, BCE, BCF, ADE, ADF, BDE y BDF. Cuando una especie tiene  $n$  cromosomas, el progenitor puede crear  $2^n$  posibles gametas (ya sea espermatozoides u ovocitos).

### Definiciones

**Meiosis:** se produce en las gónadas para la producción de gametos. La meiosis es un proceso de división celular en la que una célula diploide experimenta dos divisiones sucesivas, con la capacidad de generar cuatro células haploides

**Muestreo Mendeliano:** es el muestreo al azar de los genes parentales causado por la segregación y reordenamiento independiente de los genes durante la formación de las gametas, y por selección al azar de las gametas durante la formación del embrión.

## 7. Capítulo 2.7. Familiares comparten ADN similar, que tienen un parentesco

Debido a los acontecimientos al azar durante la meiosis, una célula espermática y un ovocito contienen 50% del ADN parental (una ley natural en la transmisión del ADN de los padres a sus progenitores) y contiene una combinación única de cromosomas de los padres (proceso aleatorio en la transmisión de ADN entre generaciones). Después de la fertilización de un oocito con una célula espermática, el núcleo del cigoto restablece el número de cromosomas, y se encuentran de a pares. Esto implica que cada animal recibe la mitad de sus cromosomas, la mitad de su valor genético de su padre y la mitad de su madre. Así, la relación genética entre un animal y cada uno de sus padres es 0,5. Esto se conoce como la relación genética aditiva. Pero el hecho de que cada célula espermática y ovocito de cada uno de los padres contienen una combinación única de los cromosomas, aún combinando a los mismos padres, se obtiene como resultado descendencia que muestran diferencias en características fenotípicas (*traits*), ya que en promedio comparten el 50% del ADN de sus padres.

### **Definiciones**

La **relación genética aditiva** entre dos animales es la cantidad de ADN que comparten debido al hecho de que están emparentados.

Algunas relaciones genéticas aditivas se presentan a continuación

<b>Relación</b>	<b>Porcentaje de ADN similar comparten</b>
Padre-hijo/a	50
Abuelos y nietos	25
Abuelo/a- bisnieto	12.5
Hermano/as completos	50
Medio hermano/as	25

Así, individuos emparentados comparten ADN similar. El porcentaje de información genética que comparten es claro, pero no así su genotipo (alelos que comparten) ni su fenotipo.

## 8. Capítulo 2.8. Aspectos críticos de conceptos básicos de la cría y mejoramiento de los animales

1. Un programa de cría se caracteriza por una serie de actividades: definir el objetivo de selección, registro de fenotipos, genotipos, pedigrís, la estimación de los valores de cría para los rasgos seleccionados usando un modelo genético, la selección de los padres para la próxima generación basada en los valores de cría estimados, el apareamiento de los padres y la multiplicación de la superioridad genética a los animales de producción y evaluación del programa con respecto a la diversidad genética mantenida y respuesta a la selección realizada.

2. Las células del cuerpo de los mamíferos y las aves tienen un núcleo donde se encuentran los pares de cromosomas homólogos. El diferente número de cromosomas entre las especies impide que se realicen cruzamientos entre diferentes especies.

Los cromosomas son cadenas de ADN, o ácido desoxirribonucleico, con forma de doble hélice y

que lleva la información genética en todas las células de organismos superiores.

3. Un gen es la unidad hereditaria, una región de ADN en un cromosoma que contiene la información genética que se transcribe a ARN. Este ARN se traduce en una cadena polipeptídica con una función fisiológica. Un gen puede mutar a diversas formas, llamadas alelos.

4. En todas las células del organismo los cromosomas están presentes de a pares: uno lo aporta el padre y al otro la madre. Por lo tanto, todos los genes están presentes de a dos. Estos genes pueden ser idénticos: el alelo que aporta el padre es idéntico al que aporta la madre. Se dice entonces que el animal es homocigota para ese gen. EN el caso que los alelos presentes sean distintos, estamos en el caso de un animal heterocigota para este gen.

5. Los alelos pueden ser dominantes o recesivos (interacción entre dos alelos de un mismo locus), los efectos pueden ser aditivos: co-dominancia (el valor del heterocigota es justo el valor medio entre ambos homocigotas) o puede ser sobredominancia (el genotipo heterocigota tiene un valor genotípico superior a cualquiera de los padres).

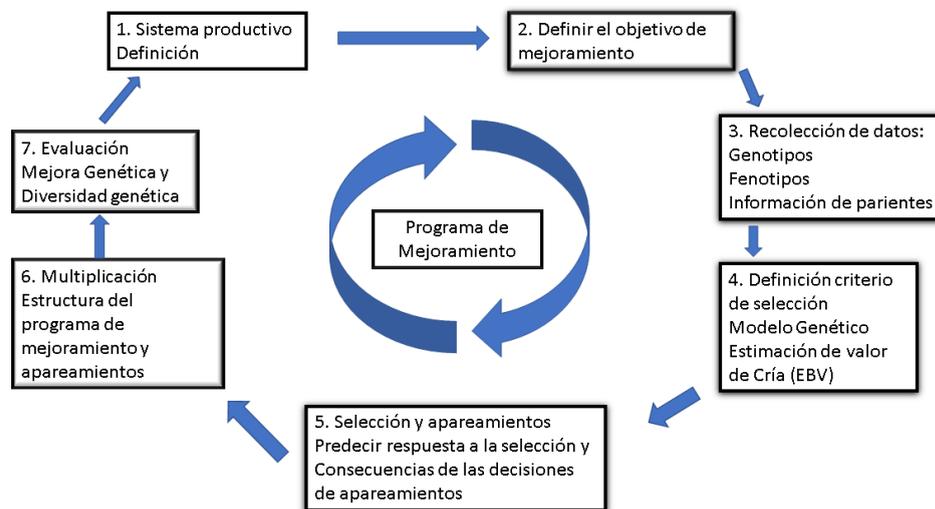
6. Los alelos de un gen también puede interactuar con los alelos de otro gen: epistasia.

7. En células espermáticas y en los ovocitos los cromosomas ya no están presentes de a dos. En el testículo y en el ovario los pares de cromosomas se separaron en cromosomas únicos y cada cromosoma de un par va por azar a un espermatozoide o a un oocito. Este proceso se llama la meiosis y conduce a una distribución Mendeliana: cada gameta tiene una combinación única de alelos.

8. Debido a los eventos en la meiosis un espermatozoide y un ovocito contienen el 50% del ADN de los padres. Después de la fertilización de un oocito con un espermatozoide, se restablece el número par de cromosomas. Esto implica que cada animal recibe la mitad de su valor genético proveniente del padre y la otra mitad de su madre. Así, la relación genética entre un animal y cada uno de sus padres es 0,5. Esto se conoce como la relación genética aditiva.

**Capítulo 3:** Las razones para mantener a los animales determinan el objetivo de la cría y mejoramiento genético

En este capítulo explicaremos y discutiremos el establecimiento de un objetivo de cría y mejoramiento genético (bloque 2 del siguiente esquema) en relación con las razones para mantener los animales o la raza (bloque 1 del sig. esquema). Estas razones pueden ser muy diferentes. Esto tiene una gran influencia en la configuración, en la definición del objetivo de cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético.



Los siguientes temas se presentarán en este capítulo:

- ✓ Los desafíos de la cría y mejoramiento genético de animales
- ✓ Definir el objetivo de la cría y mejoramiento genético
- ✓ Medición de los rasgos del objetivo de la mejora genética
- ✓ Sopesando los diferentes rasgos del objetivo de la cría y mejoramiento genético
  - Ejemplo: Los objetivos de la cría y mejoramiento genético de cerdos se ven influidos por los cambios en las expectativas de los consumidores, en las opiniones de la sociedad y en los avances tecnológicos
  - Ejemplo: Índice de producción de leche en la ganadería holandesa (INET)
  - Ejemplo: Métodos de cría y mejoramiento genético de los mejores criadores de perros
  - Ejemplo: Objetivos de producción para las aves de corral de las aldeas de Etiopía
  - Ejemplo: Objetivos de la cría y mejoramiento genético de caballos (KWPN)

## **1. Capítulo 3.1 Desafíos para la cría y mejoramiento genético de animales**

El principal desafío para la producción de alimentos en la agricultura es el continuo crecimiento de la población humana hacia los 9.000 millones en 2050 (Objetivos de Desarrollo de las Naciones Unidas, 2005). Los sistemas ganaderos desempeñan una función importante en la agricultura al producir alimentos de alta calidad. En los países en desarrollo los animales no sólo proporcionan carne, leche y huevos, sino también fibra, fertilizante para los cultivos, estiércol para combustible y fuerza de tiro. En los países en desarrollo, las características de productividad y aptitud física son el principal desafío para que la cría y mejoramiento genético de animales facilite la producción de alimentos por parte de los animales y para el suministro de alimentos. En los países desarrollados con sistemas de producción animal intensiva y características de salud y bienestar crean un nuevo desafío para los criadores de animales.

Los desafíos de la cría y mejoramiento genético están influidos por una amplia gama de factores. Están determinados por las necesidades y prioridades de los propietarios de los animales, los consumidores de productos animales, la industria alimentaria y, cada vez más, el público en general. Encontrar el equilibrio adecuado entre las diferentes demandas es un proceso continuo, y requiere la anticipación de las condiciones futuras y una planificación cuidadosa para establecer programas de cría y mejoramiento genético eficaces.

### *Desafíos para la cría y mejoramiento genético de animales en poblaciones pequeñas*

En poblaciones pequeñas las oportunidades de cría y mejoramiento genético para la producción de alimentos son limitadas. En tales poblaciones casi todos los animales tienen que ser utilizados como padres para la siguiente generación (al menos las hembras) para obtener suficiente descendencia. Entonces, no hay oportunidad de seleccionar para los rasgos relacionados con la producción de alimentos. En las poblaciones pequeñas, la principal preocupación es mantener la población conservando la diversidad genética y gestionar la endogamia. Como se explicará más adelante, la endogamia provoca una menor aptitud física y aumenta la incidencia de defectos genéticos recesivos. Esto también implica que en las poblaciones pequeñas casi todos los machos y hembras tienen que producir descendencia. La selección de los rasgos objetivo de la cría y mejora genética es difícilmente posible en estas pequeñas poblaciones.

## **2. Capítulo 3.2 Los objetivos de la cría y mejoramiento genético dependen del sistema de producción**

Además de la producción de alimentos, los animales cumplen diversas funciones para el hombre: proporcionar trabajo, ser un animal de compañía, participar en actividades de ocio, en eventos culturales y en la gestión de la naturaleza. El uso de los animales y los deseos de los usuarios determinan en gran medida el objetivo de la cría y mejoramiento genético y los programas de cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético. En estos programas de cría y mejoramiento genético para funciones animales distintas de la producción de alimentos, varios rasgos desempeñan un papel importante, además de la cría y mejoramiento genético selectiva para los rasgos obvios del objetivo de la cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético: la salud y el bienestar de los animales, y la adaptación al alimento de menor calidad y a los climas extremos para ser capaces de producir y reproducirse. La primera diapositiva de la derecha da una impresión del papel del ganado en los países en desarrollo. La segunda del valor sociocultural del ganado Madura de Indonesia.

Antes de definir el objetivo de la cría y mejoramiento genético hay que responder a muchas preguntas sobre el sistema de producción. ¿Por qué razón se cría y se hace mejoramiento genético en los animales? ¿De qué manera se comercializan los productos y los animales? ¿Cuáles son los

aspectos importantes de la alimentación y la gestión? ¿Están organizados los criadores? ¿Existe ya un programa de cría y mejoramiento genético? ¿Qué características pueden registrarse o medirse? ¿Se puede aplicar la reproducción artificial? Por lo tanto, estos aspectos de los sistemas de producción determinan las posibilidades de los programas de cría y mejoramiento genético y de la selección de los rasgos que son objetivo de la cría y mejoramiento genético.

Role of livestock in developing countries

- Production : milk, meat, hides, manure and draught power
- Accumulation of wealth
- Security against contingencies
- Social status
- Cultural



History of cattle in Indonesia

Socio-cultural values of local breeds




Karapan
Sonok






### 3. Capítulo 3.3 La elección de la raza apropiada

La elección de la raza más apropiada para utilizar en un entorno o sistema de producción determinado debe ser el primer paso al iniciar un programa de cría y mejoramiento genético y se debe prestar la debida atención al rendimiento de adaptación de una raza. Existen numerosos ejemplos de animales de razas de alta producción (por ejemplo, la vaca lechera Holando o Holstein Frisón) importados en países tropicales sin ningún éxito. Los animales no están adaptados a la alta temperatura, apenas se reproducen y el estrés por calor impide los altos niveles de producción. Además, muchas enfermedades tropicales provocan una alta mortalidad. En todos los sistemas de producción de alimentos es importante la adaptación de los animales a las condiciones del sistema. Cuando se ignora, la aptitud de los animales se reduce la aptitud de adaptación que se caracteriza por rasgos relacionados con la supervivencia, la salud y la reproducción. En las zonas tropicales más cálidas, los patógenos y las enfermedades epidémicas están muy extendidos, las condiciones climáticas son estresantes y el alimento y el agua son escasos. Allí, las razas autóctonas localmente adaptadas muestran un nivel de resistencia y adaptación mucho mayor debido a sus raíces evolutivas en comparación con las razas importadas.

### 4. Capítulo 3.4 El objetivo de la cría y mejora genética

El establecimiento de un programa de cría y mejoramiento genético comienza con la definición de un objetivo de mejora genética y es seguido por el diseño de un esquema que es capaz de entregar el progreso genético en línea con este objetivo. Un objetivo de mejoramiento genético son los rasgos relevantes, la recogida de datos de rendimiento, el análisis de los datos para la identificación de animales superiores y el uso de animales superiores para producir la siguiente generación, son los principales componentes de los programas de cría y mejoramiento genético estructurados.

#### *Definiciones*

*El objetivo de la cría y mejoramiento genético es la especificación de los rasgos que deben mejorarse, incluido el énfasis que se da a cada uno de ellos. Da la dirección en la que se quiere mejorar la población. El programa de cría y mejora genética es una programación de los objetivos de cría y mejora genética definidos para la producción de una próxima generación de animales. Es la combinación de registros de los rasgos seleccionados, la estimación de los valores de cría y mejora genética, la selección de los padres potenciales y el programa de cría*

*y mejora genética para los padres seleccionados, incluyendo métodos de reproducción (artificial) apropiados.*

### **Una observación: los rasgos con un valor óptimo**

Para la mayoría de los rasgos, el objetivo es una mejora continua, pero para algunos de los rasgos el objetivo es alcanzar valores intermedios. Ejemplos de esos rasgos son el peso del huevo, donde existe un mercado para los huevos de mesa de entre 55 y 70 gramos. El tamaño corporal maduro está relacionado positivamente con los rendimientos en el momento del sacrificio, pero negativamente con la eficiencia de la alimentación. El objetivo de la producción es un alto valor de la canal en combinación con un bajo costo de alimentación. Por lo tanto, en muchos sistemas de producción de carne el peso corporal maduro de los animales es óptimo.

## **5. Capítulo 3.5 Los objetivos de la cría y mejoramiento genético están dirigidos hacia el futuro y requieren tenacidad**

En la situación ideal, el objetivo de la cría y mejoramiento genético consiste en un único criterio que facilita la clasificación de los animales en función de este objetivo. El objetivo de la cría y mejoramiento genético apunta al futuro. En situaciones prácticas, a menudo no se trata de un único rasgo sino de una combinación de rasgos, especificados según su importancia relativa. El objetivo de cría y mejoramiento genético suele implicar la mejora de múltiples rasgos simultáneamente. El objetivo de la cría y mejoramiento genético debe formularse cuidadosamente y debe mantenerse en consecuencia durante muchas generaciones para que tenga éxito como criador. La crianza es un proceso en el que en cada nueva generación se dan pequeños pasos hacia los rasgos del objetivo de la crianza. El éxito de la cría y mejoramiento genético se hará visible como la suma (la acumulación) de todos estos pequeños pasos. Los cambios en los rasgos del objetivo de la cría y mejoramiento genético de una generación a otra no contribuyen a un éxito acumulativo visible (capítulo 1). Un rasgo debe incluirse en el objetivo de la cría y mejoramiento genético en función de su valor económico y su heredabilidad (véase un ejemplo: la producción de leche en la cría y mejoramiento genético de ganado vacuno en los Países Bajos al final de este capítulo). Los objetivos de la cría y mejoramiento genético pueden expresarse en términos de factores de ponderación de los rasgos en función de su valor económico o en función de las mejoras genéticas deseadas para cada rasgo.

Los rasgos del objetivo de la cría y mejoramiento genético podrían restringirse a los deseos del obtentor, a las solicitudes de los productores y elaboradores o incluso ampliarse al comportamiento de los consumidores de productos de origen animal o a los deseos de la sociedad. Sin embargo, cuantos más rasgos se incluyan en el objetivo de la cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético, menos progreso en cada rasgo se obtendrá por generación.

El resultado de un programa de cría y mejoramiento genético se realiza a menudo muchos años después de que se tomen las decisiones de selección. Esto subraya la necesidad de anticiparse a las demandas futuras cuando se definen los objetivos de la cría y mejoramiento genético y exige que se preste atención a los beneficios de las inversiones. Y la mayoría de los objetivos de cría y mejoramiento genético sólo se alcanzan después de varias generaciones de selección. Esto requiere la tenacidad de los criadores involucrados: los cambios frecuentes en los objetivos de cría y mejoramiento genético impiden la generación de progreso en los programas de cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético.

## **6. El capítulo 3.6 Los objetivos de la cría y mejoramiento genético consta de varios rasgos**

El objetivo de la cría y mejoramiento genético para la producción de alimentos apunta, independientemente de la especie, a: mejorar la eficiencia bruta (cantidad de producto dividido por la cantidad de alimento consumido) y reducir el precio de costo en:

- 1) mejorar la productividad (mayor rendimiento y rentabilidad financiera),
- 2) mejorar la conversión de los alimentos (menos alimento por kilogramo de producto y menos costos) y
- 3) mejorar la reproducción, la salud y la supervivencia (menos animales de reemplazo necesarios y menos costos).

Aumentar la atención a mejorar el bienestar y reducir el impacto ambiental podrían ser rasgos adicionales del objetivo de la cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético.

Hoy en día, en los programas de cría y mejoramiento genético comercial de ganado lechero, cerdos y aves de corral existen sofisticados programas de cría y mejoramiento genético con objetivos de cría y mejoramiento genético complejos. Para otras especies, los programas de cría y mejoramiento genético son menos complicados con un número limitado de objetivos de cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético. Por ejemplo, a nivel mundial, en los pequeños rumiantes criados para la producción de carne (ovejas y cabras) con programas de cría y mejoramiento genético menos complejos el crecimiento parece tener la mayor importancia en el objetivo de la cría y mejoramiento genético. En la cría y mejoramiento genético comercial de cerdos y aves de corral se desarrollan líneas especiales con diferentes objetivos de cría y mejoramiento que se cruzan para obtener el huevo final o el animal productor de carne con la combinación óptima de los objetivos seleccionados para las diferentes líneas. Debido al número limitado de rasgos de los objetivos de mejoramiento genético en una línea especializada, se puede avanzar mucho en cada línea. Al cruzar las líneas, se combinan los objetivos de cría y mejoramiento genético, para los cuales se alcanza un alto nivel en cada línea. Ha demostrado ser más rentable que la selección de todos los rasgos importantes del objetivo de cría y mejoramiento genético en una línea o en una raza.

Un ejemplo simplificado de la utilización de líneas especiales es un cruce de tres vías que se aplica a menudo en el mejoramiento genético de cerdos: en primer lugar, se cruza a las cerdas de una línea seleccionada por el número de lechones con un verraco de una línea seleccionada para el crecimiento. En segundo lugar, las cerdas cruzadas se cruzan posteriormente con verracos de una línea seleccionada por la calidad de la canal. El resultado es un montón de lechones nacidos con un buen crecimiento y calidad de canal. Alrededor de 1970, en un ensayo de cría y mejoramiento genético de ovejas, se aparearon ovejas de la raza finlandesa Landrace (una raza con un gran tamaño de camada) con un carnero de la raza Ile de France (una raza que se puede criar independientemente de la estación). Esto dio como resultado ovejas cruzadas con un alto número de corderos debido a tres partos en dos años. El padre de los corderos era un carnero de la raza Texel famoso por su crecimiento y calidad de sacrificio.

## **7. Capítulo 3.7 Medición de los rasgos del objetivo de cría y mejoramiento genético y mejoramiento genético**

El registro de los rasgos para la mejora genética plantea muchas preguntas:

- ¿Qué se puede medir?
- ¿Con qué frecuencia puede o debe medirse el rasgo?
- ¿Quién o qué está midiendo el rasgo?
- ¿Qué animales pueden o deben participar?
- ¿A qué edad?
- ¿Qué tan detallado es?

- ¿Cuál es la precisión de la medición?
- ¿Juegan los efectos sistemáticos un papel en el resultado de la medición?

En este capítulo nos centramos en los rasgos con respecto al objetivo de la cría y mejoramiento genético. Debería ser posible recogerlos fácilmente a bajo costo. Y debería ser posible medirlos o juzgarlos con precisión. Por último, pero no menos importante, deberían ser heredables. En el capítulo 4 nos centramos en todos los aspectos de la medición de los rasgos y en los animales que podrían ser fuentes de información para alcanzar el objetivo de la cría y mejoramiento genético mediante la selección. Los rasgos del objetivo de cría y mejoramiento genético son rasgos hereditarios que pueden ser medidos con facilidad y precisión.

### **8. Capítulo 3.8 El objetivo de la cría y mejoramiento genético determina qué rasgos deben registrarse y medirse.**

Los rasgos o caracteres del objetivo de mejoramiento genético pueden ser cuantitativos. La producción de leche, carne o huevos, las medidas corporales o las expresiones de rendimiento son ejemplos de rasgos cuantitativos. Se miden en unidades: en kg o simplemente en números: kg de leche, gramos de crecimiento y número de huevos.

Los objetivos de la cría y mejoramiento genético pueden ser cualitativos, por ejemplo, la calidad de un producto o un rasgo importante del estándar de la raza. Los rasgos del producto, las puntuaciones de los rasgos corporales, las incidencias de enfermedades o las impresiones de rendimiento son ejemplos de rasgos cualitativos. Se miden en clases: por ejemplo, un 1 (bueno), 2 (moderado) o 3 (malo) para la calidad de la carne o simplemente 0 (no presente en el animal) o 1 (presente).

Algunos rasgos de los objetivos del mejoramiento genético, no pueden medirse en el momento en que es pertinente. Por ejemplo, en la producción de carne, la calidad de la carne es un rasgo importante del objetivo de cría y mejoramiento genético. Sin embargo, no se puede medir la composición de la canal de un ternero, lechón o cordero joven en el momento en que se considera utilizar el animal para la cría. Se puede medir sólo después del sacrificio y luego el mejoramiento genético con ese animal es imposible. Los rasgos indicadores, obtenidos mediante el escaneo de animales vivos para la composición corporal antes de tomar decisiones de cría y mejoramiento genético pueden ayudar a predecir la composición del cadáver.

Los rasgos objetivo del mejoramiento genético pueden ser complicados y consisten en muchos rasgos subyacentes. Por ejemplo, en casi todas las especies productoras de alimentos la capacidad de reproducción es parte del objetivo de la cría y mejoramiento genético. La capacidad de reproducción se compone de rasgos de reproducción masculinos y femeninos. En los machos, la calidad del esperma y los resultados de la inseminación forman parte de su capacidad reproductiva. En las hembras la edad de la pubertad, el intervalo entre camadas, el número de cría y mejoramiento genéticos criadas por año son ejemplos de rasgos subyacentes. En los caballos de salto, la conformación de los caballos y la forma en que utilizan sus patas son rasgos muy importantes para el objetivo de la mejora genética. En los perros de trabajo, la capacidad de adiestramiento es un rasgo importante además de la salud, el comportamiento y la conformación. Estos tres últimos rasgos son importantes en todas las especies utilizadas para la compañía.

Para algunas especies se dan algunas medidas relevantes en la tabla siguiente

<b>Especies</b>	<b>Mediciones</b>	<b>Unidades</b>	<b>Registros</b>
<b>Ganado lechero</b>			
	Cantidad de leche	Kg	Controlador/ chacarero/robot
	%de grasa leche	%	Laboratorio
	Tamaño de la pelvis	Cm	Inspector o jurados
	Forma de la ubre	Score	Inspector o jurados
	Mastitis	Incidencia	Farmer/ Veterinario
<b>Caballo de salto</b>	Conformación	Score	Inspector / juez
	Comportamiento	Score	Inspector / juez
	Técnica de salto	Score	Inspector / juez
	Movimiento	Score	Inspector / juez
<b>Perros</b>	Displasia de cadera	Score	Rayos X
	Conformación	Score	Inspector / juez
	Comportamiento	Score	Testeo
	Rasgos Genéticos	Incidencia	Veterinarios

### **9. Capítulo 3.9 Sopesar los diferentes rasgos del objetivo de la cría y mejoramiento genético**

Los objetivos de la cría y mejoramiento genético pueden ser simples o complejos. En el caso de los programas de mejoramiento genético comercial se registran muchos rasgos que influyen en el beneficio de los animales producidos por estos programas de cría y mejoramiento genético comercial. En condiciones de producción extensiva o en el caso de la cría y mejoramiento genético por afición, sólo se registran unos pocos rasgos importantes y se utilizan objetivos de cría y mejoramiento genético simples que consisten en unos pocos rasgos.

Para clasificar los candidatos de selección individual de los rasgos del objetivo de cría y mejoramiento genético es necesario incluir los valores de los respectivos de los rasgos en un único criterio de selección. El valor de este criterio puede obtenerse sumando el valor de cría (*Estimated breeding Value* EBV, o valor aditivo) de cada caracter, multiplicado por un factor de ponderación basado en la pertinencia de ese rasgo en el objetivo de mejora genética. La pertinencia puede basarse en el valor económico relativo del rasgo. Este principio se esboza en la diapositiva que figura a continuación:

## Objetivo de la cría y mejoramiento animal

- $H = v_1 A_1 + v_2 A_2 + \dots$
- $H =$  Objetivo de selección
- $v_1$ : Valor económico del rasgo 1
- $v_2$ : Valor económico del rasgo 2
- $A_1$ : Valor de cría del rasgo 1
- $A_2 =$  Valor de cría del rasgo 2
- Otro valor de H es genotipo agregado o total
- Generalmente, incluye más de un rasgo
- Se incluyen los rasgos que importan, no importa cual es su heredabilidad
- El objetivo debería expresarse como un único valor: es más fácil de ranquear los animales



Animal Breeding and Genomics Centre

### Definición

*El valor de cría o breeding value (EBV) es el valor genético medio para un rasgo de un individuo como padre. Se estima que es el doble de la superioridad media de la progenie del individuo en relación con el resto de la progenie en condiciones de apareamiento aleatorio*

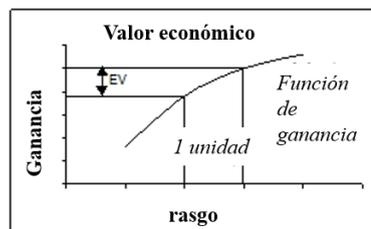
El valor económico de un animal se basa en muchos rasgos que tienen diferentes efectos: producción, calidad (composición) del producto, los problemas de enfermedades, la fertilidad y la facilidad de manejo y gestión.

Existen procedimientos para definir los objetivos de la cría y mejoramiento genético para sopesar los valores de mercado y no de mercado. En estos procedimientos los animales son vistos como una parte integrada de un sistema de producción (a nivel de granja). **La ponderación de los rasgos depende principalmente de los valores económicos y las frecuencias de expresión de la ganancia genética obtenida.** La metodología para ponderar los rasgos con respecto a la eficiencia de los recursos y la economía está bien desarrollada.

En la diapositiva que figura a continuación se da un ejemplo ilustrativo del cálculo del valor neto de un aumento de una unidad en un rasgo del objetivo de la cría y mejoramiento genético

## ¿Cómo derivar el valor económico?

- La ganancia esperada de mejorar un rasgo específico en 1 unidad (ejemplo, kg de leche, eficiencia alimenticia, etc.)
  - Derivada



Animal Breeding and Genomics Centre

La composición de los rasgos afecta a la estructura de un programa de cría y mejoramiento genético. Los rasgos del objetivo de la cría y mejoramiento genético determinan los caracteres de los animales que deben ser medidos: de los padres de los candidatos de selección, los propios candidatos, ¿sus hermanos o su progenie? Cuando se requieren registros de los hermanos o de la progenie, éstos deben ser criados en número suficiente para obtener información precisa sobre el valor de la cría y mejoramiento genético del candidato.

La progenie de los animales seleccionados produce en varios momentos. Por lo tanto, es necesario relacionar los ingresos futuros con los costos actuales de la selección.

## **10. Capítulo 3.10 Aspectos de sostenibilidad y economía en los objetivos de cría y mejoramiento genético**

Los sistemas de producción sostenible necesitan soluciones a largo plazo y equitativas que hagan hincapié en la eficiencia de los recursos, la rentabilidad, la productividad, la calidad de los productos, la solidez ambiental, la biodiversidad, la viabilidad social y los aspectos éticos. Por lo tanto, se hace hincapié en los objetivos de cría y mejoramiento genético a largo plazo que sean biológica, ecológica y sociológicamente racionales.

La mejora del rendimiento lechero del ganado lechero repercute favorablemente en las emisiones de gases de efecto invernadero, ya que se necesitan menos vacas y seguidores para alcanzar el mismo nivel de producción en una granja. La mejora de la vida media de las vacas lecheras con un año tiene un gran impacto favorable en las emisiones de gases de efecto invernadero. La respuesta anual prevista en el rendimiento lechero por vaca aumentó cuando las ponderaciones del índice de selección pasaron de las actuales ponderaciones económicas a las ponderaciones ambientales.

### **Definición de objetivos de cría y mejoramiento genético a diferentes niveles**

Los rasgos del objetivo de cría y mejoramiento genético pueden considerarse a diferentes niveles:  
1) a nivel de animal individual: cuál es el efecto de la mejora de un rasgo en la rentabilidad de un animal,

2) a nivel de sistema (cruzado) de cría y mejoramiento genético: cuál es el efecto de la selección en los abuelos en la rentabilidad del nieto cruzado en la producción del producto final y

3) a nivel de granja: cuál es el efecto en los ingresos por granja y

4) a nivel de cadena de producción: cuál es el efecto en el nivel de producción y procesamiento.

En estos diferentes niveles se pueden generar diferentes efectos. Cuando un productor de carne de vacuno tiene un contrato con un matadero para entregar anualmente una cantidad fija de canales, la selección sobre la ganancia diaria resultará en canales más pesadas y menos canales vendidas por el productor por año. Cuando posteriormente tenga menos animales, puede que se enfrente a un excedente de forraje en su granja que no pueda transferir a vendible las canales. Entonces el beneficio de una mayor ganancia diaria es menor a nivel de la granja. Cuando en un programa de cría y mejoramiento genético de ganado lechero se practica la selección de variantes de proteína de la leche, puede llevar a un mayor rendimiento de la leche. Si a un productor de leche no se le paga por las variantes de proteína de la leche, el beneficio total de la selección de las variantes de la leche va a la fábrica de queso.

## **11. Capítulo 3.11 Las cuestiones clave en las razones para mantener a los animales determinan el objetivo de la cría y mejoramiento genético**

**1. Los desafíos de la cría y mejoramiento genético tienen un gran impacto en el objetivo del mejoramiento genético. Están determinados por las necesidades y prioridades de los**

propietarios de los animales, los consumidores de productos animales, la industria alimentaria y, cada vez más, el público en general. Encontrar el equilibrio adecuado entre las diferentes demandas es un proceso continuo, y requiere la anticipación a las condiciones futuras y una planificación cuidadosa para establecer programas de cría y mejoramiento genético eficaces.

2. Un objetivo del mejoramiento genético es la especificación de los rasgos o caracteres a mejorar incluyendo el énfasis dado a cada rasgo. Da la dirección en la que queremos mejorar la población. **La mayoría de los objetivos de cría y mejoramiento genético sólo se alcanzan después de varias generaciones de selección. Esto requiere la tenacidad de los criadores involucrados.**

3. En poblaciones pequeñas casi todos los machos y hembras tienen que producir descendencia. **La selección de los rasgos del objetivo de cría y mejoramiento genético es difícilmente posible en estas pequeñas poblaciones.**

4. En los programas de cría y mejoramiento genético de animales, varios caracteres desempeñan un papel importante, además del mejoramiento genético selectivo para los rasgos obvios: salud y bienestar de los animales, y adaptación al alimento de menor calidad y a los climas extremos para ser capaces de producir y reproducirse.

5. La elección de la raza más apropiada para utilizar en un entorno o sistema de producción determinado debe ser el primer paso al iniciar un programa de cría y mejoramiento genético y se debe prestar la debida atención al rendimiento de adaptación de una raza. **Si se ignora, la aptitud de los animales se verá reducida. La aptitud de adaptación se caracteriza por rasgos relacionados con la supervivencia, la salud y la reproducción.**

6. Hoy en día, en los programas de cría y mejoramiento genético **comercial de ganado lechero, cerdos y aves de corral existen sofisticados programas de cría y mejoramiento genético con objetivos de cría y mejoramiento genético complejos.** Para otras especies los programas de cría y mejoramiento genético son menos complicados con un número limitado de características de los objetivos de cría y mejoramiento genético. Los rasgos del objetivo de cría y mejora genética son rasgos hereditarios que pueden medirse con facilidad y precisión.

7. Para clasificar los candidatos individuales de selección de los rasgos es necesario incluir los valores de los respectivos de cada carácter en un único criterio de selección. **El valor de este criterio puede obtenerse sumando el valor de cría de cada rasgo multiplicado por un factor de ponderación basado en la pertinencia de ese rasgo en el objetivo de cría y mejora genética. La pertinencia puede basarse en el valor económico relativo del rasgo.**

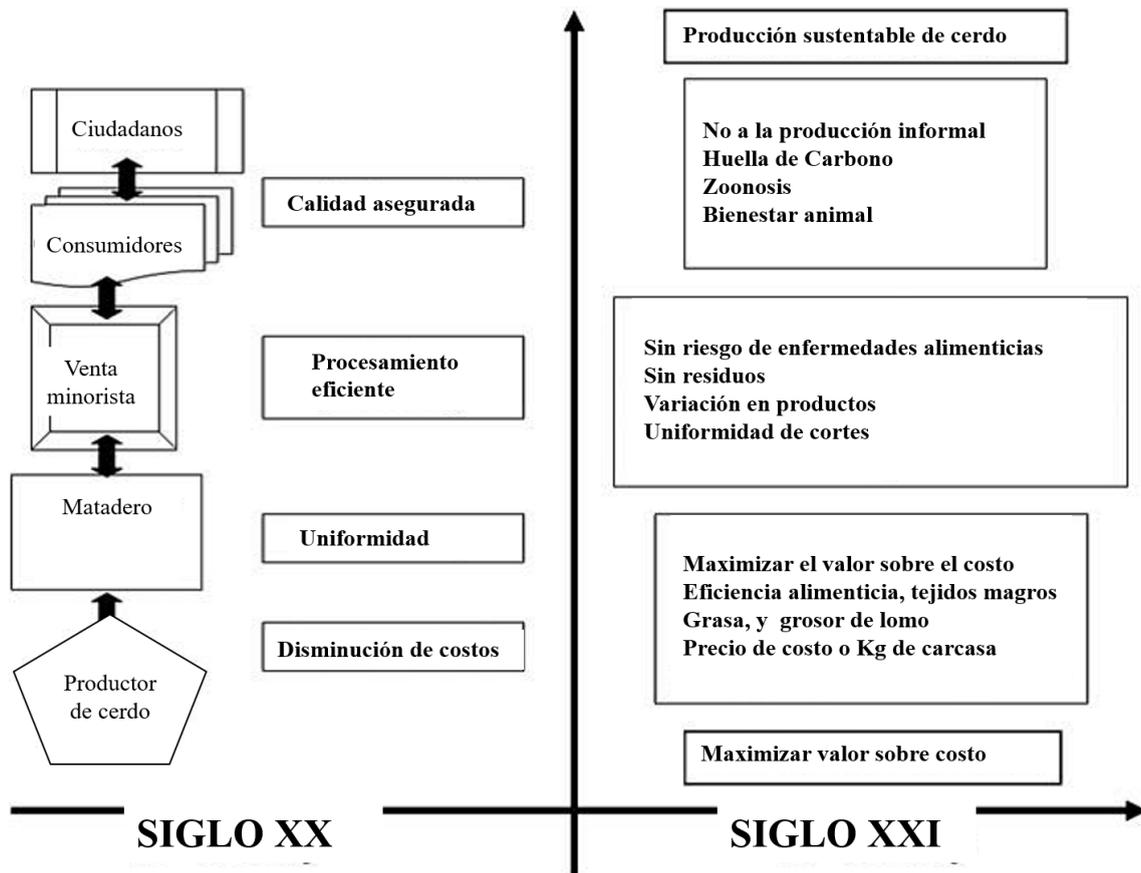
## **12. Capítulo 3.12 Ejemplo: Objetivos de la cría y mejoramiento genético de cerdos**

Influido por los cambios en las expectativas de los consumidores, en las opiniones de la sociedad y en los avances tecnológicos

Merks, J.W.M. et al, 2012. Nuevos fenotipos para nuevos objetivos de cría y mejoramiento genético en cerdos. *Animal*, 6:4, pp 535-543.

Las tendencias genéticas en los cerdos pueden ser rápidas, pero toma alrededor de **3 a 5 años para que los cambios se produzcan realmente en los rebaños de producción y para que los consumidores experimenten los beneficios.** Los programas actuales de cría y mejoramiento genético de cerdos tienen objetivos de cría y mejoramiento genético que incluyen rasgos de interés, la importancia relativa de estos rasgos y la dirección de la mejora. Los rasgos de interés

dependen de los requisitos de mercado esperados de la carne de cerdo establecidos por las expectativas de los consumidores y la voluntad de la sociedad de aceptar los métodos de producción. Por lo tanto, es necesario hacer una buena predicción de las tendencias futuras. El desarrollo de la cadena de producción porcina combinado con la tecnología de la información facilita la obtención de muestras de fenotipos (rasgos) asociados a los objetivos de cría y mejoramiento genético de manera rentable. Como puede verse en la figura XXX, los intereses actuales de los agricultores, los ciudadanos, los gobiernos que representan a la sociedad y la industria alimentaria requieren nuevos "fenotipos": **vitalidad, uniformidad, robustez, bienestar y salud y rasgos para reducir la huella de carbono de la producción porcina, manteniendo al mismo tiempo la eficiencia de la producción y la calidad del producto.**



**La mejora de la vitalidad se traducirá en una mejor supervivencia de los lechones** durante el período prenatal, menos lechones nacidos muertos, no hay cerdos muertos o enfermos en la lactancia, la cría y mejoramiento genético y el acabado, **menos cerdas sacrificadas después de la primera paridad y menos enfermedad y mortalidad en las cerdas de más edad.** La mejora de la uniformidad en los distintos niveles de la cadena de producción tiene un efecto positivo en la gestión de los animales y en la elaboración. **La uniformidad en el peso al nacer de una camada disminuye la mortalidad,** especialmente de los lechones más pequeños. **La uniformidad en la deposición de proteínas conduce a una mayor uniformidad en el crecimiento y en la edad en la que el peso requerido para la matanza y da una utilización más eficiente de las proteínas alimentarias.** La uniformidad en el peso de la matanza y la longitud de la carcasa aumenta la eficiencia de la planta de sacrificio. **La uniformidad en las chuletas de cerdo, el color de la carne, el marmolado y la pérdida por goteo es útil para los estantes de las tiendas y los consumidores.** El aumento de la robustez de los animales mejorará la capacidad de los cerdos para adaptarse a los diferentes factores de estrés a los

que pueden enfrentarse en su vida: problemas de enfermedades, temperaturas extremadamente calientes o frías, piensos de baja calidad o cambios en el alojamiento y la gestión, por ejemplo, mediante la transición del alojamiento individual al colectivo. La reducción de la huella de carbono de la producción porcina puede lograrse mediante mejoras en la eficiencia digestiva y reducciones de las necesidades de mantenimiento. En la producción de carne de cerdo los machos fueron castrados. Los machos intactos a veces producen un olor muy malo que se huele después de que se fríe la chuleta de cerdo. La castración se considera en muchos países como una interferencia dolorosa en los lechones jóvenes que debe evitarse. Pero recientemente la selección basada en marcadores genéticos abrió la selección contra la contaminación de los jabalíes haciendo que la castración de los jabalíes ya no sea necesaria. Este es un deseo de la sociedad que existe ya desde hace mucho tiempo. La selección genómica será de gran ayuda para seleccionar a los nuevos "fenotipos" y los nuevos objetivos de cría y mejora genética más complejos. Los procesos de automatización para la identificación de animales y cadáveres y el registro de sus rasgos en diferentes partes de la cadena de producción darán lugar a bases de datos muy informativas que proporcionarán perfiles de ADN y fenotipos que se utilizarán en la selección.

### **13. Capítulo 3.13 Ejemplo de capítulo: Objetivos de la cría y mejoramiento genético de caballos**

Objetivos de cría y mejoramiento genético de KWPN (fuente: Selección para el rendimiento; KWPN, <http://www.kwpn.org/>) Definición del objetivo de cría y mejoramiento genético

El objetivo del KWPN es la cría y mejoramiento genético de caballos que puedan actuar a nivel de Gran Premio de doma o salto. **Para alcanzar este objetivo, un caballo debe tener una buena constitución, una conformación/apariencia funcional y preferiblemente atractiva, un movimiento correcto y un carácter agradable.**

Una buena constitución habla por sí misma: **entrenar un caballo para el nivel de Gran Premio es un proyecto intensivo y a largo plazo que lleva años. Un caballo que debuta en el Gran Premio antes de los ocho años es una rareza. Una buena constitución, ¡, es decir, una condición física saludable, es muy importante.** Cuanto más sano sea el caballo, mayores serán las posibilidades de que alcance el nivel máximo de Gran Premio y que pueda mantenerse durante un largo período de tiempo.

Por la misma razón, también tratamos de alinear la **conformación, o la construcción de un caballo, tanto como sea posible con la funcionalidad para el deporte.** Para satisfacer aún mejor la demanda de los criadores, propietarios y jinetes, la KWPN ha tenido dos direcciones de cría y mejoramiento genético dentro del tipo de caballo de montar desde 2006. Dos direcciones de cría y mejoramiento genético para las cuales el objetivo general de cría y mejoramiento genético no ha cambiado, sino que se ha ampliado. Desde 2006, los caballos de montar se han registrado y evaluado como los caballos de doma o saltadores. Las posibilidades de éxito de un caballo que está "construido" para su trabajo, es mayor que la de un caballo cuya construcción trabaja en su contra. También existen objetivos de cría y mejoramiento genético específicos comparables para el arnés y las direcciones de cría y mejoramiento genético de Gelders.

El tercer factor de éxito es el **movimiento natural: ¿tiene el caballo un aparato de movimiento correcto, que le permita ejecutar el movimiento con tacto, ritmo y equilibrio, así como suficiente potencia, flexibilidad y capacidad atlética.**

Y finalmente, el más esquivo de todos estos factores: **un carácter dispuesto.** El caballo, después de todo, no es un vehículo, herramienta o instrumento, sino un atleta con carácter propio.

Con vistas a la intensiva y prolongada trayectoria de entrenamiento, un compañero de equipo que sea sencillo de manejar, fácil de montar, así **como inteligente y diligente**, es probablemente el criterio más importante en la búsqueda del más alto nivel deportivo alcanzable.

### **Direcciones de cría y mejoramiento genético**

Desde 2006, el KWPN ha distinguido cuatro direcciones de cría y mejora genética. Los caballos de montar, que se subdividen en las disciplinas de **doma y salto**, constituyen el **grupo más numeroso (85-90%)**. Las otras dos direcciones de cría y mejoramiento genético son el **caballo de arnés y el caballo Gelders**. Aunque cada dirección de cría y mejoramiento genético tiene sus propios objetivos adicionales, en primer lugar, todos los caballos entran en el objetivo general de cría y mejoramiento genético de KWPN, que pretende:

criar un caballo de competición que pueda rendir a nivel de Gran Premio;

- con una constitución que permita una larga utilidad;
- con un carácter que apoye la voluntad de rendir, así como ser amigable con la gente;
- con una conformación funcional y un mecanismo de movimiento correcto que permita un buen rendimiento;
- con un exterior atractivo que es preferentemente atractivo, junto con el refinamiento, la nobleza y la calidad.

#### Especialización para el caballo de doma

Para la disciplina de doma, el KWPN también tiene como objetivo la siguiente meta de cría y mejoramiento genético:

- el **caballo de doma tiene un modelo largo, generoso, correcto, con proporciones equilibradas y una apariencia atractiva**.
- el caballo de doma se mueve correctamente, es ligero de pies, en equilibrio con la flexibilidad, la fuerza de carga, el impulso y el buen autotransporte.
- el caballo de doma es fácil de manejar, fácil de montar e inteligente, con un carácter dispuesto y trabajador.

#### Especialización para caballos de salto

Para la disciplina de salto, el KWPN también tiene como objetivo la siguiente meta de cría y mejora genética.

- el caballo de salto tiene un modelo de líneas largas, generoso, correcto, con proporciones equilibradas y una apariencia atractiva.
- el caballo de salto se mueve correctamente, en **equilibrio con la flexibilidad**, la fuerza de transporte y el impulso.
- el caballo de salto es fácil de manejar, fácil de montar e inteligente, con un carácter dispuesto y trabajador.
- el caballo de salto **tiene coraje, salta con rápidos reflejos, es cuidadoso, tiene buena técnica y tiene un gran alcance**.

## Especialización en caballos de tiro

Para el caballo de arnés de KWPN se aplica lo siguiente:

- el caballo de **arnés debe ser capaz de sostener la competición en los niveles más altos del deporte.**
- el caballo con arnés se mueve correctamente, en equilibrio con la flexibilidad, la fuerza de transporte y el impulso.
- el caballo de **silla es fácil de manejar, fácil de conducir e inteligente, con un carácter dispuesto y trabajador.**
- el caballo de silla tiene un orgulloso autotransporte combinado con características específicas de trote: **buena suspensión, una pata delantera que se mueve bien con la acción de las rodillas altas y una pata trasera que se coloca debajo del cuerpo con fuerza.**

## Especialización para caballos castrados

El objetivo de la cría y mejoramiento genético del **caballo Gelders está específicamente dirigido a:**

- un caballo **versátil que puede ser usado tanto para la conducción como para la silla y que se distingue por su alegre apariencia.**

## 14. Capítulo 3.14 Ejemplo: Índice de producción de leche en Holanda

En Holanda, en la cría y mejoramiento genético de ganado, el índice de producción de leche se llama INET.

Sitio web de la fuente Genetic Evaluation Sires (GES):

[http://www.gesfokwaarden.eu/en/breedingvalues/pdf/E\\_09\\_EN.pdf](http://www.gesfokwaarden.eu/en/breedingvalues/pdf/E_09_EN.pdf)

### *Introducción*

En el mundo de la ganadería, la selección basada en los rasgos de producción de leche juega un papel importante. Las herramientas utilizadas para ayudar al procedimiento de selección **son los índices de vaca y toro para la leche, la grasa y la proteína. Los valores de cría y mejoramiento genético para el kg de leche, kg de grasa y kg de proteína se combinan para crear una única cifra: el índice de producción holandés o Inet.** La forma en que estos valores de cría y mejoramiento genético se combinan para crear el índice Inet es tal que la selección basada en el Inet conduce a una mayor rentabilidad en la producción de leche por vaca.

El valor Inet se calcula según la siguiente fórmula:

(Breeding values o Valor de cría BV)

$$\text{Inet 2012} = -0,03 * \text{BV kg leche} + 2,2 * \text{BV kg grasa} + 5,0 * \text{BV kg proteína}$$

BV significa valor de cría genética en la fórmula. Los factores -0,03, 2,2 y 5,0 se llaman factores Inet. Por ejemplo: Imagina que un toro tiene los valores de cría +1000, +35 y +30 para kg de leche, kg de grasa y kg de proteína respectivamente. La Inet de este toro es igual a  $-0,03 * 1000 + 2,2 * 34 + 5,0 * 30 = 195$  euros (a una cifra redonda). La misma fórmula se aplica a las vacas.

Esto se suele denominar índice de selección

## Importancia de INET

En la cría y mejoramiento genético, el enfoque central es producir vacas más productivas y rentables a través de la selección. La calificación de Inet indica lo que se puede esperar de la progenie en rendimientos netos extra por lactancia si una cierta vaca se aparea con un cierto toro. Para dar un ejemplo, aparearemos un toro con una Inet de 400 euros con una vaca que tiene una Inet de 200 euros. Se espera que un becerro resultante de este partido tenga una Inet de 300 euros, que es 100 euros más que su madre. En otras palabras: se espera que el becerro produzca un ingreso neto de producción de leche por lactancia de aproximadamente 100 euros más que su madre.

Los factores de INET indican el rendimiento neto por kg de leche, kg de grasa y kg de proteína proporcionados por la cría y mejoramiento genético la producción por lactancia de leche, grasa o proteína se incrementa en un kg. Una mayor producción de un kg de leche por lactancia a través de la cría y mejoramiento genético, sin un aumento similar de la producción de grasa y proteína, costará 3 centavos. La cría y mejoramiento genético selectiva que resulte en un aumento de la producción de un kg de grasa rendirá 2,20 euros, con 5 euros por un kg de proteína.

## *Modelo de cálculo*

**Los factores de ponderación económica se determinan calculando la diferencia de ingresos de la explotación si hay un aumento marginal de la producción por vaca, en el que todas las demás condiciones permanecen inalteradas.** La situación (precio de la leche) que probablemente se aplicará en ocho o diez años se toma como supuesto básico en este cálculo. El aumento marginal de la producción por vaca es el resultado del aumento marginal de la capacidad genética de la vaca para una mayor producción. Entonces, ¿qué representa en una granja lechera un aumento del valor de cría y mejoramiento genético de una vaca de un kilo de leche, grasa o proteína?

## *Costos de la energía y el PIB*

El modelo de cálculo calcula la energía y la proteína necesarias para la leche, la grasa y la proteína. Para producir sólo leche o grasa, se requiere energía, la producción de proteínas requiere energía y proteínas. Los costos de alimentación de los kg de leche, grasa o proteína se calculan como (necesidad de energía) \* precio de la energía) + (necesidad de proteína/PIB) \*(precio del/IVD). Por kg de leche, grasa y proteína es resp. 0,11. 5,9 y 3,0 kFUM (= kVEM) requeridos en energía y por 1 kg de proteína se requiere 1,56 kIDV= (kVRE).

Para calcular los costes de alimentación, se supone un precio para las paletas A de precio medio de 18 euros/100 kg y una relación de precio de 6 entre kIDV y kFUM: 1. Esto resulta en un precio de 1 kFUM de 0,107 euros y un precio de 1 kIDV de 0,639 euros.

## *Precio de la leche en el futuro*

En vista de las tendencias previstas, se han supuesto los siguientes puntos en el cálculo de los factores de INET:

- el precio de la leche es de 32 céntimos de euro por kg de leche, con un 4,2% de grasa y un 3,4% de proteína
- el precio negativo de la tierra para 1 kg de leche es de -0,015 euros por kg de leche
- la relación del precio de las proteínas y las grasas es de 2,25: 1
- esto resulta en un precio de 2,85 euros por 1 kg de grasa, y de 6,35 euros por 1 kg de proteína.

## Resultados

Basándose en el consumo de energía y la demanda de proteínas de los piensos para producir leche, grasa y proteínas, los costos de los piensos son de 0,012. 0,63 y 1,32 euros por kg de leche (portador), kg de grasa y kg de proteína.

El rendimiento por kg de leche (portador), kg de grasa y kg de proteína es de -0,015. 2,85 y 6,35 euros respectivamente.

Si se restan los costos de los rendimientos, queda el rendimiento neto, teniendo en cuenta los costos de los piensos:  $INET = -0,027 * BV \text{ kg leche} + 2,22 * BV \text{ kg grasa} + 5,03 * BV \text{ kg proteína}$   
Tras el redondeo de los factores de ponderación, el Inet en los Países Bajos y en Flandes en abril de 2012 será el siguiente:

$$INET \text{ 2012} = -0.03 * BV \text{ kg leche} + 2.2 * BV \text{ kg grasa} + 5.0 * BV \text{ kg proteína}$$

## 15 Capítulo 3.15 Ejemplo: Métodos de cría y mejoramiento genético de los mejores criadores de perros

### *Métodos de cría y mejoramiento genético en perros*

Fuente: Pekka Hannula y Morjo Nygaard, 2011. Claves para la cría y mejora genética superior ISBN 978-952-67306-5-3. Kirjapaino Jaarli Oy, Turenki, Finlandia

En Europa, Australia y los Estados Unidos se entrevistó a 22 de los principales criadores de perros por sus métodos de cría y mejoramiento genético. En su país estos criadores fueron reconocidos por su éxito a largo plazo en la cría y mejoramiento genético de perros campeones en las exposiciones: **perros agradables y saludables con un buen comportamiento. En sus métodos de cría y mejoramiento genético compartían la importancia de los tres rasgos del objetivo de la cría y mejoramiento genético: 1) buena salud, 2) comportamiento deseado y 3) una buena conformación.** Al principio de su carrera compraron perros de acuerdo con estos criterios y **ponderaron la salud más que el comportamiento y la conformación.** Durante su carrera **insistieron en este objetivo de cría y mejoramiento genético y nunca criaron con perros que no estuvieran sanos o fueran portadores de un defecto genético.** A veces practicaban una **endogamia moderada (cría y mejoramiento genético de parientes cercanos) seguida inmediatamente de un cruce (cría y mejoramiento genético de perros menos emparentados).** Este método de cría y mejoramiento genético y este establecimiento de prioridades en cuanto a los rasgos de su objetivo de cría y mejoramiento genético fueron la clave de su éxito como criadores de primera clase.

## 16. Capítulo 3.16 Ejemplo: Objetivos de producción para las aves de corral de las aldeas de Etiopía

### *Cría y mejoramiento genético de aves de corral en las zonas rurales*

Fuente: Nigussie Dana et al, 2010. Objetivos de producción y preferencias de rasgos de los productores avícolas de las aldeas de Etiopía: consecuencias para el diseño de planes de cría y mejoramiento genético que utilicen recursos genéticos de pollos autóctonos. Trop. Anim. Salud Prod. 42: 1519-1529.

En Etiopía, los sistemas de cría y mejoramiento genético de aves de corral en las aldeas con razas autóctonas **contribuyen a más del 90% de la producción nacional de carne y huevos de pollo. Este sistema se caracteriza por una pequeña bandada por hogar, aves mantenidas en condiciones de búsqueda en los patios traseros, sin alimentación suplementaria, sin refugios separados excepto para los recintos nocturnos en la casa familiar y la falta de atención sanitaria.** En una encuesta se estudian los rasgos socioeconómicos del sistema de producción para identificar y priorizar los objetivos de cría y mejoramiento genético y las preferencias de rasgos de los productores de la aldea. Estos productores dan prioridad, en primer lugar, a la buena **adaptabilidad (tolerancia a las enfermedades y al estrés, capacidad de huida de los depredadores, vigor de búsqueda de alimento), el crecimiento del peso vivo y la producción de huevos y, en segundo lugar, a la capacidad de reproducción (incubación, incubación de los huevos) y la conformación, incluidos el tamaño y el color.** Además, reveló que los criadores de aves de corral de las aldeas **preferían sus razas locales a una raza moderna de referencia en lo que respecta a la tolerancia a las enfermedades y al estrés, el escape de los depredadores, el nivel de gestión requerido, el comportamiento de búsqueda de restos de comida, la incubabilidad de los huevos y el sabor de los huevos y de la carne.** Esto condujo al desarrollo de un programa de cría y mejoramiento genético con un **esquema de cría y mejoramiento genético de selección masiva por rasgos de producción, la selección de machos y hembras basada en sus propios rasgos de producción, mejoró sustancialmente la productividad en cinco generaciones.** Los gallos fueron seleccionados por su peso vivo a las **16 semanas** y las gallinas por su peso vivo, su edad al primer huevo y la producción de huevos hasta las **45 semanas.** Esto demuestra que un esquema de cría y mejoramiento genético no necesita ser "sofisticado". Necesita encajar en las condiciones locales (pequeños propietarios) y añadir a la cadena de valor.

## **Capítulo 4:** La recopilación de información para la toma de decisiones

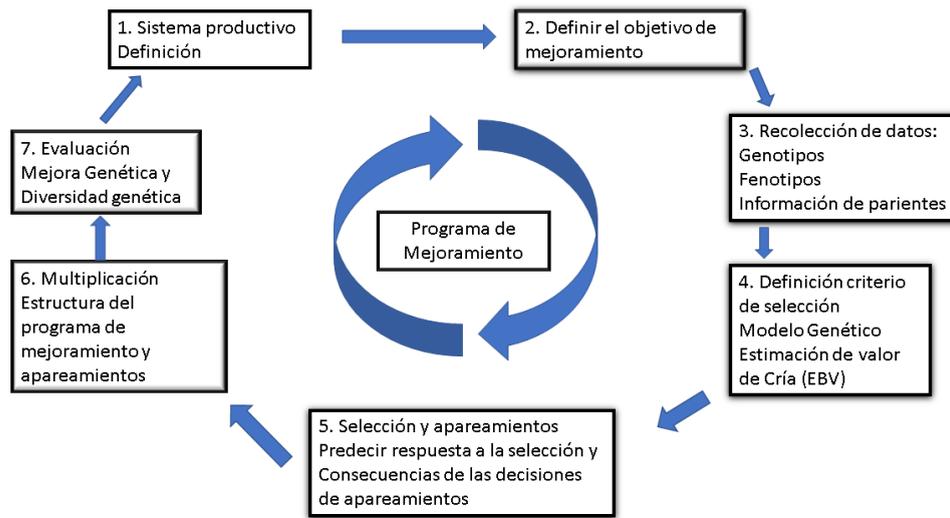
## Tabla de contenidos

- 1 Capítulo 4.1 El valor del pedigrí en el mejoramiento animal
- 2 Capítulo 4.2 Un sistema de identificación de animales único es esencial
- 3 Capítulo 4.3 Registrando fenotipos, caracteres monogénicos y poligénicos
- 4 Capítulo 4.4 Media, variación, desviación estándar y coeficiente de variación
- 5 Capítulo 4.5 La distribución normal de las mediciones
- 6 Capítulo 4.6 Covarianza y correlación
- 7 Capítulo 4.7 Regresión
- 8 Capítulo 4.8 Los errores de medición
- 9 Capítulo 4.9 Frecuencia de las mediciones
- 10 Capítulo 4.10 ¿Las mediciones en el animal o en parientes?
- 11 Capítulo 4.11 Valor de caracteres indicadores
- 12 Capítulo 4.12 El valor de la información de los parientes
- 13 Capítulo 4.13 Las posibilidades de análisis de ADN
- 14 Capítulo 4.14 Marcadores de ADN
- 14 *Capítulo 4.14.1. Control de parentesco*
- 14 *Capítulo 4.14.2. Selección asistida por marcadores y selección genómica*
- 15 Capítulo 4.15 Aspectos claves en el registro de información en la toma de decisiones para mejoramiento

Una vez fijado el objetivo de selección, se debe proceder a recolectar información relevante en la

toma de decisiones. De importancia en este aspecto son los caracteres (denominado fenotipo) que pueden ayudar a establecer el mérito de un animal con respecto al objetivo de selección. Cuando el rendimiento en el salto es el objetivo de selección en caballos de salto, entonces es necesario llevar la información de este registro. Si en cambio la aumentar la fertilidad de los cerdos es el objetivo, se registran los caracteres de la camada. Además, es esencial en el mejoramiento animal el pedigree.

El mejoramiento animal se trata de pasar lo mejor de la genética de una generación a la siguiente. Si queremos influir en este pasaje de información genética, el registro de las relaciones padres/descendientes y el pedigree son cruciales. En la actualidad, el análisis de ADN es posible y es practicada en animales para trazar o influir la transmisión de caracteres.



## 1. Capítulo 4.1. El valor de un pedigrí en la cría y mejoramiento de animales

Debido a los sucesos que tienen lugar durante la meiosis, las gametas presentan el 50% del ADN del animal que les dio origen. Este 50% del ADN comprende una combinación única de cromosomas (debido a un proceso de distribución aleatorio de cromosomas y genes). Después de la fertilización de un oocito con un espermatozoide, el cigoto presenta los cromosomas de a pares. Este proceso implica que cada animal recibe la mitad de sus cromosomas (o la mitad de su mérito genético) de su padre y la mitad de su madre. Así, la relación genética entre un animal y cada uno de sus padres es 0,5. Esto se conoce como la relación genética aditiva.

### *Definiciones*

La **relación genética aditiva** es la cantidad de ADN que comparten dos individuos debido al hecho de que están emparentados.

### Algunas relaciones genéticas aditivas se presentan a continuación

Relación	Porcentaje de ADN similar
Padre-hijo/a	50
Abuelos y nietos	25
Abuelo/a- bisnieto	12.5

Hermano/as completos	50
Medio hermano/as	25

Es importante enfatizar que tanto los espermatozoides como los oocitos contienen una combinación única de cromosomas y genes, por lo que el cruzamiento de los mismos progenitores (mismo padre y madre) da como resultado descendencia con variación en los caracteres (debido a la distribución Mendeliana). La relación genética aditiva de hermano/as completo/as es 0,5, ya que en promedio comparten el 50% del ADN de sus progenitores.

La relación genética aditiva entre dos animales emparentados es de gran importancia en la cría y mejoramiento de animales. Debido a que, por ejemplo, la relación genética aditiva entre un padre y una hija es 0,5, comparten 50 % de su ADN. Esto significa que los caracteres de un toro tienen un valor predictivo de los caracteres de su hija. A la inversa también es cierto: los caracteres de la hija pueden ser usados para calcular el mérito genético de su padre. Por supuesto, la heredabilidad de los caracteres juega un papel crucial en este aspecto. Para caracteres de alta heredabilidad la relación genética aditiva entre dos animales tiene más impacto en el mejoramiento que los caracteres de baja heredabilidad. Por ejemplo, la altura a la cruz (de alta heredabilidad, 0,6) de una yegua es un buen predictor de la altura de la cruz de su hija. Sin embargo, el éxito de la inseminación artificial tiene una baja heredabilidad de 0,1. Esto significa que el valor predictivo del éxito de la inseminación de la yegua para el éxito de inseminación de su hija es bajo, a pesar de que la relación aditiva entre la yegua y su hija es de 0,5. Por lo tanto, el pedigrí de un animal es muy informativo.

#### ***Definiciones***

Un **pedigree** es un conjunto de relaciones en una población, usualmente exhibido como un árbol genealógico. Puede utilizarse para derivar las relaciones entre los animales de una población.

A continuación, se puede ver un ejemplo de un pedigrí de una yegua. Esto es una impresión de un libro genealógico oficial certificado del Studbook holandés de caballos (KWPN).

NAAM: WIREDA LEVENSNUMMER: 528003 03.01031 PREDIKAAT: KLEUR: BRUIN AFTEKENINGEN: HOOFD: ONREGELMATIGE KOL, R.V.: - L.V.: - R.A.: WITTE VLEK BINNENZIJDE KROONRAND, OVERIGE: - FOKKER: 5026, S. DANIELS, LAWICKSE ALLEE 224, 6709 DC WAGENINGEN		INGESCHREVEN IN: VB GEBORTE DATUM: 03-03-2003 GESLACHT: VROUWELIJK TYPE: TP STOKMAAT: TRANSPONDERNUMMER: 528210002361772																																																					
<table border="1"> <tr> <td>V.</td> <td>MANNIO 94.813 STB KEUR TP DONKERE VOS 1.68 M</td> <td>FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT  VOS 1.68 M</td> <td>RENOVO 245STB-H PREFERENT  STB</td> <td>V.</td> <td>CAMBRIDGE COLE S974 PREFERENT M. LINDA STER, PREFERENT</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td>GILVIA 88.140 STB STER, PREFERENT  BRUIN 1.73 M</td> <td>VORATTIENA 79.3919 KEUR  STB</td> <td></td> <td>V.</td> <td>PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td></td> <td>ZAKERNO 81.955  STB</td> <td></td> <td>V.</td> <td>PROLOOG PREFERENT M. KERNA KEUR, PREFERENT</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td></td> <td>ZILVIA 81.3095 KEUR, PREFERENT  STB</td> <td></td> <td>V.</td> <td>INDIAAN PREFERENT M. SILFIA STER</td> </tr> <tr> <td>M.</td> <td>OREDIA 96.02119 STB STER TP BRUIN 1.63 M</td> <td>FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT  VOS 1.68 M</td> <td>RENOVO 245STB-H PREFERENT  STB</td> <td>V.</td> <td>CAMBRIDGE COLE S974 PREFERENT M. LINDA STER, PREFERENT</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td>DEREDA 85.2650 STB KEUR, PREFERENT  BRUIN 1.69 M</td> <td>VORATTIENA 79.3919 KEUR  STB</td> <td></td> <td>V.</td> <td>PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td></td> <td>WILHELMUS 80.3475  STB</td> <td></td> <td>V.</td> <td>RENOVO PREFERENT M. GEMMA PREFERENT, KROON</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> <td></td> <td>TEREDA 25081STB-M KEUR, PREFERENT  STB</td> <td></td> <td>V.</td> <td>HOOGHEID PREFERENT M. OREDIA STER</td> </tr> </table>		V.	MANNIO 94.813 STB KEUR TP DONKERE VOS 1.68 M		FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT  VOS 1.68 M	RENOVO 245STB-H PREFERENT  STB	V.	CAMBRIDGE COLE S974 PREFERENT M. LINDA STER, PREFERENT			GILVIA 88.140 STB STER, PREFERENT  BRUIN 1.73 M	VORATTIENA 79.3919 KEUR  STB		V.	PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER				ZAKERNO 81.955  STB		V.	PROLOOG PREFERENT M. KERNA KEUR, PREFERENT				ZILVIA 81.3095 KEUR, PREFERENT  STB		V.	INDIAAN PREFERENT M. SILFIA STER	M.	OREDIA 96.02119 STB STER TP BRUIN 1.63 M	FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT  VOS 1.68 M	RENOVO 245STB-H PREFERENT  STB	V.	CAMBRIDGE COLE S974 PREFERENT M. LINDA STER, PREFERENT			DEREDA 85.2650 STB KEUR, PREFERENT  BRUIN 1.69 M	VORATTIENA 79.3919 KEUR  STB		V.	PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER				WILHELMUS 80.3475  STB		V.	RENOVO PREFERENT M. GEMMA PREFERENT, KROON				TEREDA 25081STB-M KEUR, PREFERENT  STB		V.
V.	MANNIO 94.813 STB KEUR TP DONKERE VOS 1.68 M	FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT  VOS 1.68 M	RENOVO 245STB-H PREFERENT  STB	V.	CAMBRIDGE COLE S974 PREFERENT M. LINDA STER, PREFERENT																																																		
		GILVIA 88.140 STB STER, PREFERENT  BRUIN 1.73 M	VORATTIENA 79.3919 KEUR  STB		V.	PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER																																																	
			ZAKERNO 81.955  STB		V.	PROLOOG PREFERENT M. KERNA KEUR, PREFERENT																																																	
			ZILVIA 81.3095 KEUR, PREFERENT  STB		V.	INDIAAN PREFERENT M. SILFIA STER																																																	
M.	OREDIA 96.02119 STB STER TP BRUIN 1.63 M	FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT  VOS 1.68 M	RENOVO 245STB-H PREFERENT  STB	V.	CAMBRIDGE COLE S974 PREFERENT M. LINDA STER, PREFERENT																																																		
		DEREDA 85.2650 STB KEUR, PREFERENT  BRUIN 1.69 M	VORATTIENA 79.3919 KEUR  STB		V.	PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER																																																	
			WILHELMUS 80.3475  STB		V.	RENOVO PREFERENT M. GEMMA PREFERENT, KROON																																																	
			TEREDA 25081STB-M KEUR, PREFERENT  STB		V.	HOOGHEID PREFERENT M. OREDIA STER																																																	

## 2. Capítulo 4.2. Un sistema de identificación único para los animales es esencial

Un pedigrí sólo tiene un valor predictivo cuando un sistema de identificación único y fiable se utiliza en un programa de mejoramiento. Al nacer cada animal debe obtener un número de identificación único y sus padres debe ser conocidos sin ninguna duda. En muchos programas de mejoramiento del pedigrí puede corroborarse a través de marcadores genéticos (véase el ejemplo en este capítulo). Un segundo requisito es que las mediciones (fenotipos) en los animales (por ejemplo, altura de la cruz, la producción de leche, etc.) se combinen con el número de identificación correcta. Los errores en un pedigrí y los errores en la asignación de la información de los animales cuando se recolecta la misma tienen efectos muy graves en los valores predictivos de los pedigrís.

Los padres con su descendencia tienen una relación genética aditiva de 0,5 y los abuelos de 0,25. Cuanto más corta sea la distancia entre un antepasado y el propio animal, más valiosos son los valores de los caracteres del antepasado en la predicción de los caracteres del animal en cuestión. En el pasado, los libros genealógicos iniciadas con el registro y la comprobación del pedigrí se usaban para garantizar a los compradores que los caracteres de un animal podrían derivar de los caracteres de sus antepasados.

Además de la relación genética aditiva que se establece entre un animal y sus antecesores, más relaciones genéticas aditivas se pueden usar para el mejoramiento animal. Por ejemplo, un individuo puede tener hermanos completos a los cuales se hayan registrado determinados caracteres: el valor genético aditivo entre dos hermanos completos es de 0,5. En promedio, comparten el 50 % de su ADN, proveniente de sus padres. Los medio hermanos comparten en promedio 25 % de su ADN, es decir, que el valor genético aditivo de dos medios hermanos es de 0,25. Dicha información también puede ser de utilidad para predecir los caracteres de un medio hermano.

Incluso la descendencia en generaciones posteriores, como nietos/as con relación genética aditiva de 0,25 con sus abuelos, pueden utilizarse para establecer los valores nietas y nietos con y la relación aditiva de 0,25, se utilizan para establecer valores de cría de sus abuelos. En

conclusión: vale la pena y es muy informativo tomarse el trabajo de ampliar el pedigrí de un animal en un esquema en el que, además de los ancestros, también se encuentren los hermanos, hermanastros y su descendencia. Esto da una imagen completa de todos los parientes que podrían proporcionar información para la estimación del valor de cría del animal en cuestión.

### 3. Capítulo 4.3. Registrando fenotipos, caracteres monogénicos y poligénicos

Algunos caracteres de los animales no necesitan mucho conocimiento o experiencia para ser registrados. El color de los animales es un buen ejemplo: por ejemplo, en una raza de conejos los animales son o negros o marrones. Puedes registrarlo en una computadora con un valor de 0 para el color negro y con valor de 1 para el marrón, o 1 para el negro y 2 para el marrón. En términos genéticos tales caracteres son monogénicos: la expresión de los mismos está determinada por alelos de un solo gen. También, al igual que el color, otros caracteres están determinados por un número muy limitado de genes, el cual es la causa de que sólo puedan registrarse muy pocas clases para dicho caracter.

Muchos defectos recesivos en los animales son monogénicos: los alelos de un gen determinan el fenotipo: sano o afectado. En términos estadísticos representan variables discretas, registradas en un número limitado de clases. Si se describe la raza de conejos, se puede calcular el % de animales negros y el % de animales marrones.

Por el contrario, hay muchos caracteres de naturaleza poligénica. Es decir, que están determinados por numerosos genes. Muchos caracteres poligénicos son cuantitativos y de variación continua, y pueden medirse en unidades métricas, por ejemplo, kg, metro, mm, etc. Algunos caracteres son continuos, pero su medición se establece en el marco de categorías, que se aproximan a una escala lineal, como, por ejemplo, caracteres de conformación de los animales o rendimiento, evaluado por tribunal examinador. Este jurado califica a los caracteres de los animales en una escala, por ejemplo, del 1 al 5, o del 1 al 10.

Algunos caracteres poligénicos, por ejemplo, susceptibilidad a una enfermedad, se registran en una escala binaria: enfermo (ej., 1) o sano (ej., 0).

### 4. Capítulo 4.4. Media, variación, desviación estándar y coeficiente de variación

En términos estadísticos, las variables continuas se describen mediante una media y medidas de dispersión o variación. Para describir la variación, se pueden utilizar la desviación estándar, la varianza y el coeficiente de variación.

*La media se calcula como se describe a continuación:*

La "**media**" de una muestra es la suma de los valores muestreados divididos se dividen por el número de elementos de la muestra:

$$\bar{x} = \frac{x_1 + x_2 + \cdots + x_n}{n}$$

Por ejemplo, la media aritmética de cinco valores: 4, 36, 45, 50, 75 es:

$$\frac{4 + 36 + 45 + 50 + 75}{5} = \frac{210}{5} = 42.$$

La varianza, cuyo símbolo es  $S^2$  se calcula como se describe a continuación:

$$S^2 = \sum \frac{X_i - \bar{X}}{(n-1)}$$

La desviación estándar, cuyo símbolo es  $S$  se calcula como se describe a continuación:

$$s_N = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2},$$

Por ejemplo, la desviación estándar es la raíz cuadrada de la varianza y en este caso para los cinco valores: 4, 36,

45, 50 y 75 se ha de calcular como:

$n = 5$  y la media de  $x = 42$

$X_i$	$X_i - \bar{X}$	$(X_i - \bar{X})^2$
4	-38	1444
36	-6	36
45	3	9
50	8	64
75	33	1089
$\sum X_i = 210$		$\sum (X_i - \bar{X})^2 = 2642$

En este caso la varianza es  $2642/4 = 660.5$  y la desviación estándar es de  $\sqrt{2642} / 5 = 32,5$

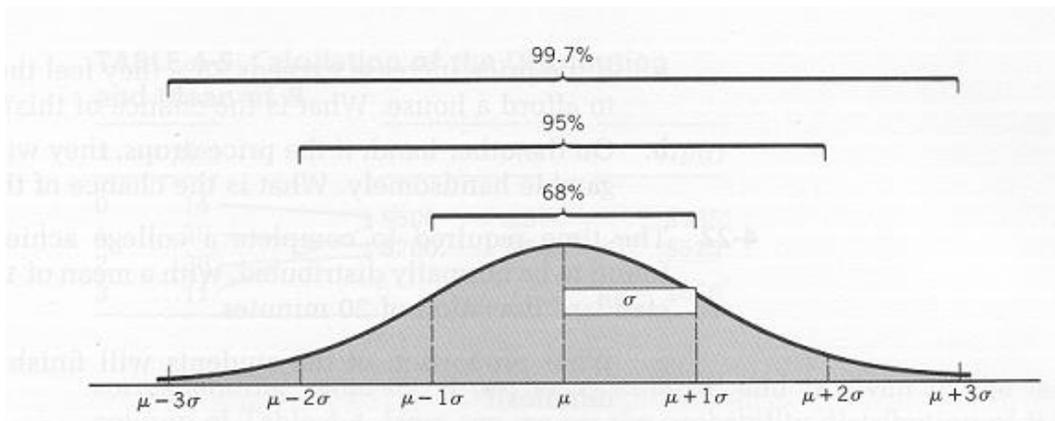
El coeficiente de variación se calcula como la desviación estándar ( $\sigma$ ) dividida la media ( $\mu$ ):

$$c_v = \frac{\sigma}{\mu}$$

En este caso  $\mu$  es la notación para la media y el coeficiente de variación es:  $32,5/42 = 0,77$ . Esto significa que el tamaño de la desviación estándar es un 77% del tamaño de la media. Esto implica que se ve muchas diferencias entre los animales si estos 5 valores representasen las mediciones de un caracter sobre 5 individuos.

## 5. Capítulo 4.5. La distribución normal de las mediciones

Muchos caracteres muestran una distribución normal. Esto significa que la distribución es simétrica y se puede caracterizar a través de una media y la varianza. Por debajo y por encima de esta media se ve el mismo número de animales. Además, a medida que se aleja de la media, ya sea hacia la izquierda o hacia la derecha, disminuye el número de individuos con esos valores. Gráficamente se puede expresar como:



En una distribución normal, como la mostrada en el gráfico, se puede observar que el 68 % de los animales presenta el valor de la media  $\pm$  la una desviación estándar; un 95 % está comprendido entre la media y dos desviaciones estándar y el 99,7 % entre la media y 3 veces el valor del desvío estándar.

## 6. Capítulo 4.6. Covarianza y correlación

Dos caracteres pueden estar relacionados. Por ejemplo, cuando el valor de un caracter 1 toma valores altos, también se observa lo mismo con el caracter 2 (ver figura a continuación, la relación entre la circunferencia del corazón y el peso vivo de las vacas) o, todo lo contrario, cuando el caracter 1 toma valores altos, y el caracter 2 valores bajos (ver nuevamente el ejemplo en la figura más abajo (relación entre peso vivo y la conversión alimenticia en cerdos). También puede suceder que haya poca o ninguna relación entre dos caracteres (ejemplo, la baja relación entre el peso vivo y el precio de venta en el ganado). Una de las causas de las relaciones entre diferentes caracteres es que, ellos mismos, en parte, están determinados por las funciones de un mismo grupo de genes. En animales de cría frecuentemente usamos los términos covarianza, la correlación o regresión para describir estadísticamente las relaciones entre caracteres.

En términos estadísticos **la covarianza** es igual a:

$$cov(x, y) = E(xy) - E(x) * E(y)$$

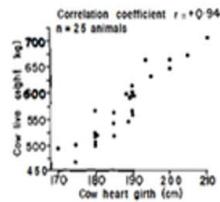
Donde **E** representa la esperanza, que se puede calcular como la sumatoria dividida por el número total de observaciones

La relación entre dos caracteres en el mejoramiento de animales se describe principalmente como la correlación entre los caracteres x e y. En términos estadísticos la *correlación r(x, y) estimada* es:

$$r(x, y) = cov(x, y) / (var x * var y)$$

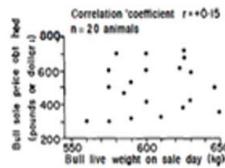
La correlación por lo general se denota con la letra **r** y puede adoptar valores comprendidos entre -1 y + 1. A mayores valores, significa que dos caracteres están correlacionados positivamente: altos valores del caracter x coinciden en la mayoría de los casos con altos valores del caracter y (en caso de que  $r = +1$ , siempre). Un r negativo significa que altos valores de un caracter x coinciden con bajos valores del caracter y.

El esquema más abajo ilustra las relaciones antes mencionadas (correlaciones) entre dos caracteres en tres casos diferentes.



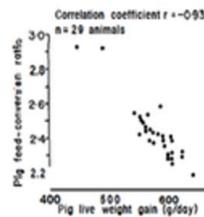
Circunferencia del corazón con peso vivo

$r = 0,94$



Peso vivo con precio de venta

$r = 0,15$



Peso vivo con conversión alimenticia

$r = -0,93$

Es muy importante entender que la correlación no indica la causa y consecuencia o resultado. Un peso vivo en cerdos no es directamente la causa de una baja conversión alimenticia (tercer ejemplo en el esquema anterior) o viceversa. La correlación sólo indica que existe una relación entre dos caracteres. Cuando se basa por ejemplo en la función de los mismos genes, esta relación constituye una herramienta para utilizar en el mejoramiento.

## 7. Capítulo 4.7. Regresión

Ante una elevada correlación, surge la pregunta: ¿Cuánto se espera que cambie  $y$  si  $x$  cambia una unidad? Esa pregunta puede ser respondida por el coeficiente de regresión: es una medida de la relación entre  $x$  e  $y$ , pero expresada como una proporción de la varianza de  $x$ . Por lo general se denota como **b**.

En términos estadísticos:

$$b(x, y) = \text{cov}(x, y) / (\text{var } x)^2$$

En otras palabras  $b(x, y)$  = es el cambio en el valor de  $y$  cuando  $x$  es una unidad mayor. También es posible calcular el cambio en  $x$  cuando  $y$  es una unidad mayor.

Este coeficiente de regresión puede ser calculada como:

$$b(y, x) = \text{cov}(x, y) / (\text{var } y)^2$$

El coeficiente de regresión puede tener valores positivos o negativos dependiendo el valor de correlación entre dichos caracteres. El coeficiente de regresión, por ejemplo, de la producción de leche de la hija con respecto a la producción de leche de su madre, puede ser utilizado para estimar la heredabilidad de este carácter.

## 8. Capítulo 4.8. Los errores de medición

El resultado de una medición en un animal se llama fenotipo. Las mediciones siempre deben llevarse a cabo con mucho cuidado y revisarse críticamente. Los errores de medición determinan con qué precisión se determinan los fenotipos.

### *Definiciones*

El **fenotipo** es el valor observado de un carácter. Es el resultado de factores genéticos y ambientales, y de las interacciones que afectan la expresión del carácter, incluidos los errores de medición.

Estos errores de medición pueden tener un carácter sistemático y/o azaroso. Los errores sistemáticos pueden ser causados por diferencias entre los animales, por ejemplo: composición de la dieta, la edad a la medición, actividad física, etc. Los errores aleatorios o al azar, por ejemplo, incluyen errores de medición, y pueden representar la causa de la baja repetibilidad de un carácter. Por ejemplo, cuando se quiere medir la longitud de las extremidades de un animal, y repetimos esta operación diez veces, obtendremos mediciones que varían ligeramente. Estas variaciones son producto de ligeros movimientos del animal. Cuando se mide la altura a la pelvis, se observa una pequeña variación en las mediciones. Dos medidas de precisión de los registros son fundamentales: la **repetibilidad** y la **reproducibilidad**, ambos son correlaciones de varias medidas sobre un mismo animal.

### *Definiciones*

La **repetibilidad** es una medida de cuánto se corresponde una medida con otra sobre un mismo objeto bajo condiciones similares. Indica con cuánta precisión puede determinarse un carácter. Solo está influenciada por errores en la medición y por el transcurso del tiempo.

Cuando la repetibilidad para un carácter es baja, la heredabilidad del mismo también será baja. Eso significa que es difícil mejorar este carácter en un programa de mejoramiento.

### *Definiciones*

La **reproducibilidad** es la relación entre diferentes mediciones en diferentes localidades y/o por diferentes personas. Además de los errores de medición y efectos temporales, está influenciada por errores sistemáticos, por ejemplo, diferentes operarios o técnicos.

Cuando la repetibilidad para un carácter es alta, y la reproducibilidad es baja, es menester orientar los esfuerzos hacia la estandarización de las mediciones del fenotipo y en el entrenamiento de los operarios.

Por ejemplo, el peso corporal de los lechones se mide al destete cuando se separan de la madre, en un horario fijo durante el día y posteriormente se vuelven a pesar luego de un intervalo definido de restricción de alimenticia previo traslado al matadero. Entonces, es posible calcular la ganancia diaria de peso durante el periodo de engorde sin el riesgo de cometer errores sistemáticos de medición.

Para la observación, medida y registro de caracteres corporales en equinos, es muy recomendable comenzar con una sesión de capacitación de los operarios y repetir las mismas regularmente. De lo contrario, dos operarios podrían dar (sistemáticamente) diferentes registros para el mismo animal, lo que lleva a una baja reproducibilidad del carácter a pesar de su alta repetibilidad.

## **9. Capítulo 4.9. Frecuencia de las mediciones**

La frecuencia con la que se mide un determinado carácter depende de muchos factores. En el caso de la producción de leche, una máquina de ordeño registra el volumen de leche producido por cada vaca. La conformación de los animales, en cambio, requiere de una visita de un inspector al establecimiento, costosas por lo general, por lo que se hace pocas veces al año.

La incidencia de una enfermedad sólo se registra cuando el productor convoca a un veterinario. El rendimiento de un caballo se establece en muestras de prueba. La conformación de un perro se registra en exposiciones especiales.

En general, el número de registro aumenta si se entiende que existe una determinada tendencia en la variación del carácter. Por ejemplo, las curvas de producción de leche de vacas, ovejas y cabras pueden diferir en el período de lactancia: parte superior de producción (kg y días de lactancia) y la persistencia (forma de la curva: disminución plana o aguda después de la parte superior). Para obtener una estimación fiable del rendimiento de la lactancia (el carácter objetivo de la selección) se determinó que el registro de al menos una vez cada seis semanas es necesario. En muchas granjas productoras de leche el primer argumento para el registro de la producción de leche se basa en la necesidad de llevar una correcta gestión de la alimentación, el segundo argumento es detectar los mejores animales para la producción de leche.

## **10. Capítulo 4.10. ¿Las mediciones en el animal o en parientes?**

A partir de que animales debería tomarse registro depende fuertemente del tipo de carácter: el crecimiento puede medirse tanto en machos como en hembras desde el nacimiento hasta la muerte, la producción de leche sólo puede tomarse en hembras luego del primer parto, la producción de huevos contabilizada luego del primer período de postura. Los caracteres de carcasa sólo pueden conocerse luego del sacrificio. La resistencia a enfermedades sólo puede expresarse ante la presencia del patógeno en cuestión. La longevidad puede establecerse sin problemas cuando finaliza la vida del animal. Es por ello, que, para diferentes categorías de caracteres, pueden emplearse diferentes fuentes de información como una medida de aproximación al genotipo de un animal candidato a selección. Las fuentes de información son informativas ya que están relacionadas al animal en cuestión.

- ✓ Información de los padres (pedigrí): producción de leche, fertilidad, longevidad
- ✓ Información de hermanos completos o medio hermanos: producción de leche, características de la canal, fertilidad, longevidad, resistencia a enfermedades
- ✓ Información de la progenie: producción de leche, características de la canal, la fertilidad, salud

El registro de algunos caracteres puede llevarse a cabo sin costo alguno. En perros y caballos, por ejemplo, es preciso organizar una muestra, incurriendo en un costo ya que es necesario contratar a un jurado. En otras especies, los inspectores visitan los establecimientos para estudiar la conformación de los animales. Para otras, en cambio, se debe adquirir maquinaria muy costosa para escanear animales vivos, o caracteres que se miden en los mataderos. Las metodologías de bajo costo tienen la ventaja que pueden usarse para registrar caracteres sobre un número mayor de animales, pero si su precio es muy alto, por ejemplo, escaneo mediante ultrasonido, sólo se examinan los animales potenciales con un alto impacto en el programa de mejoramiento.

Los fenotipos se registran por una serie de organizaciones, lo cual implica un esfuerzo adicional para combinar los fenotipos de un animal previo al cálculo de su valor de cría.

## 11. Capítulo 4.11. Valor de caracteres indicadores

Para caracteres de importancia que son difíciles de medir, o que se expresan tardíamente en la vida de un animal, es valioso y de utilidad el empleo de caracteres indicadores. En caballos, por ejemplo, existe una buena relación (correlación) entre la puntuación para calidad de extremidades y longevidad, por lo que el puntaje para calidad de patas puede emplearse como predictor de su longevidad. En este caso, entonces, la calidad de las extremidades se puede usar como criterio de selección para mejorar el objetivo del programa de mejoramiento, la longevidad.

En cerdos, se ha desarrollado un test en el que se emplea el halotano, el cual tiene un efecto anestésico. La prueba del halotano es un buen predictor de susceptibilidad al estrés. Las actividades en torno al traslado al matadero, generan un estrés en los cerdos, el cual provoca deterioro en la calidad de la carne. La ventaja de la prueba del halotano es que se puede emplear como un buen indicador para seleccionar aquellos animales con menor susceptibilidad al estrés, y, por lo tanto, mejorar la calidad de la canal.

**Cerdo susceptible al estrés**



**Cerdo resistente al estrés**



## 12. Capítulo 4.12 El valor de la información de los parientes

### *Información de los antepasados*

Cuando nace un animal, o incluso cuando un embrión está disponible, a un criador le gusta saber el valor de este individuo para su programa de cría y mejoramiento. ¿Es esta cría solamente de utilidad para el trabajo, la producción, las actividades de ocio, o también podrá usarlo como padre para la próxima generación? ¿Puedo usarlo para mejorar las generaciones futuras?

Como primera aproximación, se puede estudiar el pedigrí y recabar toda la información de los antepasados. La información de los padres es muy valiosa ya que la relación genética aditiva entre los padres y su progenie es de 0.5. La información de los abuelos y demás antepasados de generaciones previas solo tiene valor cuando no se dispone de información de los padres o la misma es limitada. Los alelos que no se transmiten de abuelos a padres, por ende, tampoco pueden transmitirse al animal en cuestión. La información que brinda un pedigrí es muy útil cuando el fenotipo o caracteres no pueden determinarse (todavía) en el mismo animal. Por ejemplo, si se tienen que seleccionar machos para caracteres que sólo se expresan en las hembras, o de caracteres que sólo se manifiestan luego de la pubertad (producción de leche y huevos, fertilidad), posterior al sacrificio (calidad de la canal), y/o hacia el final de su vida (defectos relacionados con la edad, longevidad).

### *Información propia*

Tan pronto como un carácter puede ser medido en el propio animal, el valor de la información de sus antepasados pierde valor. Entonces, se expresa o manifiesta el valor genético del individuo, y se pone en evidencia con mayor claridad qué 50 % del valor genético del padre y

de la madre fueron a este animal.

Los registros propios son muy valiosos cuando el carácter es de alta heredabilidad. Por lo tanto, los errores de medición o efectos ambientales para ese carácter son muy limitados.

#### *Información de hermanos*

En algunas especies, como aves y cerdos, existen familias de hermanos completos. En las aves de corral, las gallinas y los gallos pueden aparearse y posteriormente pueden producir cientos de hermanos completos. En los cerdos, una camada promedio comprende 14 lechones, también hermanos completos. La relación genética aditiva entre dos hermanos completos es de 0,5, y esto significa que los registros de hermanos completos brindan información sobre el valor de cría del animal en cuestión. En caso que los hermanos completos nazcan en distinto momento, entonces los hermanos mayores aportan información sobre el valor de cría de los hermanos más jóvenes.

Un ejemplo concreto de aplicación de selección de hermanos se da en cerdos, cuando los registros tomados sobre un hermano sacrificado se utilizan para predecir el valor de un hermano completo que será empleado como progenitor.

En perros, uno entrenado como perro lazarillo puede aportar información para que su hermano completo sea seleccionado para un programa de mejoramiento de perros lazarillo.

En la mayoría de las especies los sementales se aparean con varias hembras, y de esta manera, dentro de la descendencia, se crean grupos de medios hermanos. El valor genético aditivo entre medio hermanos no es muy elevado (0,25). La información de un solo medio hermano tiene un valor bastante bajo para un medio hermano sea seleccionado. Sólo cuando se dispone del registro de varios medios hermanos, recién ahí se puede obtener información valiosa.

#### *Información de grupos de medio hermanos u hermanos completos.*

En la mayoría de las especies, de un semental se obtiene como descendencia varios grupos de medio hermanos relativamente grandes. El ejemplo más destacado son los toros lecheros utilizados en programas de inseminación artificial. En los programas tradicionales de mejoramiento de ganado lechero, los toritos producen un primer grupo de hijas. Con la obtención de la primera camada de hijas, que a menudo consiste en más de 50 terneras, con un valor genético aditivo de 0,5 con el progenitor, la información que se puede obtener de allí es muy valiosa. En otras especies también se obtienen grupos de hermanos completos, como en cerdos, aves y perros. Todos los individuos de una camada tienen una relación genética aditiva de 0,5 con su madre y con su padre.

#### *Combinación de fuentes de información*

En los programas de cría y mejoramiento, los datos de los animales son muestreados y almacenados continuamente en bases de datos. Estas bases de datos contienen caracteres antepasados, animales vivos a seleccionar, sus hermanos y su prole. Para los animales vivos, toda esta información se combina y analiza por métodos estadísticos, para estimar su valor de cría. El número de generaciones entre el animal que se va a seleccionar y el animal del que se almacenan los registros en la base de datos determina la relación genética aditiva y la utilidad para estimar el valor de cría del animal a ser seleccionado. Además, el valor de la información depende de la naturaleza del tipo de animal (esto es, si es un carácter limitado al sexo, en qué momento de su vida puede medirse, etc.) El número de parientes con registros también un dato importante: una nieta con información de calidad de carcasa brinda datos muy informativos para el valor genético de su abuelo/a. Y cuando hay miles de nietos/as, esta información se vuelve mucho más valiosa. Los datos del cadáver no son muy informativos para el valor genético de un abuelo, pero cuando hay miles de nietas, como en el caso de la producción de carne de cerdo, estos datos son muy valiosos.

### 13. Capítulo 4.13. Las posibilidades de análisis de ADN

Además de los fenotipos, se puede recolectar información basada en el ADN para varios propósitos. El ADN se encuentra en los cromosomas, y contiene la información genética que hace a la diferencia entre las distintas especies animales. Dichas diferencias son principalmente causadas por cambios en la secuencia de nucleótidos.

A veces, un nucleótido es sustituido por otro: mutación puntual, la base de la variación genética entre animales, y que puede determinarse mediante herramientas de biología molecular. Una secuencia nucleotídica puede tener una función génica, y ser responsable de la síntesis de una proteína.

Una mutación puntual, la sustitución de uno o más nucleótido por otro/s, resulta en un cambio en la secuencia y como resultado la producción de una nueva proteína, su ausencia, o el mal funcionamiento de la misma.

#### **Definiciones**

Una **mutación** es un evento que provoca cambios en la secuencia del ADN en el cromosoma de un individuo, de modo que dicha secuencia ya no es la misma que la heredad del padre y/o de la madre. En genética, estos eventos tienen mayor impacto cuando ocurren en las células germinales, porque pasan a la descendencia. Las mutaciones son causadas por irregularidades en diversos procesos celulares, y cuando la mutación altera la función de la secuencia, introduce nuevas variantes genéticas en una población.

Casi todos los caracteres de un animal son determinados por múltiples genes. En Genética, un QTL (QTL, por sus siglas en inglés, *Quantitative Trait Loci*) es un locus cuya variación alélica está asociada con la variación de un carácter cuantitativo, es decir, con aquellos caracteres cuantificables que varían de forma continua.

#### **Definiciones**

Un **QTL** es un *Quantitative Trait Locus*, pequeño segmento discreto de ADN, que posee un efecto sustancial sobre un carácter. Sólo unos pocos QTLs han sido caracterizados que tienen efectos significativos sobre un carácter. La mayoría de los caracteres complejos, como peso corporal y producción de leche están regulados por muchos genes, aproximándose a la teoría genética cuantitativa, en la que un número infinito de genes tiene un pequeño efecto sobre un carácter.

### 14. Capítulo 4.14. Marcadores de ADN

De un pequeño porcentaje del ADN del cual conocemos su función, se corresponde con genes responsables de la síntesis de proteínas. De otros segmentos de ADN, muy extensos, ubicados entre los genes, se desconoce su función. Sin embargo, en el laboratorio se puede establecer las diferencias en composición de este último tipo de ADN. Existen muchas técnicas genéticas moleculares que se emplean para encontrar marcadores genéticos en los cromosomas. Varias técnicas de genética molecular se utilizan para encontrar marcadores genéticos en los cromosomas.

### ***Definiciones***

Un **marcador genético** es una secuencia específica e identificable de ADN.

A veces, un marcador genético es un alelo de un gen que produce una proteína. Se llama un marcador funcional, ya que afecta directamente a la función de la proteína. Sin embargo, en la mayoría de los casos, el marcador genético es un fragmento de ADN de la cual no sabemos su función. Está situado en un cromosoma cerca de un gen y por lo tanto relacionado con uno de los alelos del mismo. Desde el inicio de los trabajos de genética molecular en animales, los genetistas han hecho mucho trabajo para encontrar marcadores genéticos. Antes que nada, sólo sabían que tanto el padre como la madre, pasaban a su descendencia sólo uno de los dos alelos que poseían, pero desconocían cuál de ellos, es decir, qué alelo le transmitían a su progenie. Con los marcadores genéticos, es posible realizar un seguimiento e identificación de qué alelo transmitió el padre y qué alelo transmitió la madre.

#### ***14.1 Capítulo 4.14.1. Control de paternidad***

Los marcadores genéticos ofrecen algunas aplicaciones importantes en el mejoramiento animal. El primero es el control de la paternidad. Se basa en el hecho de que tanto el padre como la madre pasan a su descendencia sólo uno de sus alelos. Por lo tanto, de los dos alelos que se encuentran en el hijo/a, uno de ellos debe estar presente en el padre y el otro en la madre (ver ejemplo).

Los errores en los pedigrís pueden ser causados por los intercambios de padres (o semen) en el apareamiento, por apareamientos inadvertidos, intercambio de animales jóvenes poco después del nacimiento o errores administrativos. A partir de las experiencias en el control del parentesco, se sabe que del 2 al 10 % de los animales tiene un pedigrí erróneo. En los programas de cría y mejoramiento que tienen costos elevados, el control de la paternidad es muy recomendable, especialmente cuando los animales se mantienen en gran número en una unidad de apareamiento, donde los errores pueden aparecer fácilmente.

**Ejemplo:** control de paternidad empleando 18 microsatélites (Fuente: Het fokken van rashonden”, Kor Oldenbroek and Jack Windig, Raad van Beheer op Kynologsich gebied in Nederland)

Dos perros hembra llamadas Marjolein y Martha nacen el mismo día en la misma jaula. El dueño de la perrera consideró que Marjolein era la hija de la perra Lianne y el perro Borus. A su vez, los padres de Martha, según el dueño, eran Lieneke (madre) y Bart (padre). Los dos machos, Borus y Bart, son propiedad de un criador vecino. Lianne fue apareada con Borus el mismo día que Lieneke fue apareada con Bart. Como de costumbre, antes de imprimir el pedigrí oficial, se llevó a cabo un control de filiación con 18 marcadores de microsatélites para controlar el pedigrí.

Análisis de ADN en los seis perros, y para cada microsatélite, los alelos identificados

<b>Microsatélite</b>	<b>Marjolein</b>	<b>Lianne</b>	<b>Borus</b>	<b>Martha</b>	<b>Lieneke</b>	<b>Bart</b>
1 AHT 121	102/102	102/102	97/102	97/102	97/102	102/102
2 AHT 137	149/151	147/151	128/147	147/149	149/151	149/151
3 AHTH 171	219/225	219/225	212/233	227/233	227/229	219/219
4 AHTH 260	254/252	254/246	252/250	252/244	244/244	252/244
5 AHTK 211	93/93	93/95	91/95	91/93	93/93	93/97
6 AHTK 253	284/288	288/290	288/288	288/288	286/288	284/288
7 CXX 279	126/126	126/128	124/128	124/128	126/128	124/126
8 FH 2054	152/152	152/164	152/156	156/160	152/160	152/156
9 FH 2848	230/234	234/234	230/230	230/230	230/230	230/234
10 INRA 21	97/101	97/101	95/101	95/101	95/97	95/101
11 005 INU	126/126	126/126	126/128	132/128	132/126	130/126
12 INU 030	144/144	144/150	144/144	144/144	144/150	144/144
13 INU 055	210/214	210/218	210/212	210/216	212/216	214/216
14REN162C04	202/204	200/202	200/204	202/204	200/202	200/204
15REN169D01	212/218	212/212	218/218	214/218	214/218	216/218
16REN169O18	162/164	162/162	164/170	164/170	164/168	164/168
17 247M23	268/268	268/270	268/272	268/268	268/274	268/274
18 54P11	226/226	226/236	226/232	226/226	226/232	226/234

Marjolein tiene para el microsatélite 1 (AHT 121) el alelo 102 en estado homocigota (102/102). Este alelo está presente tanto en Lianne como en Borus. Para el microsatélite 2 (HTA 137), Marjolein tiene los alelos 149 y 151. ¡El alelo 151 está presente en su madre Lianne, pero su padre Borus NO tiene el alelo 149!

Para microsatélite 3 (AHTH 171) Marjolein tiene los alelos 219 y 225, similar como su madre Lianne, pero su padre Borus tiene los alelos 212 y 233. Si se continúan examinando los 18 microsatélites presentes en los seis animales, se puede concluir que Borus no puede ser el padre de Marjolein en base a los microsatélites 2, 3, 5, 6, 7, 13. En base a los alelos indentificados en el perro Bart para los 18 microsatélites, es muy probable que Bart sea el padre de Marjolein.

Teniendo en cuenta los alelos de Marta y Lieneke se puede concluir que resulta altamente probable que sean madre e hija. Pero Bart no puede ser el padre de Martha en base a los alelos para los microsatélites 2, 3, 5, 11, 13 y 16.

Una comparación de los alelos de Marjolein con los alelos de Lianne y de Bart indican que Marjolein puede nacer de un apareamiento de Lianne y Bart y que Martha nace de un apareamiento de Lieneke y Boris. Al parecer, algo ha ido mal durante los apareamientos.

## 14.2 Capítulo 4.14.2. Selección asistida por marcadores y selección genómica

### *La selección asistida por marcadores*

La segunda aplicación de un marcador genético es el rastreo de alelos con un efecto favorable en la selección asistida por marcadores. Muchos marcadores genéticos fueron encontrados en los animales de producción que estaban estrechamente vinculados a un QTL con un efecto favorable en muchos caracteres. Sólo se han encontrado unos pocos QTL; por lo tanto, el uso de marcadores en la selección fue limitada hasta que se introdujo la selección genómica.

La tercera aplicación de un marcador genético es el rastreo de alelos con un efecto desfavorable. Como ejemplo se puede citar a los defectos genéticos recesivos monogénicos que están presentes en todas las especies. La siguiente tabla da una visión general del número total de defectos genéticos registrados por especies, los trastornos basados en caracteres recesivos monogénicos (carácter mendeliano), los trastornos de los que se conoce la mutación en el ADN y que tiene un marcador genético disponible, y el número de defectos genéticos que se pueden utilizar para estudiar enfermedades humanas:

[Genetic defects: http://omia.angis.org.au/home/](http://omia.angis.org.au/home/)



#### Summary

	dog	cattle	cat	sheep	pig	horse	chicken	goat	rabbit	Japanese quail	golden hamster	Other	TOTAL
Total traits/disorders	580	397	302	214	214	206	190	72	58	41	40	463	2777
Mendelian trait/disorder	223	145	75	88	45	40	114	13	28	31	28	146	976
Mendelian trait/disorder; key mutation known	154	78	40	32	18	29	36	9	7	9	3	58	473
Potential models for human disease	296	142	165	82	77	108	41	28	37	11	14	229	1230

Los marcadores genéticos de caracteres recesivos monogénicas son muy valiosos, ya que pueden ser utilizados para detectar los portadores heterocigotos del alelo, los animales heterocigotos que no muestran ningún síntoma de la anomalía genética, pero lo transmiten a su descendencia. El apareamiento de dos animales heterocigotos da una probabilidad de que el 25 % de la descendencia presente síntomas defecto genético.

### *La selección genómica*

La cuarta aplicación de los marcadores genéticos es la selección genómica. La selección genómica es una forma de selección asistida por marcadores en el que se utiliza un número muy grande de marcadores genéticos que cubren todo el genoma. En este caso todos los loci de caracteres cuantitativos (QTL) están estrechamente vinculadas en el cromosoma con al menos un marcador. El gran número de marcadores se obtiene mediante los chips que se basan en SNP (Polimorfismos de un nucleótido), una mutación puntual de un solo nucleótido. La selección genómica se basa en el análisis de 10.000 hasta 800.000 SNP's. Este elevado número de marcadores genéticos se utiliza como entrada en una fórmula de predicción del valor de cría de un animal.

En el mejoramiento de animales, los marcadores genéticos tienen un valor altísimo, dado a las mejoras que produce para caracteres de baja heredabilidad, y para los caracteres que se manifiestan en un sexo, tardíamente o después del sacrificio del animal.

### ***Definiciones***

**Selección Genómica** consiste en la selección de un carácter con un gran número de marcadores abarcando casi todos los QTL que están asociados al carácter.

Un factor de complicación es la recombinación entre SNP's y QTL's. Esto significa que el valor de los animales en la población de referencia se ralentiza cuando el número de generaciones entre ellos y la población de base aumenta (hay más oportunidades para que ocurran eventos de recombinación). También implica que es muy recomendable para continuar los registros fenotípicos en las generaciones futuras.

### ***Secuenciación de todo el genoma***

Recientemente se introdujo la secuenciación del genoma completo. La secuenciación del genoma completo es un proceso de laboratorio que determina la secuencia completa del ADN<sup>1</sup> del genoma de un organismo en un momento dado. Esto implica secuenciar la totalidad del ADN presente en los cromosomas<sup>3</sup> DNA así como el ADN contenido en las mitocondrias<sup>4</sup>. Esta técnica se utiliza en entornos de investigación, pero se espera que se use con fines prácticos en la selección, ya que abre la posibilidad de seleccionar directamente para alelos favorables de QTL's.

---

1<http://en.wikipedia.org/wiki/DNA>

2<http://en.wikipedia.org/wiki/Genome>

3<http://en.wikipedia.org/wiki/Chromosomal>

4[http://en.wikipedia.org/wiki/Mitochondrial\\_DNA](http://en.wikipedia.org/wiki/Mitochondrial_DNA)

## **15. Capítulo 4.15. Aspectos claves en el registro de información en la toma de decisiones para mejoramiento**

1. El registro del pedigrí es una columna vertebral del mejoramiento de animales, ya que puede ser utilizado para establecer la relación genética aditiva entre los animales. Esta relación es la cantidad de ADN que comparten dos animales por estar emparentados.
2. Un pedigrí sólo tiene valor predictivo cuando un sistema de identificación único y fiable se utiliza en un programa de mejoramiento
3. Al nacer cada animal debe obtener un número de identificación único y sus padres debe ser conocido sin ninguna duda. Otro requisito es que las mediciones (fenotipos) en los animales (por ejemplo, altura de la cruz, la producción de leche, etc.) se combinan con el número de identificación correcta.
4. Los caracteres monogénicos se pueden registrar en clases y puntuarse como 0 o 1 (en caso de dos clases) o 1, 2, 3, 4 .... n, en caso de n clases.
5. La herencia poligénica se pueden registrar con una escala numérica. El valor medio de tales caracteres en una población se presenta como la media, y la variación entre los animales como la desviación estándar. El coeficiente de variación es la desviación estándar dividida por la media.
6. La conexión entre dos caracteres poligénicos puede ser descrita por la covarianza entre los caracteres, la correlación y la regresión.
7. Los caracteres a seleccionarse deben ser medidos con preferencia sobre los candidatos a selección. Para los caracteres importantes que son difíciles de medir o se expresan tardíamente o incluso al final, el uso de caracteres indicadores es de utilidad.
8. Los caracteres a ser seleccionados también se pueden medir, debido a la existencia de relaciones aditivas, sobre los antepasados, los hermanos completos o medios hermanos o en la progenie.
9. Los marcadores de ADN se pueden utilizar para el control de filiación, selección asistida por marcador de caracteres positivos (por ejemplo, caracteres de calidad del producto), selección asistida por marcadores contra caracteres desfavorables (por ejemplo, defectos genéticos) y la selección genómica.

## **Capítulo 5:** Los modelos genéticos

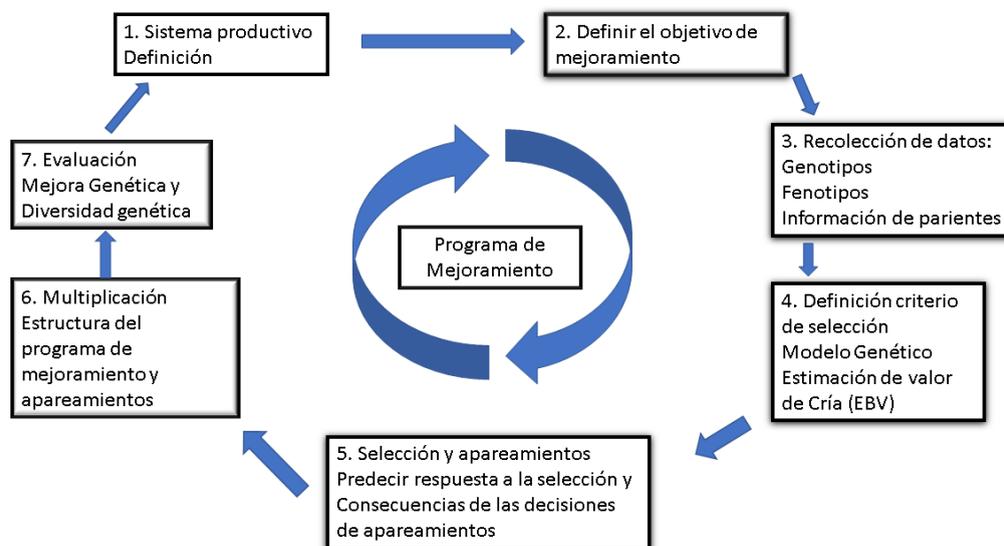
## **Tabla de contenidos**

- 1 Capítulo 5.1 El fenotipo y el medio ambiente durante la historia de la vida
  - 1.1 Capítulo 5.1.1 Eventos antes del nacimiento
  - 1.2 Capítulo 5.1.2 Eventos después del nacimiento
  - 1.3 Capítulo 5.1.3 Eventos después del destete
  - 1.4 Capítulo 5.1.4 Eventos de vencido
  - 1.5 Capítulo 5.1.5 Acontecimientos posteriores a la fase reproductiva
- 2 Capítulo 5.2 Modelo Genético
- 3 Capítulo 5.3 Herencia y variación monogénica genética
- 4 Capítulo 5.4 Variación genética en características poligénicas
- 5 Capítulo 5.5 Componentes de la Varianza
- 6 Capítulo 5.6 Formas de simplificar el modelo genético
- 7 Capítulo 5.7 Modelo de transmisión de los caracteres
- 8 Capítulo 5.8 La heredabilidad
- 9 Capítulo 5.9 Estimar la heredabilidad de forma simple: regresión padres e hijos.
- 10 Capítulo 5.10 Los conceptos erróneos sobre la heredabilidad
- 11 Capítulo 5.11 La varianza debida a un Ambiente Común.
  - 11.1 Capítulo 5.11.1 Importancia del entorno común
  - 11.2 Capítulo 5.11.2 Ejemplos de efectos ambientales comunes
  - 11.3 Capítulo 5.11.3 Caso particular de un efecto ambiental común: el efecto materno
  - 11.4 Capítulo 5.11.4 El efecto ambiental común: (indirecta) efecto genético social
- 12 Capítulo 5.12 Conceptos fundamentales de los modelos genéticos

Aunque para algunas especies animales se ha cartografiado el genoma completo, todavía no podemos "ver" cuál en una población de los animales serían los genéticamente superiores. No podemos leer el funcionamiento del ADN con todo detalle todavía. Así que, en cambio, necesitamos hacer una estimación del potencial genético del animal basado en su fenotipo. ¿Cómo podemos hacer eso? Esto es el tema del capítulo sobre la clasificación de los animales. En este capítulo veremos cómo podemos conseguir una impresión de cuánta de la variación fenotípica en el rendimiento que observamos en nuestra población se debe a las diferencias genéticas entre los animales.

Por ejemplo, ¿Una vaca que produce un promedio de 25 kg por día en su lactancia es genéticamente mejor que una vaca que produce 15 kg por día? ¿Un caballo que siempre tiene un alto en una prueba de doma, es genéticamente mejor que el que tiene una puntuación mucho más baja? ¿Y por qué la hermana entera de un excelente perro de caza no se desempeña al máximo nivel con el mismo entrenador? Las respuestas a estas preguntas pueden no ser las mismas. En este capítulo descubriremos por qué.

Si miramos el diagrama de nuevo con las etapas involucradas en el círculo del programa de cría y mejora genética, entonces estamos en la etapa número 4. En los capítulos anteriores hemos identificado el objetivo de la cría y mejoramiento animal, hemos recogido mediciones sobre fenotipos y genotipos y pedigrí de los animales. En este capítulo definiremos el modelo genético que se utilizará como herramienta para traducir las mediciones en un conjunto de criterios que podemos utilizar para clasificar los animales para la selección



## 1. Capítulo 5.1 fenotipo y el medio ambiente durante la historia de la vida

Generalmente *No toda la variación en los fenotipos observados, es el resultado de diferencias en la composición genética* entre los animales.

Parte de ello se determina por la variación en lo que llamamos “el ambiente”. *A menudo, el entorno tiene una influencia muy importante en el fenotipo del animal.*

Una impresión de qué tipo de influencia tiene el medio ambiente en el fenotipo se da en la figura 1. *La figura representa la duración de la vida de un animal, indicada por la flecha verde. Las barras verticales en la flecha representan los acontecimientos importantes en la vida que indican el inicio de una nueva fase en la historia de la vida de los animales. Por encima de estas barras son cuadros de texto que describen el tipo de evento. Por debajo de la flecha son cuadros de texto que indican qué tipo de influencias ambientales actúan sobre el animal durante cada etapa de su ciclo de vida.*

El desarrollo del embrión que depende de la calidad del oocito y el espermatozoide y del ambiente en el útero también o sea que la propia madre es parte del ambiente de ese animal. El cuidado materno al nacimiento y el ambiente en el cual se cría un animal también influyen en su performance en el futuro

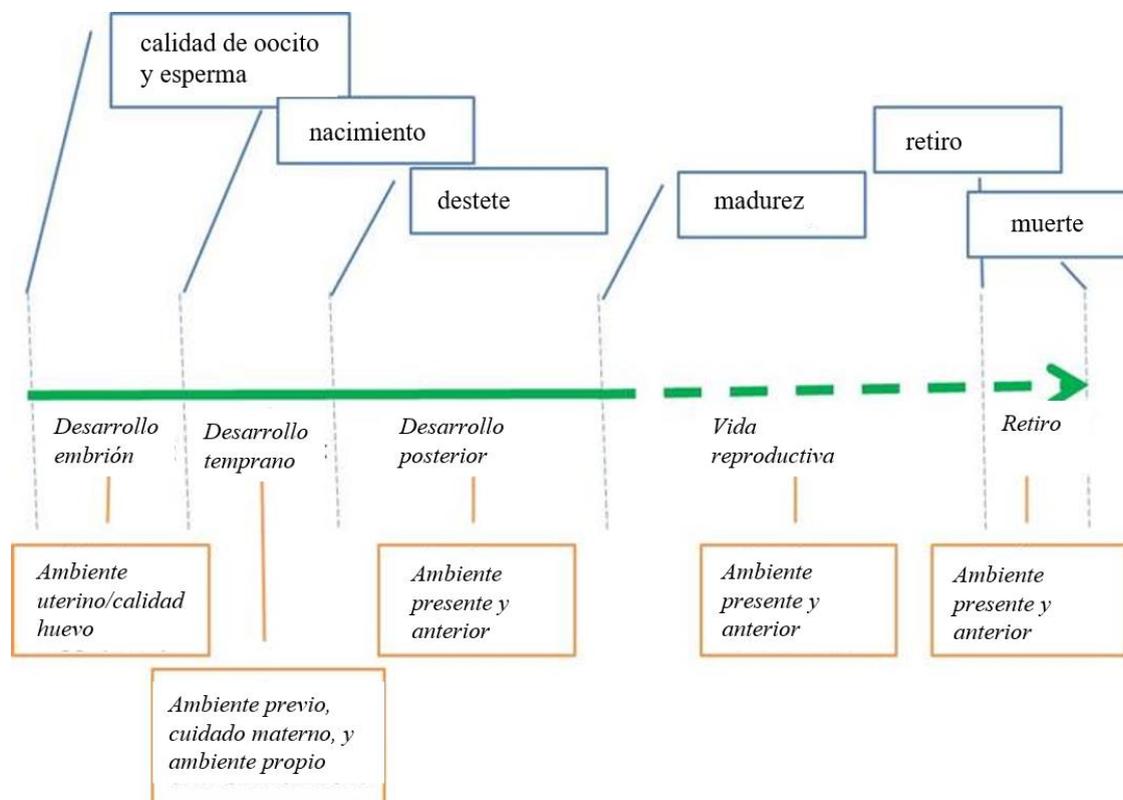


Figura 1. Esquema de la vida útil de un animal, y los eventos importantes que indican cambios en las influencias ambientales. En los cuadros inferiores se detallan los eventos que son de influencia, presentes y del pasado. Hasta el destete, la madre determina esta influencia.

### 1.1 Capítulo 5.1.1 Eventos antes del nacimiento

La historia de la vida de un animal comienza con la fusión de un oocito y un espermatozoide: que forman la concepción. Qué les haya sucedido a estos dos, antes de la concepción tiene una influencia sobre su calidad, y por lo tanto las condiciones de puesta en marcha del animal. La siguiente fase importante es a través del desarrollo embrionario una fase fetal al nacimiento

del animal. En los mamíferos esta fase se produce en el útero y la madre tiene menos continua influencia. En las especies de puesta de huevos la influencia de la madre establece principalmente en la composición de la yema y la clara.

Durante su tiempo hasta el nacimiento, el animal se encuentra con algunos de los denominados ventanas de desarrollo: los períodos durante los cuales deben desarrollar ciertas partes de cuerpo. Estas ventanas suelen tener un plazo fijo. Eso significa que el desarrollo debe tener lugar durante ese plazo de tiempo. Después de que la ventana se cierra de nuevo, el desarrollo en ese aspecto ya no es posible. El desarrollo no sólo dependerá de la genética del animal, sino también en el medio ambiente. Si eso no es suficiente, el desarrollo será inferior al óptimo.

### *1.2 Capítulo 5.1.2 Eventos después del nacimiento*

Después del nacimiento o la eclosión, la influencia de la madre continúa, siempre que la descendencia se le permite estar con la madre. Sin embargo, la influencia del medio ambiente antes del nacimiento está todavía presente. Así que, si había escasez de algo en el útero o el huevo, entonces, el desarrollo se modifica en consecuencia.

Después del nacimiento puede haber crecimiento compensatorio, pero si los órganos no se desarrollaron de manera óptima, entonces eso es un hecho que no se puede corregir más. El desarrollo continúa después del nacimiento, también con una serie de ventanas de desarrollo. desarrollo postparto no sólo implica el desarrollo de la parte física del animal, sino también de la parte emocional. muchos de los componentes del carácter se desarrollan durante las primeras semanas después del nacimiento. Un ambiente temprano subóptimo puede tener una influencia irreversible en el desarrollo emocional del animal. Hasta el destete el entorno del animal se ve influida por la atención materna, incluyendo la provisión de alimentos, sino *también por los otros miembros del entorno, por ejemplo, los compañeros de camada.*

### *1.3 Capítulo 5.1.3 Eventos después del destete*

Después de destete, la parte irreversible de la influencia del ambiente temprano en el desarrollo del animal se mantiene. Además de eso, el entorno actual del animal individual tendrá su influencia. Por ejemplo, si hay comida y agua y de qué calidad, qué tipo de vivienda, la forma en que otros animales influyen en su desarrollo, etc. El desarrollo del animal continúa hasta que se ha terminado de crecer. Esto puede ser después de que ha madurado en el sentido de después del inicio de su vida reproductiva. El primer estro o la producción de esperma fértil, y a veces el nacimiento de la primera cría, se producen antes de que el animal haya terminado de crecer. Por lo tanto, el plazo de vencimiento es un poco engañoso en la figura. A menudo se representa la edad de la primera reproducción, pero en este caso representa el final del desarrollo del animal.

### *1.4 Capítulo 5.1.4 Eventos después de la madurez*

Después de la madurez se encuentra el resto de la vida del animal. Esto dependerá de la calidad del medio ambiente e influirá en la forma en que el fenotipo del animal se expresa. Sin embargo, el animal cuyo desarrollo ha finalizado, muchas de las influencias ambientales serán reversibles. Puede comenzar su vida reproductiva y crear sus propias influencias en su descendencia. Y debido a que él en sí fue influenciado por sus padres, es posible imaginar que esas influencias provocar cambios o modificaciones en el desarrollo de su propia descendencia. De hecho, estas influencias de los padres del animal, del desarrollo de su descendencia, serían efectos transgeneracionales. Esta es un área relativamente nueva de la investigación y no se sabe mucho acerca de la importancia de los efectos transgeneracionales. Un ejemplo es el de la privación de alimentos de la madre del animal durante el embarazo o antes de colocar el huevo. Esto influencia en el

desarrollo del animal. Y debido a que el desarrollo estuvo en parte determinado por dicha privación, esto a su vez puede influenciar en cómo será el desarrollo de su descendencia. Por ejemplo, si el crecimiento del animal fue restringido y quedó de pequeño tamaño comparado con otros, esto debe haber tenido una relación con el tamaño del útero, o sea con el medio ambiente en el que se desarrolló.

### *1.5 Capítulo 5.1.5 Acontecimientos posteriores a la fase reproductiva*

Después de la fase reproductiva, algunos animales domésticos se pueden retirar (depende de la especie y tipo de producción). Con su propio ambiente que influyó en su pasado.

En la selección natural o en la naturaleza, los animales por lo general no se retiran, sino que mueren antes de llegar a esa edad. Los animales de granja son generalmente sacrificados, incluso antes del final del período reproductivo. Tenga en cuenta que el medio ambiente también podría provocar cambios fenotípicos en el animal en esta etapa también, sin embargo, no todas las influencias tempranas tienen un efecto duradero. Algunos de los factores podrán ser reversibles o de influencia insignificante.

## **2. Capítulo 5.2 Fenotipo en un modelo**

Como hemos visto, cualquier cosa que haya sucedido durante la historia de la vida del animal puede tener una influencia en el fenotipo actual. Por ejemplo, si se mide la altura de un animal, entonces ese es su fenotipo. La genética juega un papel en la altura, porque si los genes que posee un animal determinan altura baja, podría comer todo lo que quiera, pero nunca será alto. La composición genética establece el límite. Sin embargo, si ese mismo animal no se alimenta correctamente, o se enferma, o vive en un clima muy frío, o su madre estaba enferma cuando estaba embarazada del animal, el animal ni siquiera alcanzará ese límite y tendrá una altura más pequeña que un animal de la misma composición genética. Estas influencias ambientales no siempre son fáciles de precisar porque empiezan tan temprano (el ovocito y el espermatozoide también experimentan influencias ambientales), pero también porque no siempre está claro lo que es una influencia y lo que no.

### *Definición:*

*El medio ambiente puede definirse como cualquier cosa que influya en el rendimiento del animal que no esté relacionado con la composición genética del animal, comenzando en el momento más temprano posible de la vida, incluso antes de la concepción.*

En general se puede considerar el siguiente modelo básico:

$$\text{Fenotipo (P)} = \text{Genotipo (G)} + \text{Medio Ambiente (E)}$$
$$P = G + E$$

Estos símbolos P y G y E son importantes para recordar ya que se utilizan muy comúnmente para describir fenotipo, genotipo, o 'medio ambiente'.

## **3. Capítulo 5.3 Variación genética monogénica**

Las diferencias genéticas entre los animales son el resultado de diferencias en su ADN. Si un rasgo se determina por un único gen, tal como por ejemplo en el caso de tener cuernos en el ganado o no, (fenotipo mocho/astado) entonces el fenotipo depende de la combinación de alelos para un solo gen. Los animales son astados en caso donde hay homocigosis para el alelo recesivo h. En cambio, en el caso de fenotipo mocho (ausencia de cuernos) es debido a un alelo dominante, por lo tanto, los animales "Hh" y "HH" se ven fenotípicamente iguales (mochos) y sólo el ganado

“hh” tienen cuernos o sea fenotipo astado. Especialmente en el ganado lechero son cortados sus cuernos cuando todavía son muy jóvenes. Sin embargo, también en el Holstein-Friesian (Holando) algunos animales son mochos en vez de astados de forma natural debido a que llevan el H-alelo.

Algunos aspectos como el color del pelaje también están determinadas por un solo gen con dos alelos. Pero eso puede resultar en la variación fenotípica más que en el ejemplo de tener cuernos o no en el ganado vacuno. En caballos de color de pelo castaño, por ejemplo, son aquellos sin factor de dilución (DD) son de color castaño uniforme (pelaje marrón, melena y cola marrón). Pero si tienen un alelo sólo de la dilución “d” (Dd) son Palominos (crines y cola más claras, y pelaje general más claro que el marrón, y con dos alelos de la dilución, o doble dilución (dd) son cremellos (pelaje, melena y la cola casi blanca, y también ojos más claros). Así esta dilución resulta la combinación de alelos de un gen que origina en 3 fenotipos diferentes, mientras que el gen de las astas o cuernos por solo 2 fenotipos. (DOMINANCIA INCOMPLETA O CODOMINANCIA)

***Puede parecer que los rasgos monogénicos no están influenciados por el entorno, por lo que P = G. Pero esto no es siempre el caso.***

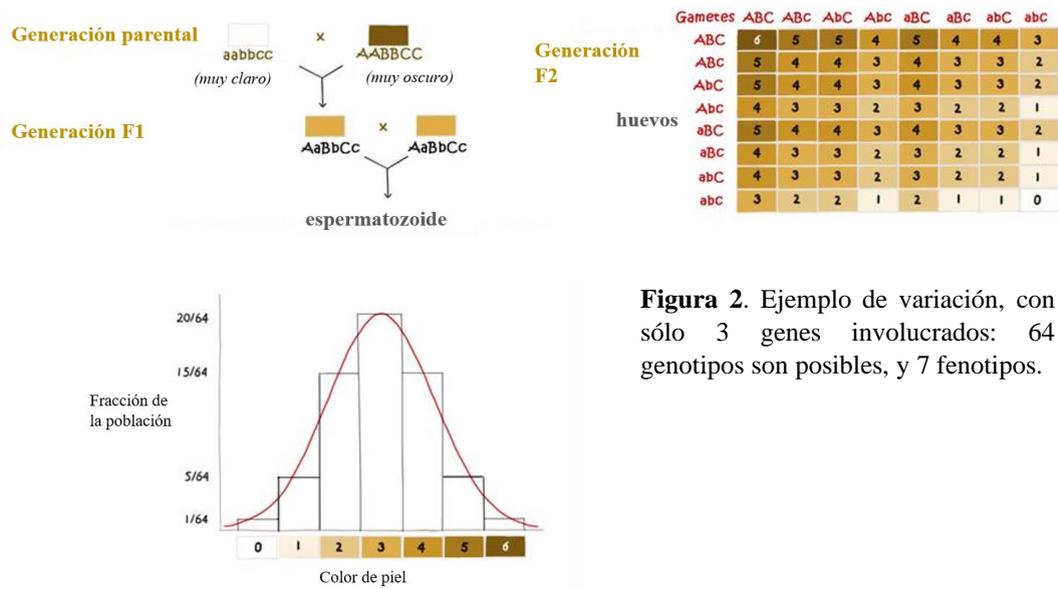
Un **ejemplo de un gen que está influenciada por el medio ambiente** es el gen que causa la **fenilcetonuria o PKU en los seres humanos**. Es un trastorno metabólico hereditaria recesiva bastante rara. Sólo si dos portadores (heterocigotas) tienen un niño, ese niño podría tener PKU (SOLO HOMOCIGOTAS RECESIVOS).

En los Países Bajos: 1 de cada 18.000 niños tiene PKU, pero todos los bebés recién nacidos se testean en sangre (a través de una gota de sangre obtenida del talón). En las personas con PKU, la **enzima Hidroxilasa de Fenilalanina no está presente o no funciona**, de modo **que no puede descomponer el aminoácido fenilalanina**. Esta se va acumulando en la sangre y el líquido cefalorraquídeo y **causa daño a las células nerviosas**, resultando eventualmente en daño cerebral. **Los pacientes con PKU sin tratar padecen por lo general de retraso mental. problemas de conducta, y a menudo sufren de enfermedades de la piel.**

El tratamiento es muy básico: una **dieta de por vida con muy poca proteína y prohibida la ingesta de aspartamo el edulcorante sintético** de las bebidas y alimentos diet o light . Estos deben tener un cartel que lleve la advertencia: **“cuidado fenilcetonúricos que contiene fenilalanina”**. Los pacientes suplementan la dieta con otros aminoácidos para prevenir deficiencias. **Por lo tanto, la expresión de este rasgo monogénico puede estar influenciada por el medio ambiente, por la dieta en este ejemplo.**

#### **4. Capítulo 5.4 variación genética poligénica**

Muchos rasgos están determinados por más de un solo gen. La figura 2 muestra un ejemplo de tres genes que determinan juntos color de la piel. ¡Se puede ver que, con tres genes, ya se forman 64 genotipos diferentes! Pero estos 64 genotipos, no resultan en 64 fenotipos siempre, pero sólo 6 diferentes fenotipos debido a que hay una epístasis: La expresión de los genes dependen de la combinación de alelos y genotipos de estos 64 genotipos, resultando en sólo 6 diferentes grados de expresión fenotípica. Si desea trazar la frecuencia con la que ocurren estos genotipos por cada fenotipo, se obtiene esta curva en forma de campana. Algunos fenotipos se producen más frecuentemente (en el centro medio de la campana) y los fenotipos menos frecuentes en ambos extremos de la misma. Muchos genes están involucrados en la expresión de un rasgo, cuantos más, mayor serán las frecuencias y se parecerá a una forma de campana suave.



**Figura 2.** Ejemplo de variación, con sólo 3 genes involucrados: 64 genotipos son posibles, y 7 fenotipos.

En el mejoramiento genético se parte de una suposición general y es que los rasgos son determinados por un número infinito de genes, cada uno con un efecto muy pequeño, de modo que la forma de campana es muy suave. También se supone que este número infinito de efectos de genes son todos aditivos. El modelo subyacente en este supuesto se llama el modelo infinitesimal.

**Definición**

*El modelo infinitesimal asume que todos los rasgos están determinados por un número infinito de genes, cada uno con un efecto infinitamente pequeño. Esta suposición da como resultado una distribución en forma de campana lisa, que puede ser descrita por la distribución Normal. Esta distribución viene con una serie de reglas sobre las que se construye el mejoramiento animal.*

La investigación reciente ha demostrado que, a pesar de que, por supuesto, el número de genes implicados en la expresión de un rasgo no es infinito, la suposición general de que muchos genes con efecto pequeño participan, a menudo es cierto. Esto es muy conveniente ya que esta forma de campana se ajusta a la distribución normal. Viene con un conjunto de reglas estadísticas que hacen que sea más fácil hacer predicciones. Y eso es lo que queremos hacer en el mejoramiento animal: predecir el potencial genético de los animales y predecir cómo la próxima generación mejorará si decidimos utilizar una cierta proporción de los animales como padres. Más sobre esto en el capítulo sobre el ranking de los animales.

**5. Componentes Capítulo 5.5 Varianza**

La variación en una población puede ser cuantificado usando las estadísticas relacionadas con la distribución normal y se expresa como un componente llamado varianza. En símbolos esto generalmente se indica con una  $\sigma^2$ . Por lo que la variación fenotípica es llamada  $\sigma^2_P$ , la varianza genética se llama  $\sigma^2_G$  y la varianza ambiental se llama  $\sigma^2_E$

Nuestro modelo de  $P = G + E + 2cov_{G,E}$

Lo que es lo mismo  $P = G + E$

P: deriva de *Phenotype* o fenotipo en inglés.

G: deriva de *Genotype* o genotipo en inglés

E: deriva de *Environment* ó ambiente en inglés

La covarianza entre G y E se supone que es 0. En otras palabras: no hay dependencia del genotipo sobre el medio ambiente, o viceversa. El genotipo no cambia si el entorno cambia. Esta suposición general es justificada, ya que normalmente sólo se considera un único tipo de ambiente en la estimación de componentes de varianza. En el capítulo sobre la evaluación del programa de cría veremos que esto no siempre es el caso. Pero por ahora nos limitaremos a seguir la suposición general de que no hay dependencia mutua entre el genotipo y el medio ambiente.

### *Definición*

*La variación de una población se expresa en un componente de variación. El símbolo de un componente de variación es  $\sigma^2$  y el subíndice o superíndice indica qué tipo de componente de variación es: P, G o E.*

Para la estimación de estos componentes de la varianza, hacemos uso del hecho de que si un rasgo es heredable que significaría que los hermanos y hermanas realizan más parecidos que los individuos no relacionados. Así combinamos la información fenotípica de los animales con sus relaciones genéticas (es decir, el pedigrí), y luego el único componente del que no tenemos información real es el medio ambiente. Por supuesto que podemos identificar ciertos componentes del medio ambiente, como la vivienda y la nutrición. Pero debido a que la influencia del medio ambiente ya comienza en la concepción, no podemos identificar todos los componentes del medio ambiente y algunos componentes de los que no somos conscientes de, como la potencia de la influencia del clima en las últimas tres semanas sobre el rendimiento de hoy del animal.

Podemos estimar  $\sigma^2 E$ , restando  $\sigma^2 G$  de  $\sigma^2 P$ .

Así que  $E = P - G$ . Porque esta no es una forma muy precisa de estimar la varianza debido a la influencia, este componente de variación se llama variación del error, en lugar de variación ambiental.

### *Definición*

*El  $\sigma_E$  se llama la variación del error. Esto incluye la variación causada por las influencias ambientales, pero también por algunos otros efectos.*

## **6. Capítulo 5.6 simplificar el modelo genético**

La G en nuestro modelo  $P = G + E$  es bastante compleja ya que tiene un número de componentes subyacentes. Esto puede ser modelado como: Genotipo = efecto aditivo + efecto de dominancia + efecto epistático o

$$G = A + D + I$$

Para empezar por atrás: los efectos epistáticos indican que hay genes que interactúan entre sí. Esto es, por ejemplo, el caso de que un gen necesite el producto de otro gen para expresarse, lo que da lugar a las llamadas vías genéticas.

La expresión de un gen depende, por lo tanto, de la combinación de alelos también de otro gen. Los efectos de dominancia indican que la expresión del propio gen depende de la combinación de alelos en ese gen. Dos genes recesivos resultan en una expresión

diferente a la de un alelo recesivo y uno dominante. Los efectos aditivos indican el efecto del gen sin la dominancia y los efectos epistáticos. Así que independientemente de las combinaciones de alelos del propio gen o de otros genes. Lo que queda son efectos que se pueden sumar.

En términos de componente de varianza, la varianza genética puede por lo tanto escribirse como

$$\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I$$

Para ser precisos, esta ecuación debe ser extendida por "+ 2covA, D + 2covA, I + 2cov D, I", sin embargo, estas co-varianzas son cero por definición y, por lo tanto, se dejan fuera de la ecuación

**Definiciones**

*El componente genético consiste en tres efectos subyacentes:*

1. *El efecto epistático: interacción entre genes*
2. *El efecto de dominancia: la interacción entre los alelos de un mismo gen*
3. *El efecto aditivo: todo lo que queda después de corregir los efectos de la interacción*

**7. Capítulo 5.7 Modelo de transmisión**

El efecto de dominancia y epistático efectos dependen de combinaciones de los alelos. Se rompen en la formación de gametos y establecieron de nuevo en la descendencia, pero es impredecible cómo. Los efectos aditivos, sin embargo, son predecibles, ya que no dependen de la combinación específica de alelos.

Para ser capaz de predecir los efectos genéticos aditivos, tenemos que desarrollar otro modelo que describe la transmisión del potencial genético de ambos padres a su descendencia. Para ilustrar que, en la figura 3 se ve una familia de conejos. Los padres tienen dos copias diferentes de cada gen, pero que pasan sólo un 1 a su descendencia y que no sabe cuál. Así que para cada gen hay dos alelos por los padres, y cuatro combinaciones diferentes de aquellos alelos posibles en la descendencia.

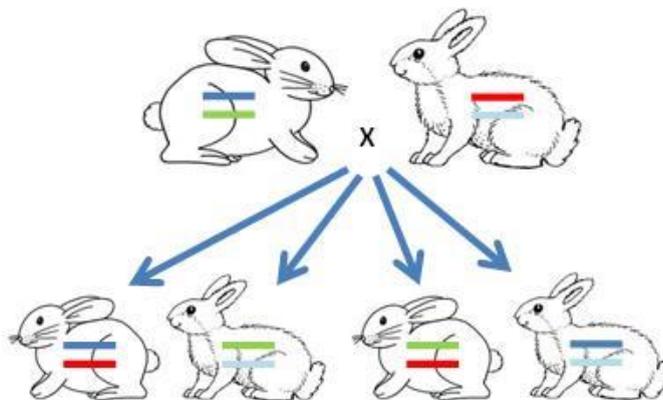


Figura 3. Familia de conejos ilustrando que la descendencia recibe la mitad del material genético de sus padres, aunque QUE mitad, es pura casualidad

El hecho es que cada animal recibe la mitad de sus genes de su padre (padre) y la mitad de su madre. Pero como se puede ver en la figura, con esta fórmula no se puede predecir cuál será el rendimiento descendencia ya que necesitará saber qué mitad de los genes se transmiten a la

descendencia. Y que es un factor de oportunidad, también llamado el término de muestreo mendeliano. Por lo que una parte que se sabe: la mitad del padre y la mitad de la madre, y la otra parte es del del muestreo mendeliano (MS).

#### **Definición**

*El término Muestreo Mendeliano indica el factor de azar que puede darse en la distribución de la mitad del material genético de cada padre a su descendencia*

Recordemos que en la cría sólo estamos interesados en el efecto genético aditivo (A), como medio de que se hereda a la descendencia. Esto también se llama el verdadero valor de cría de un animal.

#### **Definición**

*El verdadero valor de cría (A) de un animal es su componente genético aditivo, la mitad del cual es heredado por la descendencia*

En los términos del modelo se puede escribir el valor de cría de la descendencia como

**“A” descendencia =  $\frac{1}{2}A_{\text{padre}} + \frac{1}{2}A_{\text{madre}} + MS$ ; Muestreo mendeliano.**

Si se estimaría componentes de la varianza de todos los valores que se reproducen en cierta generación, entonces esa es la misma que la varianza genética aditiva. Por lo que la variación de A se puede escribir como

$$A = \text{Var}(A) = \text{var}\left(\frac{1}{2}A_{\text{padre}}\right) + \text{var}\left(\frac{1}{2}A_{\text{madre}}\right) + \text{var}(MS)$$

$$= \frac{1}{2} \text{var}(A_{\text{padre}}) + \frac{1}{2} \text{var}(A_{\text{madre}}) + \text{Var}(MS)$$

$$= \frac{1}{4} \text{var}(A_{\text{padre}}) + \frac{1}{4} \text{var}(A_{\text{madre}}) + \text{Var}(MS)$$

Bajo el modelo infinitesimal suponemos que la selección no tiene ninguna influencia en el tamaño de la variación genética de una generación a la siguiente. Por lo tanto, suponemos que:

$\text{var}(A_{\text{padre}}) = \text{var}(A_{\text{madre}}) = \text{Var}(A)$ . Esto quiere decir que (MS) debe ser igual a  $\frac{1}{2} \text{var}(A)$ . ¡Este es un componente grande! Eso explica por qué dicen que la cría y mejoramiento genético es un juego de azar. Afortunadamente, hay herramientas para disminuir el factor del azar en el mejoramiento. Más sobre esto en el capítulo sobre el ranking de los animales.

## **8. Capítulo 5.8 La heredabilidad**

Debido a que en el mejoramiento genético sólo se hace uso de la predicción de A, y no de G, debemos simplificar el modelo de  $P = G + E$  a  $P = A + E$ .

Tenga en cuenta que este último E es mayor que antes, porque ya que no podemos estimar E también contiene los componentes de la varianza genética por dominancia e interacciones D e I

Ahora se hace más evidente por qué llamamos  $\sigma^2$  la varianza del error: contiene más de sólo el efecto del medio ambiente.

Nota: los mejoradores de animales tienden a ser un poco descuidados en la forma en que utilizan términos. Si hablan de  $P = G + E$ , en verdad están diciendo:  $P = A + E$ , a menos que se especifique lo contrario.

También, si mencionan  $\sigma^2$  en verdad están indicando  $A$ , a menos que se aclaren lo contrario.

El efecto genético aditivo es la parte del componente genético que se transmite de los padres a su descendencia. En otras palabras: el efecto genético aditivo es heredable. Para indicar la forma hereditaria de un cierto rasgo es, un parámetro que indica qué proporción de la variación observada (la variación fenotípica), se determina por las diferencias genéticas entre animales (la varianza genética aditiva). Este parámetro se denomina heredabilidad y se indica con el símbolo  $h^2$ .

### **Definición**

***La heredabilidad ( $h^2$ ) Indica qué proporción de la variación fenotípica total se debe a la variación genética entre los individuos. En la fórmula:  $h^2 = \sigma^2 A / \sigma^2 P$***

### **¡Los límites de la misma son entre 0 y 1!**

Es posible estimar la heredabilidad de un rasgo en una población si fenotipos y relaciones genéticas (pedigrí) está disponible. Una  $h^2$  de 0,3 indica que el 30% de la variación que se observa en sus fenotipos es debido a la suma de diferencias genéticas entre los animales. Si todas las diferencias fenotípicas se deben a diferencias genéticas, entonces la  $h^2$  sería 1. Mayor que 1,0, por definición, no es posible. Del mismo modo, si las diferencias entre los animales no están determinadas por su genética, entonces el  $h^2 = 0.0$ . Menor que 0.0, por definición, no es posible.

### *Restricciones en las estimaciones de la heredabilidad*

La heredabilidad estimada es siempre específica para un rasgo, sino también para una población en particular en un entorno particular. Esto tiene dos razones importantes. En primer lugar, la influencia del medio ambiente será, por supuesto, dependerá del entorno. En segundo lugar, como hemos visto en el ejemplo acerca de la variación genética en el color del pelo, la variación genética de un rasgo puede variar entre poblaciones.

### **Definición**

***Una heredabilidad siempre se calcula para una población específica en un entorno específico, ya que refleja la variación genética de un rasgo en esa población específica en relación con la población fenotípica.***

Si se registran fenotipos en más de un medio ambiente, pero para la misma población, entonces puede haber una tercera razón para diferencias en los valores de la heredabilidad. Bien podría ser que los requisitos para el desempeño en ese carácter bajo consideración, pueden variar entre entornos distintos. Como consecuencia de ello, los diferentes genotipos pueden ser superiores en cada uno de los entornos en consideración. Por ejemplo, si se tiene en cuenta lo global la población bovina Holstein-Friesian (HOLANDO) como una sola población, entonces se puede comparar los niveles de producción de leche desde los Países Bajos a los de Bangladesh. Es fácil darse cuenta de que eso no puede ser correcto. Se requieren diferentes cualidades para ser un productor superior en los Países Bajos que las requeridas en Bangladesh. Por lo que la variación genética será diferente debido en parte hay diferentes genes que son necesarios para ser una muy buena producción animal. La variación ambiental también será diferente porque las circunstancias de cada país son muy diferentes. ***Por lo tanto, siempre se debe estimar la heredabilidad para el rasgo bajo selección en su población específica y en un entorno específico. Sin embargo, si alguien ya estimó una heredabilidad para una población muy similar a la suya que estaba en un ambiente muy similar a la suya, entonces es bastante seguro asumir que las heredabilidades serán similares también.***

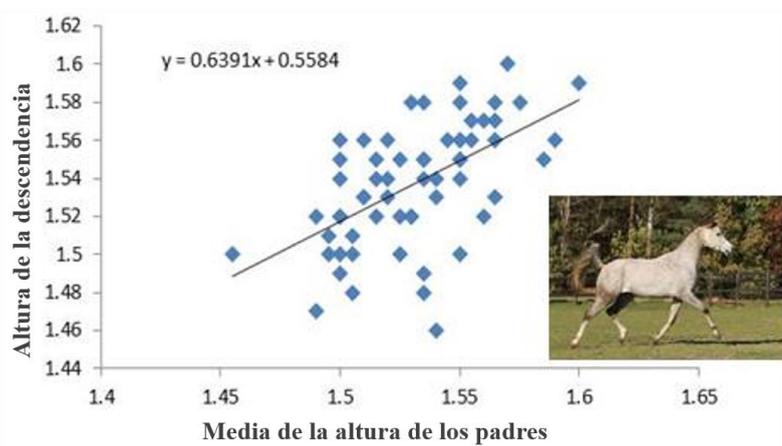
Tabla 1. Ejemplos de heredabilidad para una serie de rasgos en algunas poblaciones y especies

Especie animal y rasgo	$h^2$	Especie animal y rasgo	$h^2$
• Vacas lecheras		• Gallinas ponedoras	
Leche rendimiento (kg)	0.36	Años al primer huevo	0.51
Condición corporal	0.22	Producción de huevos (huevo/d)	0.22
células somáticas	0.15	El peso del huevo	0.60
• Caballos		• Oveja	
Movimiento libre	0.34	peso de vellón limpio	0.47
manejabilidad	0.29	diámetro de la fibra	0.45
Osteocondrosis	0.23	Diario ganar 30 a 90 días	0.52
• Cerdos		• Perros	
Ganancia diaria (g / d)	0.25	Temperamento	0.20
Tamaño de la camada	0.15	Displasia de cadera	0.34
índice de conversión	0.35	Tamaño de la camada	0.30
• Pescado (salmón, trucha)			
Supervivencia	0.05		
Longitud corporal	0.10		
Peso corporal	0.20		

### 9. Capítulo 5.9 Manera simple de estimar la heredabilidad: regresión padres e hijos

Existen métodos para estimar con precisión los componentes de la varianza, corregidos por una serie de efectos sistemáticos. Estos componentes de la varianza se pueden utilizar para calcular la heredabilidad. *Un problema posible es que para las estimaciones precisas de los componentes de la varianza se requiere un número bastante grande de registros (animales con pedigrí y observaciones)*. Si sólo dispone de un número limitado de observaciones, o si no tiene un buen pedigrí de los animales, hay una *manera 'rápida y poco prolija' para hacerse una idea del tamaño de la heredabilidad: la regresión padres e hijos*.

Los padres pasan la mitad de sus genes a la descendencia. Si el rasgo que están considerando está determinado sólo por la varianza genética, se esperaría un coeficiente de regresión de 1. Si se desea trazar gráfico, se puede poner el rendimiento promedio de los dos padres (en el eje de las X)- y el rendimiento de la descendencia en el eje de las Y. Si el rasgo se ve influenciada por el medio ambiente, en cierta medida y también por la genética, se espera un coeficiente de regresión menor que 1, pero más grande que 0. ***Este coeficiente de regresión es un indicador de cuánto se parecen los padres a los hijos.*** Y la suposición es que el único factor que los hace iguales es su fondo genético común. ***En otras palabras: el coeficiente de regresión refleja la heredabilidad.*** En algunas situaciones que no tendrá observaciones de ambos padres, pero sí sólo de uno de los padres. Por ejemplo, en caso de un rasgo que sólo se exprese en machos o hembras (limitados al sexo).



Altura a la cruz de la descendencia, graficada contra la altura promedio a la cruz de ambos padres. La regresión entre ambos indica que tan heredable este rasgo es, es dicha población.

En la Figura 4 se ve un ejemplo de regresión de la altura a la cruz de una serie de caballos árabes en función del promedio de sus padres. Se estima el coeficiente de regresión, por lo que la heredabilidad, es de 0,64. La intersección estimada de 0.56 sugiere que los padres son sistemáticamente más grandes que la descendencia. Eso podría ser una señal de un cambio en el ambiente entre ambas generaciones. Este puede ser el caso que los datos se recogieron en un criadero de caballos. Sin embargo, también podría ser una cuestión de inexactitud de la medición de la altura a la cruz. No tiene ningún valor entrar en la explicación de los resultados.

Es importante tener en cuenta que esto no es una forma precisa de determinar la heredabilidad. Si algunas familias, por ejemplo, se mantuvieron en un ambiente óptimo y otros se mantuvieron en un ambiente pobre, esto va a haber influido en los resultados y tendrá un efecto creciente en el coeficiente de regresión, y por lo tanto la heredabilidad.

Del mismo modo, si los padres se mantienen en ambientes de calidad muy diferente a la de sus descendientes, habrá menos relación entre el rendimiento de los padres e hijos y la regresión será baja. Afortunadamente, hay técnicas estadísticas para tomar estas influencias ambientales sistemáticas en cuenta.

## 10. Capítulo 5.10 Los conceptos erróneos sobre la heredabilidad

Hay una serie de ideas falsas sobre la heredabilidad. Vamos a discutir alguna de ellas abajo.

- *Error de concepto 1:* “Una heredabilidad de 0.40 indica que 40% de la característica está determinada por la genética”

Este es un error muy común y sobre todo se origina de una mala interpretación de la definición. A heredabilidad de 0,40 indica que el 40% de toda la variación fenotípica para ese rasgo es debido a la variación en los genotipos para ese rasgo. Esto tiene un significado muy diferente de la definición que en cada animal 40% de la expresión del rasgo se debe a los genes y el resto debido a otras influencias.

- *Error de concepto 2:* “Una baja heredabilidad significa que las características no están determinadas por genes”

Si la heredabilidad que es mayor que 0, esto indica que los genes siempre tienen un efecto sobre la expresión del fenotipo. La heredabilidad se determina por la proporción de la varianza genética con respecto a la variación fenotípica. Una baja heredabilidad de este modo puede indicar que la variación genética es baja. Por ejemplo, el número de dedos en una mano es en gran medida determinada genéticamente, pero como la mayoría de la gente tiene cinco dedos en cada mano, la varianza genética es muy baja. Muy pocos tendrán más o menos dedos

- *Error de concepto 3:* “Una baja heredabilidad significa que las diferencias genéticas son muy pocas.”

Una baja heredabilidad no indica automáticamente que la variación genética es pequeña. También puede significar que la varianza del error es grande. Y esto puede ser causado por una gran influencia del medio ambiente, sino por las mediciones del fenotipo inexactas. Por ejemplo: la resistencia a las infecciones está determinada o dependerá del potencial genético para soportar esa infección. El problema es cómo medir ese potencial.

Si uno entra en el campo y evalúa o determina si hay ovejas está infectadas con nemátodos, por ejemplo, entonces uno contará la cantidad de infectadas en ese momento.

Pero en las otras ovejas (aparentemente sanas) no es posible distinguir entre las que no han sido todavía infectadas, ya recuperadas, o son resistentes a infecciones por nematodos. En otras palabras: existe una gran cantidad de inexactitud en sus observaciones. No se puede asignar el fenotipo correcto a cada animal, esto dará lugar a una varianza del error relativamente grande, y por lo tanto una heredabilidad baja. Si desea mejorar el registro de la infección por nematodos, por ejemplo, entrando en el campo con más frecuencia y / o mejorar la metodología de medición, entonces se obtiene un registro más preciso del potencial de las ovejas para resistir la infección por nematodos, y por lo tanto una estimación más precisa de la varianza genética y ambiental para este rasgo. La heredabilidad todavía puede permanecer bajo si no hay mucha variación genética presente, pero al menos ya no se debe a fenotipos inexactas. a continuación, se obtiene un registro más preciso del potencial de las ovejas para resistir la infección por nematodos, y por lo tanto una estimación más precisa de la variación genética y ambiental para este rasgo. La heredabilidad todavía puede permanecer bajo si no hay mucha variación genética presente, pero al menos ya no se debe a mediciones fenotípicas inexactas

- *Error de concepto 4:* “La heredabilidad es un valor fijo”

La heredabilidad refleja el peso relativo del componente de variación genética en la variación fenotípica en una población específica y en base a las observaciones que fueron tomadas en un momento específico en el tiempo. El tamaño de la heredabilidad no sólo depende de la variación genética en una población, sino también de la influencia del medio ambiente y de la precisión de las observaciones (ver concepto erróneo 3). La variación genética en una población puede ser diferente (algo) de la de otra población. Sobre todo, si esa otra población es de una raza diferente. Pero también dentro de una población de la heredabilidad puede cambiar en el tiempo. Por ejemplo, si se recogieron nuevas observaciones fenotípicas usando un método de registro más

precisa. O si el sistema de vivienda ha cambiado desde el último registro o medición, por lo que la influencia del entorno ha cambiado. En ese caso deberá medirse la heredabilidad nuevamente.

Para resumir: La heredabilidad indica qué proporción de la variación fenotípica se determina por la varianza genética aditiva, para una población específica en un entorno específico. Los dictados específicos de la población de la varianza genética aditiva, las influencias específicas del entorno del tamaño de la varianza del medio ambiente, como es la precisión de los registros del fenotipo de modo que revele las diferencias entre los animales.

## **11. Capítulo 5.11 Influencias no genéticas: la varianza debida a un Medio Ambiente común**

El ambiente que un animal ha experimentado en su vida en general es muy difícil de controlar en detalle. Sin embargo, hay componentes que el animal ha compartido con otros durante su desarrollo que pueden todos ellos han influido de una manera similar. El tamaño de esa influencia puede ser estimado porque podemos comparar los individuos que comparten el mismo entorno común a otros que tenían otro entorno en común. Un ejemplo de un entorno común es la madre, compartido por los animales de la misma camada (por ejemplo, en cerdos, perros, ovejas, conejos, ratones, etc.). Esos animales comparten el mismo ambiente intrauterino, la misma composición de la leche, aproximadamente los mismos niveles de producción de leche y la atención materna. Este ambiente temprano compartido influirá a estos animales de una manera similar. Pero también los animales que no nacieron en una camada pueden tener un entorno común. Por ejemplo, los pollos que nacieron al mismo tiempo en la misma incubadora (o debajo de la misma gallina), los animales jóvenes en general que comparten su primer alojamiento interior (jaula o corral). la vivienda al aire libre es mucho más variable y por lo tanto una influencia mucho menos similar el medio ambiente.



Por supuesto, puede existir un entorno común en la vida adulta de los animales. Sin embargo, en el mejoramiento genético ya no llamamos un 'entorno común'. Un entorno común se refiere al medio ambiente durante el desarrollo de un animal y tiene consecuencias irreversibles. Si el entorno común era abundante, el desarrollo de los animales que comparten ese ambiente estará de acuerdo con su potencial. Sin embargo, si los animales se desarrollan en un entorno restringido, a continuación, su desarrollo no estará de acuerdo con su potencial y las consecuencias de este desarrollo subóptima son irreversibles. Un entorno restringido durante la vida adulta, sin embargo, la mayoría tiene consecuencias reversibles.

### ***Definición***

*Un ambiente común es un ambiente que se comparte con otros durante el desarrollo de un animal y que, por lo tanto, se espera que tenga la misma influencia en el desarrollo de todos los animales que comparten un ambiente desde el principio. La calidad de un ambiente puede tener consecuencias irreversibles si se experimenta durante el desarrollo.*

## 11.1 Capítulo 5.11.1 Importancia del entorno común

¿Por es importante tener en cuenta en la varianza común ambiental? La razón más importante es que su medida da una idea de la influencia del entorno común de la variación de fenotipos observados. Este entorno común no tiene que ser compartido en el momento del registro del fenotipo. Por ejemplo, la edad de maduración (primer ciclo estral) en las hembras puede estar influenciado por el entorno común (por ejemplo, compañeras de camada) meses o incluso años antes. Si el entorno común era de buena calidad esto puede dar lugar a maduración a una edad más temprana.

La ventaja de saber que existen las mismas experiencias ambientales es que se podrá cuantificar la variación en los efectos de estas experiencias y permite estimar la heredabilidad con mayor precisión. Esto se debe a que es difícil separar el efecto del entorno común del componente genético en animales estrechamente relacionados que experimentan el mismo entorno. Tomando el entorno común en cuenta, al estimar los componentes de varianza ayuda a “limpiar” la varianza genética de las influencias ambientales por un ambiente en común. Y también da una idea del tamaño de la influencia del medio ambiente sobre el fenotipo.

La variación fenotípica, teniendo en cuenta el efecto ambiental común, se puede escribir como:

$$\sigma^2_p = \sigma^2_G + \sigma^2_c + \sigma^2_E$$

Se puede definir un factor ambiental común, representando la proporción de varianza común relativa ambiental a la varianza fenotípica total. Esto se indica con  $c^2$ , Análogo a la  $h^2$  para la estimación de heredabilidad.

## 11.2 Capítulo 5.11.2 Ejemplos de efectos ambientales comunes

En la Tabla 2 se ve un ejemplo de los efectos ambientales comunes en una serie de rasgos en las cerdas de dos razas diferentes. Este efecto ambiental común representa el efecto de ser criado en la misma camada hasta el destete. Se ve que el efecto es mayor en la puntuación de la pierna (score) de los animales. Posiblemente esto puede tener algo que ver con la composición de la leche de la cerda que pueden haber afectado el crecimiento y desarrollo de los huesos. Pero esto sería especulación. Lo que el cuadro también muestra es el tamaño del efecto de tomar este entorno común en cuenta o no cuando se hace la estimación de la heredabilidad de los rasgos. Como se explicó anteriormente, esto es debido al efecto del medio ambiente al compartir la misma camada. Pero también se debe a que es difícil separar el efecto ambiental de compartir esa camada del hecho de que los animales de la camada estaban relacionados. Esto hace que sea difícil tener estimaciones precisas de las varianzas debido a los efectos ambientales y genéticos comunes aditivos.

Tabla 2. Ejemplos de heredabilidades ( $h^2$ ) y  $h^{2*}$  (heredabilidad que tiene en cuenta el efecto ambiental común), y el  $c^2$ , para dos razas diferentes de los cerdos.

	$h^2$	$h^{2*}$	$c^2$	
Puntuación de la pata	0.06	<b>0.04</b>	0.10	<i>Raza Landrace</i>
Supervivencia 3° parto				
	0.07	<b>0.05</b>	0.05	
Supervivencia 5° parto	0.07	<b>0.05</b>	0.05	
Duración de vida productiva	0.09	0.07	0.05	<i>Raza Large</i>
Ganancia diaria (g/d)	0.09	0.06	0.11	
Tamaño de camada				

	0.06	0.05	0.05	White (blanca grande)
Radio de conversión alimenticia	0.07	0.05	0.05	
Peso corporal	0.08	0.06	0.06	

### 11.3 Capítulo 5.11.3 Caso particular de un efecto ambiental común: el efecto materno

El efecto materno puede ser un caso especial del medio ambiente común. Es el efecto del medio ambiente que se define por la madre. Se inicia ya antes del nacimiento y continúa durante el tiempo en que la madre tiene influencia en el desarrollo de sus hijos. En caso de crías múltiples simultáneamente, como en una camada, el efecto materno puede ser una parte importante del efecto ambiental común. Pero el desarrollo de los animales que nacen solos o crías únicas también están influenciadas por su madre. Si la madre tiene múltiples crías, pero no al mismo tiempo, también es posible estimar el efecto del ambiente materno específico que es compartida por todos los descendientes. Por ejemplo, el tamaño del útero, o el temperamento de la madre, lo que resulta en un tipo específico de atención materna.



Un factor que complejiza la situación es que el efecto materno no sólo tiene un componente ambiental, sino también uno genético. Esto dependerá de la genética de la madre, el ambiente uterino que se puede crear para las crías en desarrollo. También el ancho del canal del parto, o la cantidad de leche que puede producir y de qué calidad. Por lo que el efecto materno, de hecho, es **un efecto ambiental de la descendencia, pero dependiente de la genética de la madre.**

***Definición: El efecto materno se define como el efecto del entorno creado por la madre en el desarrollo de su descendencia. El efecto de la madre está en parte determinado por la genética de la madre.***

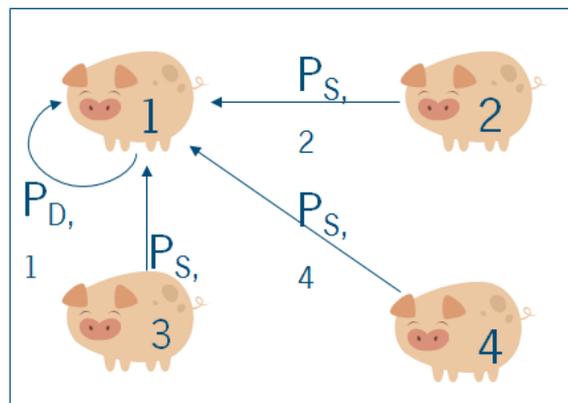
Tenga en cuenta que este efecto materno es parte de la meta de mejoramiento de varias especies animales. Después de todo, tener buenas habilidades maternas puede ser un componente importante en el programa de cría y mejoramiento genético. Los efectos maternos están incluidos en los objetivos de mejoramiento de, por ejemplo, el ganado lechero (facilidad de nacimiento), ganado vacuno y ovino (facilidad de parto, habilidad materna), cerdos y conejos (las madres son un componente muy importante en número y calidad de descendencia).

### 11.4 Capítulo 5.11.4 Un especial el efecto ambiental común: (indirecto) Efecto social genético

La influencia de la genética sobre el fenotipo es aún más complicada de lo que se cree. Hasta ahora sólo hablamos sobre el potencial genético de un individuo en sí. Con el efecto materno se hizo evidente que no sólo es el potencial genético de un animal mismo el que determina el

desarrollo, el componente genético materno también juega un papel importante. Sin embargo, si se piensa en ello, no sólo es su madre que ha influido en su desarrollo. También eran, por ejemplo, sus hermanos y hermanas, y los niños en su escuela, algunos de los cuales eran sus amigos y algunos le puede haber acosado. En otras palabras: muchas personas en su entorno han tenido una influencia en lo que eres hoy. Parte de esta influencia se debió a la influencia de otras personas sobre ellos mismos. Pero parte de esta influencia también fue debida a la genética de esas personas.

El fenotipo de un animal está influenciado por otros. Los otros son parte del entorno del animal, en donde, al igual que con el efecto materno, el 'medio ambiente' tiene un componente genético: que es la genética de los otros animales. En otras palabras: el fenotipo de cada animal se ve influenciado por un efecto directo de la genética (sus propios genes) y de su propio medio ambiente, también indirectamente por efectos fenotípicos de animales en los alrededores del animal. Al igual que el efecto materno, el fenotipo social tiene una genética y un componente ambiental. Esto se ilustra en la figura.



Representa un ejemplo con 4 cerdos, con el entorno de los efectos directos y sociales de cerdo 1.

Cerdo No 1: no sólo tiene un fenotipo debido a sus propios genes y propio entorno (PD de "direct phenotype"), sino que también se ve influida por los fenotipos sociales (PS social phenotype) de sus compañeros de corral de cerdos

Cerdos 2, 3 y 4. Es posible imaginar que si estos compañeros de corral del cerdo 1, son tranquilos y agradables, se llevará a cabo mucho mejor el desarrollo que cuando los compañeros de corral lo intimidan o agreden, por ejemplo: evitando que alcance sus alimentos. Los efectos sociales pueden desempeñar un papel en cualquier momento, los animales se mantienen en las estructuras sociales tales como cerdos en un corral, también los pollos en una jaula, caballos o vacas en un rebaño, las ovejas en un rebaño, etc.

**Definición:** *El efecto indirecto o social describe el efecto que los fenotipos de otros tienen en el desempeño de un animal. Al igual que con el efecto materno, los efectos sociales son fenotipos que consisten en combinaciones de la genética y los entornos de los otros animales.*

## 12. Capítulo 5.12 Cuestiones claves de los modelos genéticos

1. El fenotipo está determinado por el genotipo y el medio ambiente.
2. El entorno se compone de cualquier influencia que tuvo lugar entre la concepción y el momento del registro o medición del fenotipo.
3. En el mejoramiento genético estamos interesados sólo en el efecto genético aditivo, ya que se transmiten a la descendencia.

4. La variación en el fenotipo puede ser expresado como variación fenotípica.
5. La variación fenotípica se compone de varianza genética aditiva y la varianza de error.
6. La varianza de error consiste en varianza debida a efectos ambientales, pero también es un contiene el efecto de dominancia y epistático, errores en las mediciones fenotípicas, etc.
7. El valor genético de la descendencia se compone de la mitad del valor genético del padre y la mitad de la madre.
8. El término muestreo mendeliano, indica la parte del componente genético aditivo en la descendencia que no se puede predecir: la mitad de los cuales fue transmitida a la descendencia por el padre, la mitad por la madre
9. La heredabilidad indica qué proporción de la variación fenotípica se debe a la variación genética aditiva en la población. Se indica con  $h^2$ .
10. La varianza ambiental común es la varianza debido al hecho de que los animales comparten un común durante parte de su desarrollo. Por ejemplo, que se suscitaron en la misma camada o un lugar común. La proporción de la varianza fenotípica que es debido al entorno común se indica con  $c^2$ .
11. El efecto materno es el efecto del ambiente creado por la madre en el desarrollo de la descendencia. Parte de este efecto materno puede ser debido a la genética de la madre.
12. Un efecto genético o social indirecto es el efecto que los demás tienen sobre el comportamiento de un individuo.

## **Capítulo 6:** La diversidad genética y la endogamia

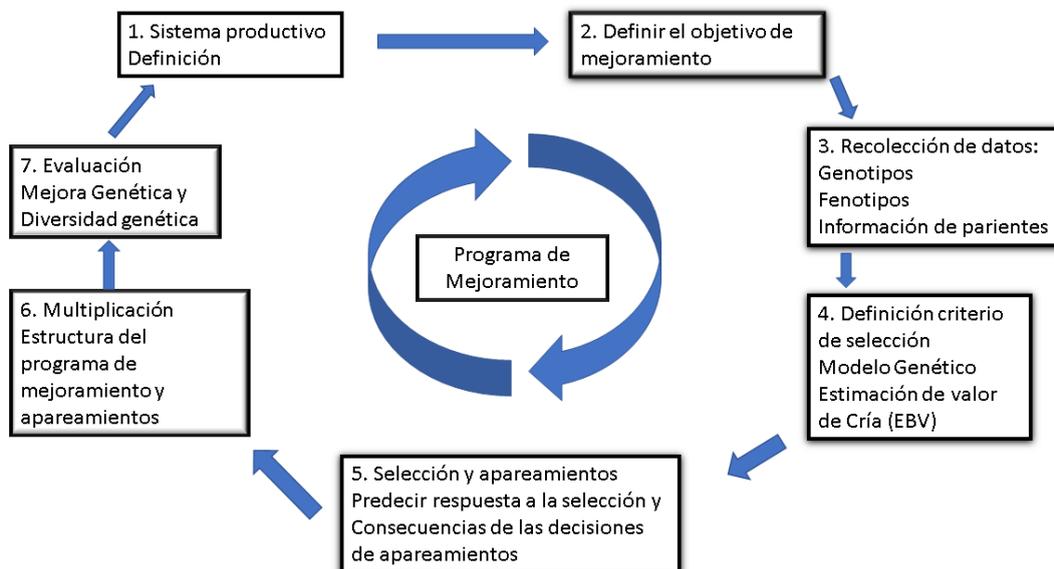
## Tabla de contenidos

- 1 Capítulo 6.1: ¿Cuál es la diversidad genética?
- 2 Capítulo 6.2: Las fuerzas que influyen en la diversidad genética
  - 2.1 Capítulo 6.2.1: La pérdida de diversidad genética: la deriva genética
  - 2.2 Capítulo 6.2.2: La pérdida de diversidad genética: la selección
  - 2.3 Capítulo 6.2.3: Diversidad y la migración
  - 2.4 Capítulo 6.2.4: Aumento de la diversidad genética: la mutación
- 3 Capítulo 6.3: Cambio en la diversidad: la endogamia
- 4 Capítulo 6.4: Las causas de la endogamia
- 5 Capítulo 6.5: la endogamia inevitable
- 6 Capítulo 6.6: ¿Por qué es importante la diversidad genética
- 7 Capítulo 6.7: Caja de herramientas: relaciones
  - 7.1 Capítulo 6.7.1: relación genética aditiva
  - 7.2 Capítulo 6.7.2: Cálculo de las relaciones aditivas
- 8 Capítulo 6.8: Aditivo relación genética utilizando la información genómica
- 8.1 Capítulo 6.9: Relación aditiva realizada
- 9 Capítulo 6.10: Coeficiente de consanguinidad y la relación
- 10 Capítulo 6.11: relación genética aditiva cuando se innato el ancestro común
- 11 Capítulo 6.12: La endogamia a nivel de la población: la tasa de endogamia
- 12 Capítulo 6.13: Tasa de endogamia y la población activa tamaño
- 13 Capítulo 6.14: predecir la tasa de endogamia
- 14 Capítulo 6.15: ¿Qué tasa de endogamia es aceptable?
- 15 Capítulo 6.16: cuestiones clave sobre la diversidad genética y la endogamia

La definición del objetivo de mejoramiento y el registro de los fenotipos y del pedigrí son aspectos claves al momento de diseñar un programa de mejoramiento. El registro exacto del pedigrí es esencial para estimar los valores de cría, tal como se indicó en el capítulo de registro de información. Además, también se puede utilizar para monitorear la relación genética entre los animales, ya que es de utilidad para manejar la diversidad genética en una población.

La diversidad genética es una medida de las diferencias genéticas entre los animales de una población (es decir, de variación genética). Para asegurarse que el programa de cría y mejoramiento genético es viable en el futuro, es esencial vigilar y mantener la diversidad genética, ya que permite la selección de animales superiores para el programa de mejoramiento. Si no existiese diversidad en una población, es decir, si todos los animales fuesen genéticamente idénticos, la selección no tendría razón de ser y no se obtendrían mejoras en las próximas generaciones. En ese caso es inútil establecer un programa de cría y mejoramiento genético.

La diversidad genética también está estrechamente relacionada con la endogamia, que es el resultado del apareamiento de individuos emparentados y tiene un efecto negativo en la salud y reproducción de los animales.



En este capítulo todavía estamos recolectando información (paso 3), y vamos a profundizar en el rol que tienen las relaciones familiares en la diversidad genética. El capítulo se divide en dos partes: en primer lugar, una introducción de la teoría, y, en segundo lugar, una metodología que se puede utilizar para la evaluación de la diversidad genética y para la toma de decisiones relacionadas con la selección y el apareamiento.

Algunas de las aplicaciones de estas herramientas serán tema de análisis en los siguientes capítulos. Para introducir la teoría de la diversidad genética tomaremos una aproximación de mayor a menor nivel: es decir, en primer lugar, tenemos en cuenta la diversidad genética entre las poblaciones, a continuación, la diversidad genética dentro de una población determinada, y, por último, se examina la diversidad genética dentro de un individuo.

A continuación, vamos a ver los diferentes mecanismos que influyen en la diversidad genética, y discutir su rol en la cría y mejoramiento genético de animales. Vamos a ver la endogamia y sus consecuencias. La metodología descrita en la segunda parte en la segunda parte del capítulo incluirá herramientas para determinar la relación genética entre los animales basándose en su pedigrí, para determinar el coeficiente de consanguinidad de un individuo, y considerar (influencias sobre) el nivel y la tasa de endogamia a nivel de población. En los siguientes capítulos

se verá que estas herramientas son relevantes en muchos de los pasos del programa de cría y mejoramiento.

## 1. Capítulo 6.1: ¿Cuál es la diversidad genética?

Diversidades otra palabra para la variación: la presencia de diferencias en lo que sea que se esté analizando. Relacionada con la genética, la más obvia es la diversidad genética entre poblaciones. Las diferentes razas, por ejemplo, tienen características específicas determinadas genéticamente. Piense en las diferencias en tamaño, color, pero también en diferentes propósitos productivos, como ganado lechero o ganado para carne, o en perros de caza Vs perros guardianes. La diversidad genética también existe dentro de una población, y se relaciona con las diferencias genéticas entre los animales de dicha población. Es posible, aunque muy raro, que no exista variación genética en una población. Esto ocurre en poblaciones altamente consanguíneas: animales son genéticamente idénticos unos con otros. Pero como se dijo, esta es una situación muy poco frecuente que puede ocurrir en las líneas genéticas de los animales de laboratorio que están especialmente creados para tal fin. El propósito de estas poblaciones es proporcionar animales que sean tan parecidos genéticamente como sea posible para que las diferencias genéticas no sean una causa de variación, por ejemplo, en pruebas de nuevos medicamentos. Una población conformada por clones sería aún mejor desde el punto de vista de tener animales genéticamente iguales. Dicha población (de clones) no presenta ningún tipo de variación. Sin embargo, en los Países bajos su uso está prohibido.

### Definiciones

**Clon** (animal) es un individuo genéticamente idéntico a otro o grupo de individuos genéticamente idénticos unos con otros.

El número de alelos que están presentes en una población es una medida de la diversidad genética. A mayor cantidad de alelos presentes, mayor es la diversidad genética. La frecuencia con la que ocurren estos alelos en la población también tiene una influencia sobre el tamaño de la diversidad genética. Cuanto más parecidas sean las frecuencias de los alelos, mayor será la diversidad genética. Este principio se ilustra en la Figura 1 para un gen con dos alelos.

### Definiciones

**La diversidad genética** representa la presencia de diferencias genéticas entre los animales dentro de las especies, tanto entre poblaciones como dentro de una población.

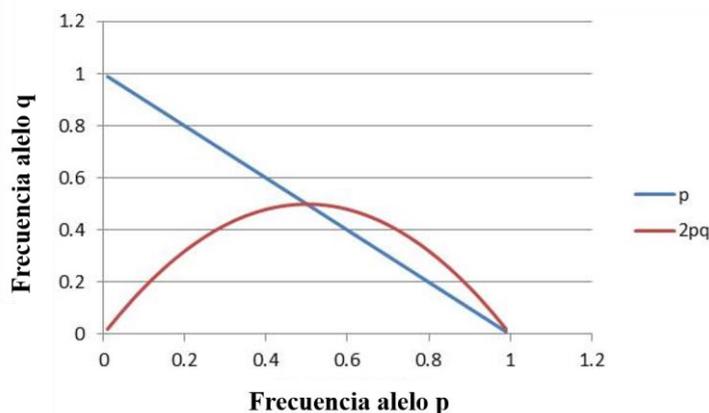


Figura 1. La relación entre la frecuencia de dos alelos (línea azul recta), y la consecuencia de la heterocigosidad en la población (línea curva). Heterocigosidad máxima cuando  $p = q = 0,5$ .

Si la frecuencia del alelo  $q$  es igual a 1, entonces la frecuencia del alelo  $p$  es igual a 0, y viceversa. Una alta frecuencia de un alelo siempre coincide con una baja frecuencia del otro alelo. La frecuencia de heterocigotos, calculado como  $2pq$ , depende de ambas frecuencias. La frecuencia de los alelos máxima se alcanza cuando los dos alelos tienen una frecuencia que es tan alta como sea posible, dada la otra frecuencia. Y esto ocurre cuando ambos alelos se presentan con la misma frecuencia. Para los genes con más alelos el principio es el mismo: la heterocigosidad es máxima cuando la frecuencia de todos los alelos es la misma. La diversidad genética depende de la presencia de varios alelos, y también de la frecuencia de los mismos en la población. Si se analiza un animal, puede definirse la diversidad genética como si un animal es homocigoto o heterocigoto para un determinado gen o partes del genoma.

## 2. Capítulo 6.2: Las fuerzas que influyen en la diversidad genética

Hay una serie de fuerzas que influyen en la diversidad genética. Algunos pueden ser influenciados por nosotros, otros se producen por casualidad. En una población hay fuerzas que aumentan la diversidad genética, y otras que la disminuyen. Las mutaciones son eventos que crean nuevos alelos. Cuando ocurre en las células germinales que tiene positivo sobre la diversidad genética, es decir, la aumenta. La migración también puede incrementar la diversidad genética, pero sólo la inmigración (incorporación de nuevos animales a una población). La emigración (animales que abandonan una población), por lo general, tiene un efecto de disminución en la diversidad genética, especialmente cuando el tamaño de la población es pequeño. También la selección tiene un efecto decreciente: sólo a ciertos los animales con una genética específica se les permite reproducirse, a expensas de los demás. Esto tendrá un efecto sobre frecuencias de los alelos, alejado del concepto de igualdad de frecuencias alélicas ( $p=q$ ). Finalmente, una fuerza que tiene un efecto decreciente de la diversidad genética es la deriva genética, y relacionado a esto, la endogamia. No podemos influenciar directamente la deriva genética con nuestras decisiones de selección. Se ampliará sobre deriva genética en el próximo párrafo.

Las fuerzas que influyen en la diversidad	Dirección del cambio en la diversidad genética
La deriva genética y la consanguinidad	-
Selección	-
Migración	- 0 +
Mutación	+

### 2.1. Capítulo 6.2.1. La pérdida de diversidad genética: la deriva génica

Los alelos pueden perderse de la población por casualidad. Una de las razones que puede provocar la pérdida de un alelo es que no todos los animales se aparean y producen descendencia, independientemente de las decisiones de selección. Esto porque no todos los animales que seleccionamos para reproducirse llegan a producir descendencia. Unos porque mueren inesperadamente, otros porque simplemente nunca se aparearon (por ejemplo, en perros y caballos, donde sus propietarios no siempre están interesados en sacarles crías). Como consecuencia de no producir descendencia, estos candidatos a selección influyen en la frecuencia alélica de la siguiente generación, ya que los alelos que estaban presentes en baja proporción podrían perderse.

#### *Muestreo mendeliano y deriva génica*

Otra razón de pérdida de alelos al azar está relacionada con el muestreo mendeliano. A pesar de

que los animales seleccionados para la cría y mejoramiento, se aparean y producen descendencia, se desconoce qué alelos les transmiten. En el caso de las crías múltiples: tampoco se sabe en qué proporción transmiten los alelos. Las poblaciones pequeñas son particularmente más sensibles a cambios en las frecuencias alélicas debido al proceso de deriva génica. Las frecuencias alélicas cambian aleatoriamente generación en generación. Cuanto más reducida una población, mayor es la fluctuación en las frecuencias de alelos debido a la deriva génica.

Incluso si todos los animales participan de los apareamientos, los alelos de mejor frecuencia corren el riesgo de desaparecer dado que por efectos al azar no son transmitidos a la descendencia. ¡Curiosamente, también puede involucrar a alelos que tienen efectos positivos que están bajo selección! Específicamente, si estos alelos son dominantes, y los heterocigotas expresan el fenotipo buscado. A bajas frecuencias, la mayoría de los animales que portan el alelo preferido serán heterocigotas. Sólo por cuestiones de azar, estos animales heterocigotas, portadores del alelo que se quiere seleccionar, pasan a la descendencia el alelo para el cual se está seleccionando en contra. Suena raro, pero realmente así sucede.

La deriva génica puede tener mayores efectos en las frecuencias alélicas que el que tiene la selección. Los efectos de la deriva génica son especialmente importantes en poblaciones reducidas, en las que el genotipo de un individuo tiene influencia en las frecuencias alélicas, pero influye además en poblaciones de todos los tamaños.

### *Ejemplo de la deriva génica*

En la **figura 2** se puede ver un ejemplo de cómo opera la deriva génica. Muestra como en una pequeña población de patos, puede perderse un alelo, sin ningún tipo de selección direccionada. Por casualidad, no todos los animales tienen la oportunidad de aparearse y reproducirse, y también, por casualidad, los patos portadores del alelo rojo no lo transmiten a su descendencia. Por supuesto, esto es un ejemplo. El alelo azul también podría haberse perdido, o las frecuencias alélicas haber fluctuado mínimamente. El principio por el cual las frecuencias cambian y la homocigosis se incrementa por procesos al azar se denomina deriva génica.

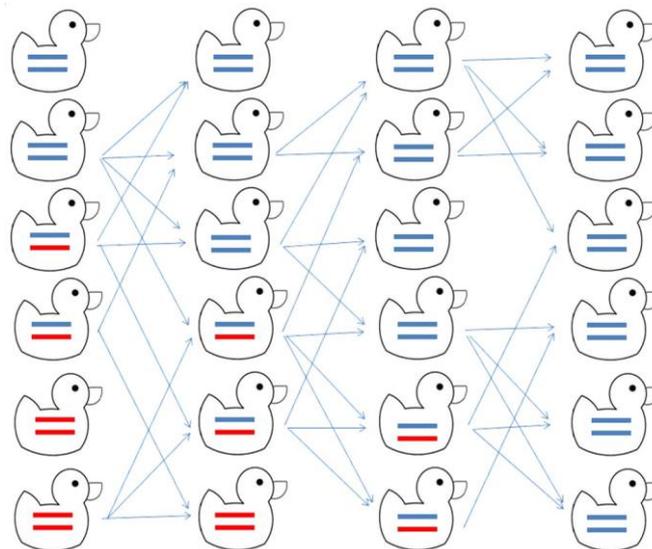


Figura 2. Un ejemplo de la deriva génica en cuatro generaciones (columnas) de una población de patos. En la generación 1, la frecuencia del alelo azul es idéntica a la del alelo rojo. Los patos 1 y 5 no se reproducen (por ejemplo, porque pueden haber muerto antes o no haber encontrado pareja). El pato 2 es el que mayor descendencia ha tenido, y solo ha podido transmitirles el alelo azul. Los patos 3 y 4 podrían pasar ambos alelos y el pato 6 sólo podía pasar el alelo rojo. Sin embargo, de los dos patos heterocigotas (3 y 4), sólo el pato 4 transmitió el alelo rojo, por única vez. En la generación 2, la frecuencia del alelo azul ha aumentado a  $8/12$ , es decir  $2/3$ . Una vez más, no todos los patos han logrado reproducirse, y en la generación 3, la frecuencia del alelo rojo disminuyó a  $2/12$ , lo que es igual a  $1/6$ . El

alelo rojo, por azar, no se transmitió a la generación 4. La población se convirtió en homocigota para el alelo azul.

### ***Consecuencias de la deriva genética***

La deriva genética causa cambios en las frecuencias de alelos, lo que resulta en aumento de la frecuencia de uno de ellos a expensas de otro. Debido a esto, es más probable que los animales se convierten en homocigotos, especialmente para el alelo más frecuente. Por lo tanto, una pérdida de diversidad genética a nivel de la población tiene consecuencias para la diversidad genética a nivel de individuo. Los animales se vuelven más parecidos. A pesar de que no están estrechamente emparentados a través de su pedigrí, se vuelven más estrechamente relacionados genéticamente. Por lo tanto, la deriva genética aumenta el parentesco entre los animales y conduce a la fijación de alelos en una población.

Así:

- ✓ Los cambios al azar de las frecuencias alélicas se denominan deriva génica.
- ✓ El azar se refiere a la herencia Mendeliana, es decir, cuál de los alelos pasa a la descendencia, y en la supervivencia y éxito reproductivo del individuo.
- ✓ Las consecuencias de la deriva génica en las frecuencias alélicas pueden ser sustancial, especialmente, en poblaciones pequeñas.
- ✓ La deriva génica aumenta el grado de parentesco entre individuos.

## **2.2. Capítulo 6.2.2: La pérdida de diversidad genética: la selección**

La selección favorece algunos alelos en detrimento de otros. ¡Este es el objetivo de la cría y mejoramiento genético animal! Obviamente, esto tiene consecuencias para las frecuencias de alelos en la próxima generación. A diferencia de la deriva génica, la selección tiene una fuerza direccional y sistemática en el cambio de frecuencias alélicas. La frecuencia de los alelos favorables aumenta a expensas del alelo menos favorable. En consecuencia, se incrementa el número de animales homocigotos para el alelo favorable y la diversidad genética disminuye.

La excepción a esta regla incluye a aquellos caracteres que se ven favorecidos en individuos heterocigotas. La selección, en ese caso, tiene un efecto creciente sobre la diversidad genética. Este es, por ejemplo, el caso de la anemia de células falciformes en los seres humanos. La anemia falciforme es una enfermedad hereditaria en la cual las células rojas de la sangre (eritrocitos) adquieren una morfología del tipo falciforme o media luna, perdiendo su flexibilidad, lo que resulta en diversas complicaciones que amenazan la vida. La enfermedad es causada por una mutación en el gen de la hemoglobina. Las personas que son homocigotas generalmente mueren de las complicaciones a edades tempranas. En la región subsahariana, la frecuencia del alelo que causa anemia falciforme es más alta que en otros lugares del mundo. La razón a esto, es que, las personas que son heterocigotas son menos afectados por infecciones de malaria. La malaria es una causa importante de muerte en esa parte del mundo, y, el portar un solo alelo tiene una clara ventaja selectiva. Otro ejemplo en el que se favorece al heterocigoto ocurre en el ganado holandés de la raza Witrik. El tipo de coloración del pelaje que adquieren sólo se manifiesta en los heterocigotas para el gen implicado (ver la figura 3).



Figura 3: Una vaca Witrik heterocigota con su ternero Witrik, homocigota

### ***Selección natural***

La selección natural no sólo se produce en las poblaciones naturales. Representa fuerzas de selección que no son determinadas por nosotros. La selección natural actúa sobre los alelos que contribuyen a la supervivencia y el éxito reproductivo, también llamado de *fitness* (aptitud). Por ejemplo, los animales que tienen un potencial reducido de sobrevivir hasta la edad adulta tienen un *fitness* inferior (ventaja selectiva natural) que los animales con condición física superior y salud, y sobrevivirán hasta edad más avanzada. Además, los animales con una reducida capacidad reproductiva tendrán menor *fitness* comparado con animales muy fértiles. En especies de animales domésticos, las circunstancias en las que viven, en general, son muy controladas. La resistencia a, por ejemplo, la escasez de alimentos, no es tan esencial como sí lo es en poblaciones naturales. Aun así, la selección natural también opera sobre especies de animales domésticos. El entorno en el que se mantienen los animales requerirá un cierto grado de adaptación. Por ejemplo, los animales que permanecen en interiores, deben ser capaces de soportar la falta de luz solar, mientras que los animales que se mantienen al aire libre, tendrán que ser capaces de soportar las variaciones climáticas y además estar sujetos a una presión de contraer infecciones potencialmente mayores. En caso de no poder hacer frente a estas condiciones, resultará en una menor aptitud. Si los animales seleccionados requieren y reciben ayuda para preñarse, por ejemplo, se estaría operando en contra de los mecanismos de la selección natural.

*Entonces:*

Tanto la selección natural como la artificial favorecen algunos alelos por sobre otros, y como resultado, aumenta la homocigosis y disminuye la diversidad genética.

La excepción a esto ocurre cuando la selección favorece a los animales heterocigotas, manteniendo o incrementando la diversidad genética.

### **La Selección puede dar lugar a cuellos de botella**

Un proceso de selección natural muy fuerte, por ejemplo, como consecuencia de un brote de una enfermedad muy contagiosa y letal, dará lugar a una severa disminución del tamaño de la población, combinado con cambios en las frecuencias alélicas. Solo los animales con algún grado de resistencia habrán sobrevivido a la infección, junto con los pocos afortunados que no fueron infectados. Esos son los animales que se necesitan para construir nuevamente la población. En consecuencia, la frecuencia del alelo en las generaciones futuras dependerá de la frecuencia de los alelos en esa generación justo después del cuello de botella: la gran disminución del tamaño poblacional. Algunos alelos que se llevaron los animales que eran muy

susceptibles a la enfermedad redujeron su frecuencia drásticamente o perdido por completo.

Un ejemplo tristemente célebre de un cuello de botella fue el estallido de la peste bovina en África en 1890. Se diseminó a través de todo el continente y mató al 80 a 90% del ganado de los indígenas, búfalos, eland o alce de El Cabo, jirafas, ñus, kudu y antílopes (Mack, 1970). Tuvo graves consecuencias sociales, producto de la pérdida del ganado bovino y caprino. Debido a la muerte del ganado y las cabras, las consecuencias sociales fueron muy graves, aproximadamente un tercio de la población humana de Etiopía y dos tercios de Masaai de Kenia y Tanzania, murieron de hambre. La peste bovina sigue causando problemas a intervalos de aproximadamente 10 años, pero en 1890 el soporte veterinario era muy limitado y la propagación de la enfermedad no pudo ser detenida.



Figura 4. El ganado que murió de la peste bovina en África en 1890

Los cuellos de botella en especies de animales domésticos también pueden ocurrir debido a que la raza específica perdió su propósito original, pero adquirió uno nuevo previo a su extinción. Un ejemplo de esto son los caballos de la raza Frison, utilizados en un principio para trabajos de tiro en las granjas, pero que posteriormente dejó de usarse para ese fin por la introducción del tractor. La raza se redujo notablemente en tamaño, antes de que se que empezara a hacer popular su uso para ocio y deporte: tanto para la conducción con arnés como con silla de montar. Hoy en día, es la segunda raza de mayor pureza en los países Bajos (los ponies de raza Shetland ocupan el primer lugar).

Hay otros ejemplos de razas que han perdido su popularidad, como algunas de las antiguas razas de ganado holandeses. Se puede decir que todavía están en el cuello de botella a la drástica reducción de tamaño, y aun no hay señales de recuperación. Sin embargo, otros, como el Brandrode y la Red Friesian, están mostrando signos de crecimiento de la población.

*Entonces:*

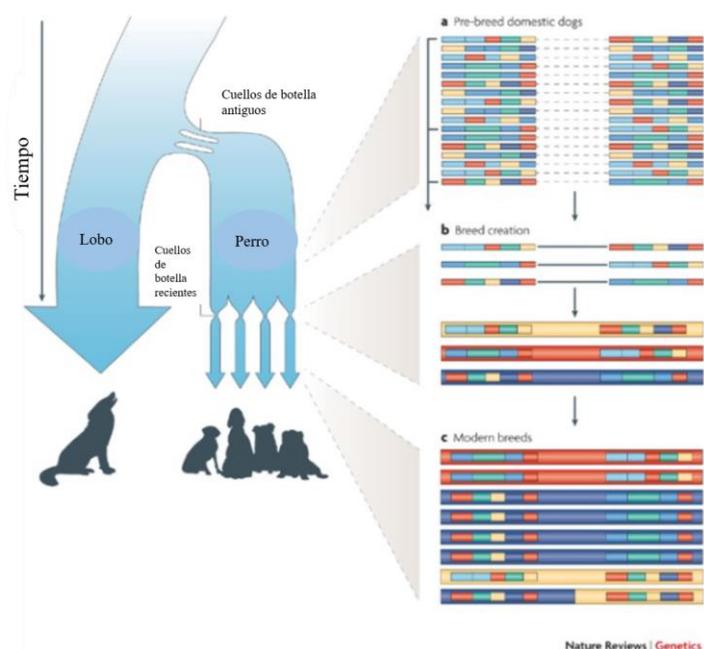
Un cuello de botella hace referencia a una población que ha experimentado un drástico descenso en el número de sus miembros, seguida de una recuperación de su tamaño.

Un cuello de botella a menudo tiene una gran influencia en las frecuencias de los alelos en la población, y, por lo tanto, en la diversidad genética.

### **Ejemplo: el rol de los cuellos de botella en la formación de la raza de perro**

La formación de las razas de perros es un buen ejemplo del efecto de los cuellos de botella sobre la variación genética. La diversidad genética del lobo, en un principio, era muy alta. En algún punto en el tiempo, a partir de los lobos surgieron los perros. Cómo ocurrió exactamente seguirá siendo siempre un poco de misterio. Una teoría que suena razonable es que en los tiempos cuando la gente comenzó a establecerse para convertirse en agricultor, además de

producir, también empezaron a acumular residuos. Para algunos lobos, estos residuos, eran una fuente más fácil y segura de alimentos que la caza. Pero había que ser muy valiente para acercarse muy próximo a los seres humanos para robarles los la basura. Por lo que sólo unos pocos lobos se las arreglaron, y probablemente, tenían los genes responsables de ser más valientes y menos agresivos. Ese fue el cuello de botella número uno. Estos lobos fueron cambiando gradualmente su aspecto hasta convertirse en perros, como los que aún pueden verse en varios lugares del mundo. Esos perros que tienden a vivir en las calles y no pertenecen a nadie, pero que viven a veces en el patio de las casas. A cambio de la vigilancia, reciben comida como recompense (si se les pregunta dirán que esos perros no les pertenecen). El perro moderno surge de la domesticación de este tipo de perros. Primero, la gente comenzó a adoptarlos, y seleccionar aquellos que fueron buenos para la caza o vigías, o que ayudaban en el trabajo con el ganado. Luego, se los empezó a seleccionar y preferir determinados *looks* o apariencias. Lentamente, las poblaciones de perros empezaron a diferenciarse entre sí. No había ni reglas ni reglamentaciones, y había libertad para dar servicio con cualquier perro. Cerca del 1900 se creó el primer registro genealógico. Desde ese momento, ya no se pudo aparear con perros por fuera de este registro si querías llamarlo de pura raza. Este es un segundo cuello de botella, porque la mayoría de las razas fueron fundadas a partir de un número relativamente reducido de perros. En las razas de perros modernos, al igual que en otras poblaciones, las mutaciones incrementan la diversidad genética. Sin embargo, sobre todo en poblaciones pequeñas, la endogamia es inevitable, y debido a la deriva genética, lo reducirá la diversidad genética.



**Figura 5.** La diversidad genética en las razas de perros modernos es menor que en el de lobo debido a los cuellos de botella acontecidos. En primer lugar, cuando se surgieron los perros, y posteriormente, cuando se crearon las razas modernas.

### 2.3. Capítulo 6.2.3: Diversidad y la migración

La migración es un proceso en el que algunos individuos abandonan una población para unirse a otra. Cuando un animal de una población (raza leer) se une a otra, se pueden introducir nuevos alelos. En ese caso, la migración tiene como resultado un aumento de la diversidad genética. Cuanto más diferente ambas poblaciones (los nuevos integrantes respecto de la receptora), mayor es la posibilidad de introducción de nuevos alelos, y por lo tanto, de aumentar la diversidad genética. Lo contrario de la inmigración es la emigración: un animal abandona la población. Esto en general tiene un efecto insignificante en la diversidad genética, a menos que la población es muy pequeña o el animal se lleva Congo alelos únicos o muy raros.

Entonces:

*La inmigración puede aumentar la diversidad genética de una población.*

### **Diversidad y origen de las razas**

La formación de las razas puede dividirse en dos clases: una de ellas formada a partir de la separación de individuos de una población, o sino a través de cruzamientos. Muchas razas proceden de una población más grande. La nueva raza generalmente se destaca por alguna característica especial en la población que le da origen

A menudo, la selección ya se ha realizado para esa característica especial por algunas generaciones antes que la separación de la población principal se convierte en un hecho. Si la población que se separa es de tamaño suficiente, entonces la diversidad genética de ambas poblaciones (la nueva y la de origen) no es mucho menor que en la población original. La formación de razas es un proceso continuo, y nuevas razas se están desarrollando también en la actualidad. Por ejemplo, el Kennel Club holandés tiene criterios especiales para seleccionar un grupo de perros antes de que sean reconocidos como una nueva raza. Por ejemplo, no sólo tienen que resultar similares, sino que también necesitan mantener la pureza racial (*breed pure*): la variación en el aspecto de la descendencia debe estar dentro del estándar de la raza desarrollada.

Otras razas, en cambio, en lugar de originarse por separación de una población, pueden desarrollarse a propósito mediante cruzamientos específicos. En las líneas comerciales de pollos y aves, las líneas puras consisten de múltiples orígenes, y forman los conocidos híbridos: combinaciones de razas que son apareadas, y la descendencia vuelta a aparearse entre sí, y así sucesivamente hasta que la población se convierte en una raza. En los animales de granja, generalmente no se les denomina razas, sino línea, híbrido o sintético. Como se basan en el cruzamiento de razas (poblaciones), en lugar de individuos, la diversidad genética es bastante elevada.

La creación de sintéticos también ocurre por fuera de establecimientos dedicados a la cría y mejoramiento genético. Sin embargo, especialmente en aquellos casos que se obtienen híbridos por el trabajo de algunos criadores entusiastas, los mismos se obtienen a partir del cruzamiento de solo unos pocos animales fundadores. Dichos individuos se aparean, y la descendencia obtenida vuelta a aparear, por lo que la diversidad genética de estas razas es muy limitada. El Saarloos Wolfhond (el Saarloos Wolfdog es una raza de perro que se origina en el cruce de un perro pastor alemán con un lobo gris euroasiático) es un ejemplo de este tipo de raza obtenida a partir de un número reducido de fundadores.

Entonces:

*Hay dos formas principales de formar una raza:*

- *Separación de una población principal*
- *Cruzamientos, o desarrollo de híbridos*

### **2.4 Capítulo 6.2.4: Aumento de la diversidad genética: la mutación**

Una mutación es un cambio en la secuencia de ADN, y por lo tanto crea un nuevo alelo y aumenta la diversidad genética. La frecuencia con la que esto ocurre es pequeña, pero difiere entre especies. En los seres humanos la tasa de mutación se estima en  $10^{-5}$  por gen por meiosis (generación). Las mutaciones tienden a ocurrir sobre todo en regiones específicas del genoma: puntos calientes (*mutation hotspots*). Una gran cantidad de mutaciones son perjudiciales. Una mutación dominante a menudo resulta en la mortalidad (aborto) del embrión. Las mutaciones recesivas quedan enmascaradas en el estado heterocigoto y se diseminan en la población. Sólo

se expresan en el estado homocigoto. Algunas mutaciones son inofensivas, y otras positivas. Estas últimas serán objeto de selección y por lo tanto pueden incrementar su frecuencia de manera más eficiente. No todas las mutaciones dan como resultado un cambio en la función del gen: son las denominadas mutaciones silenciosas. Muchos de los SNP (polimorfismo de un solo nucleótido, por sus siglas en inglés *Single-Nucleotide Polymorphism*) son mutaciones silenciosas y se utilizan como marcadores genéticos.

*Entonces:*

*Las mutaciones aumentan la diversidad genética*

### **3. Capítulo 6.3: Cambio en la diversidad: la endogamia**

La endogamia es el resultado del apareamiento de dos individuos emparentados. Dos individuos emparentados genéticamente son más parecidos entre sí porque comparten alelos que dos individuos no relacionados.

Dichos individuos comparten alelos porque tienen un ancestro en común. Este ancestro común transmitió a su descendencia los mismos alelos, que, a su vez, los siguen transmitiendo a lo largo de las generaciones, acabando finalmente en animales emparentados.

El apareamiento de animales emparentados aumenta la posibilidad de que ambos transmitan los mismos alelos a su descendencia, resultado la descendencia homocigota. El nivel de consanguinidad esos animales crean la posibilidad de que ambos pasen los mismos alelos a su descendencia, lo que resulta en homocigosis en la descendencia. El nivel de endogamia en un animal depende del nivel de parentesco de sus progenitores, y, por lo tanto, la probabilidad de que ambos pasen el mismo alelo a su descendencia.

El nivel de endogamia en un animal se puede expresar mediante el coeficiente de consanguinidad. El coeficiente de consanguinidad indica la probabilidad de que un individuo reciba el mismo alelo de su padre y de su madre, porque sus progenitores están emparentados. La endogamia es el resultado del apareamiento de individuos emparentados. El coeficiente de consanguinidad toma valores entre 0 (0% o no consanguínea) y 1 (100% o completamente consanguíneos). Importante a tener en cuenta es que la consanguinidad aumenta la homocigosis (y disminuye la diversidad genética).

#### ***Definición***

El nivel de endogamia y coeficiente de consanguinidad indica la probabilidad de que un animal reciba el mismo alelo de sus padres porque están emparentados.

### **4. Capítulo 6.4: Las causas de la endogamia**

Hay dos causas de la endogamia: endogamia debido a la deriva génica y la endogamia debido al apareamiento no aleatorio. Dicho en otras palabras: la endogamia por casualidad o la endogamia a propósito, la endogamia inevitable y evitable.

1. La deriva génica causa disminución de la diversidad genética debido a la pérdida de alelos, lo que conduce a un aumento en la homocigosis también conocido como endogamia inevitable. Imagínese que en algún momento de la historia se produjo una mutación. Usted puede asumir que esta mutación sólo se produjo en un solo animal, ya que es poco probable que exactamente la misma mutación también se produjera en otro animal. Los animales que hoy llevan ese alelo mutado, por lo tanto, deben estar emparentados porque comparten ese ancestro en común. Este es el caso de todas las mutaciones, incluso si el animal en el que se produjo la mutación vivió hace mucho tiempo. Considerando que la endogamia es el resultado de cruzar individuos emparentados, los animales que son homocigotos para un alelo están emparentados. La homocigosis en una población es un indicador del tamaño de

las frecuencias alélicas. Si todos los animales son homocigotos, el/los otro/s alelo/s se pierde/n de la población. La consanguinidad debido a la deriva génica resulta en la pérdida permanente de diversidad genética porque los alelos se pierden *para siempre*.

2. Los apareamientos no aleatorios provocan endogamia, y son evitables. El apareamiento a propósito de animales estrechamente relacionados, como el caso de hermano y hermana o apareamientos padre e hija, se traduce en un aumento de la probabilidad de que la descendencia del apareamiento reciba el mismo alelo de ambos padres. Esto aumenta la homocigosis, y, por lo tanto, la endogamia. Sin embargo, provoca una pérdida temporal de la diversidad genética, porque si usted deja de aparear animales estrechamente emparentados, reemplazándolo en cambio por apareamientos al azar, esta causa de la endogamia desaparecería.

## 5. Capítulo 6.5. La endogamia inevitable

La endogamia debido a la deriva genética no se puede evitar totalmente porque siempre se produce en una población. Para hacerse una idea de por qué esto es, hay que tener en cuenta el hecho de que todo el mundo tiene dos padres, lo que hace cuatro abuelos, dieciséis bisabuelos, etc. El número de ancestros tras “n” generaciones se puede expresar como  $2^n$ . Esta cifra se vuelve muy grande en un número limitado de generaciones. En otras palabras, tus padres deben estar emparentados, por lo que tú eres endogámico. Ahora es más fácil de comprender por qué la deriva génica se produce en todas las poblaciones, pero, especialmente en las más pequeñas. Cuanto mayor sea la población menor será la probabilidad de que los individuos emparentados se apareen por casualidad. La diversidad genética se encuentra en su máximo grado de expresión cuando todos los animales se vuelven heterocigotas. El aumento de la homocigosis resulta en la reducción de la diversidad genética. El apareamiento de individuos emparentados aumenta la homocigosis, y por lo tanto disminuye la diversidad genética.

El apareamiento evitable de individuos emparentados se traduce en pérdida de alelos debido a la deriva génica. El apareamiento a propósito de individuos emparentados también crea animales homocigotos, y no necesariamente se traduce en pérdida de alelos porque las familias ya no se vuelven a mezclar. Los alelos se fijan, pero diferentes alelos se fijan en diferentes familias. A nivel de población, esto no tiene influencia en las frecuencias alélicas.

## 6. Capítulo 6.6: ¿Por qué es importante la diversidad genética?

Ahora ha quedado claro lo que implica la diversidad genética, y la relación que tiene con la endogamia. Pero la pregunta es ¿por qué preocuparnos por la diversidad genética? Hay tres razones principales para ello:

1. Una razón importante es que la diversidad genética permite flexibilidad en una población. Si las circunstancias cambian, diferentes genotipos pueden ser más adecuados y la presión de selección cambiará. Si los alelos necesarios para adaptarse a las nuevas circunstancias ya no están presentes, o sólo en muy baja frecuencia, entonces la adaptación de la población va a ser muy difícil. Potencialmente, con consecuencias devastadoras.
2. La endogamia (aumento de la homocigosis) provoca depresión endogámica, es decir, que los animales consanguíneos tienden a ser menos saludables, expectativa de vida y capacidad reproductiva reducida.
3. Relacionado a esto último: la reducción de la diversidad génica trae aparejada un aumento de la homocigosis también en alelos que tienen efectos deletéreos. Cuanto más endogámicos los animales, mayor es la probabilidad de padecer trastornos recesivos monogénicos.

## Depresión endogámica

La endogamia da como resultado un aumento de la homocigosis, por ende, también de homocigotas recesivos. El resultado negativo de esto se puede expresar como la *performance* o rendimiento de los animales endogámicos, comparados con animales que no lo son, o sino también, en la variación del fenotipo por cada incremento del 1 % del nivel de endogamia.

Por ejemplo, un estudio sobre los sementales (padrillos) de la raza holandesa Shetland mostró un claro efecto de la endogamia sobre las características de los espermatozoides. Dentro de la fracción vital, la endogamia tuvo un efecto reductor del porcentaje de esperma normal, y un efecto sobre el aumento de la proporción de espermatozoides con cabeza anormal (van Eldik et al, 2006. *Theriogenology* 65:1159-1170). No se han realizado estudios sobre el efecto de la calidad del esperma en los resultados de fertilización, pero es probable se necesite que los espermatozoides tengan cierta calidad para fecundar al óvulo y permitir la gestación.

Otro ejemplo está relacionado con el nivel de endogamia en el ganado lechero de la raza Holstein o vaca frisona. Los resultados en la Tabla 2 muestran el efecto potencial de un apareamiento entre un abuelo y su nieta. Esto es un nivel extremo de consanguinidad, pero no es infrecuente. Los resultados muestran un efecto negativo de la endogamia en caracteres relacionados con la reproducción y producción de leche. Los animales consanguíneos son más viejos cuando dan a luz por primera vez, tienen lactancias más cortas, intervalos entre partos más extensos y menor producción de leche.

Tabla 2. Efecto de 12,5% endogamia (por ejemplo, como resultado del apareamiento abuelo-nieta) en una serie de caracteres en el ganado lechero de la raza Holstein o vaca frisona. (A partir de Smith et al, 1998 *J Dairy Sci.* 81: 2729-2737).

<b>Caracter</b>	<b>Pérdidas a causa del 12,5% endogamia</b>
Duración del periodo de lactancia (días)	<b>-129</b>
Días al primer parto (días)	<b>5</b>
Intervalo entre partos (días)	<b>3.3</b>
Producción de leche en 1° lactancia (kg)	<b>-464</b>
Grasa total de 1° lactancia (kg)	<b>-15</b>
Proteína total de 1° lactancia (kg)	<b>-15</b>

## 7. Capítulo 6.7: Caja de herramientas: relaciones

La endogamia es el resultado de apareamiento de animales emparentados. Si conocemos el grado de parentesco entre los animales, se puede ser capaz de predecir y, hasta cierto punto, controlar, el nivel de endogamia en la próxima generación. Si conocemos el árbol genealógico de los animales, es posible calcular el nivel de parentesco entre los animales, y, por lo tanto, el nivel de consanguinidad de un animal. En la siguiente parte del capítulo vamos a ver más en detalle cómo se realizan estos cálculos. Dos animales están emparentados cuando tienen uno (o más) antepasados en común.

Por ejemplo, tú estás relacionado con tus primos porque tienen los mismos abuelos, que son sus ancestros en común. Debido a esto, tú y tu/s primo/s comparten alelos. La cuestión clave es que los individuos emparentados tienen alelos en común.

*Entonces:*

*Los individuos emparentados tienen alelos similares*

En la figura 6 se ven dos genealogías simples. En pedigrí 1, los animales A y B son los padres de los animales C y D. En otras palabras: A y B son los ancestros comunes de C y D, que por lo tanto son hermanos completos. Animales C y D se aparearon y tuvieron de descendencia a E. Debido a que C y D están emparentados, E es consanguíneo.

En el pedigrí 2, los animales F y G son padres de H y I. Los animales H e I se aparean con otros no emparentados y dan como descendencia a los animales J y K. Estos últimos se aparean entre sí, y tienen a L como hijo. Los animales J y K están emparentados porque tienen como ancestros en común a los individuos F y G. Por lo tanto, L es consanguíneo, pero en menor medida que el individuo E, ya que el grado de parentesco entre J y K es menor que entre C y D.

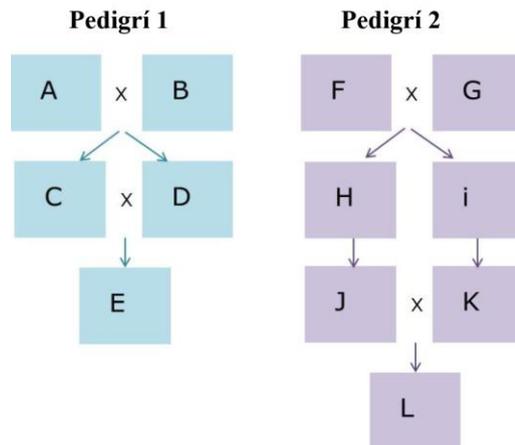


Figura 6. Ejemplos de dos pedigrís simples.

Cuantas más generaciones haya hasta llegar al ancestro en común, menor va a ser el parentesco entre dos animales. Cuanto menor sea el grado de parentesco, menor será la probabilidad de que transmitan el mismo alelo a su descendencia, por lo que menor será la consanguinidad de sus hijos.

Entonces:

*El nivel de consanguinidad disminuye cuando disminuye parentesco de los progenitores.*

### 7.1 Capítulo 6.7.1: relación genética aditiva

La relación genética aditiva refleja qué proporción del DNA (alelos) comparten dos animales porque tienen ancestro en común (s). Las relaciones genéticas aditivas pueden calcularse a partir del pedigrí. Los padres pasan la mitad de sus alelos a su descendencia por lo que la proporción de alelos que padres e hijos tienen en común es  $\frac{1}{2}$ . En otras palabras: la relación genética aditiva entre un padre y su descendencia es  $\frac{1}{2}$ . La descendencia recibió la mitad de los alelos del padre y la mitad de la madre, por lo que su genoma es una mezcla de genes procedentes de ambos padres. Cuando los hijos se reproducen, pasan nuevamente la mitad de sus alelos a la descendencia. ¿Qué mitad de los alelos se transmiten a la descendencia? ES UN PROCESO ALEATORIO (muestreo mendeliano o también conocido como *Mendelian sampling*). Por lo tanto, la proporción de alelos que tienen en común un abuelo y su nieto es  $\frac{1}{4}$ , esto es:  $\frac{1}{2}$  (alelos transmitidos a su descendencia)  $\times$   $\frac{1}{2}$  (alelos transmitidos de su descendencia a sus nietos).

**Definición**  
 La relación genética aditiva es una estimación de la proporción de alelos compartidos por dos individuos porque tienen uno o más ancestros en común.

## 7.2. Capítulo 6.7.2: Cálculo de las relaciones genéticas aditivas

Hay una regla de cálculo importante que hay que tener en cuenta cuando se trabaja con probabilidades: si *esto* Y *aquello* son dos eventos que se suponen que tienen probabilidad de ocurrir, se deben multiplicar sus probabilidades. Piense en la situación en la que se pasa el mismo alelo a la descendencia y a su vez nuevamente a la próxima generación. Si *esto* O *aquello* se supone que suceda, se deben sumar las probabilidades. Piense en la situación en la que el alelo 1 o el alelo 2 de un gen se transmite a la descendencia. Se clarificará con un ejemplo. La relación genética aditiva (indicado con una 'a') entre dos individuos depende del número de ancestros comunes y en el número de generaciones hacia los ancestros en común. Se explicará el paso a paso para calcular la relación genética aditiva entre dos animales. Considere pedigrí 2 en la figura 6.

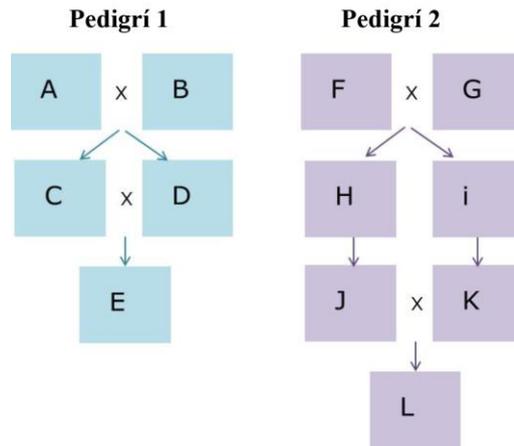


Figura 6. Ejemplo de dos pedigrís

Consigna: ¿Cuál es la relación genética aditiva entre los animales J y K? Se puede responder en 4 pasos:

- *Paso 1*: encontrar los ancestros en común

Los ancestros comunes de J y K son **F** y **G**.

- *Paso 2*: ¿cuántas generaciones (meiosis) hay hasta cada uno de los ancestros en común?

Ancistro 1 (**F**): el número de generaciones de J a F es 2, y de K a F también es 2.

Ancistro 2 (**G**): el número de generaciones de J a G es 2, y de K a G también es 2.

- *Paso 3*: calcular la relación genética aditiva entre los animales

A través de ancestro común 1: La probabilidad de que J y K tengan alelos en común originadas a partir de un ancestro común F, es igual a la probabilidad de que los mismos alelos se transmitan de F a H y de H a J y de F a I y de I a K. por lo tanto necesitamos multiplicar estas probabilidades que son iguales a  $\frac{1}{2}$  cada una. El cálculo se realiza de la siguiente manera:

$$\text{Probabilidad} = \frac{1}{2} * \frac{1}{2} * \frac{1}{2} * \frac{1}{2} = 0,0625$$

El mismo procedimiento se puede realizar para el ancestro en común 2: la probabilidad de que J y K tengan alelos originados a partir del ancestro en común G es también igual a  $(1/2)^4 = 0,0625$ .

Estas dos probabilidades pueden sumarse porque los animales están emparentados, dado que comparten alelos en común del ancestro 1 y/o del ancestro 2. Ambas probabilidades son independientes una de otra.

**La relación genética aditiva entre J y K se convierte así en  $0,0625 + 0,0625 = 0,125$**

La relación genética aditiva se puede expresar como:

$$a_{J,K} = 0,125$$

Estos pasos para la determinación de la relación genética aditiva se pueden describir en una fórmula como:

$$a_{X,Y} = \sum_{i=1}^m \left(\frac{1}{2}\right)^{(n_i+p_i)}$$

Donde  $X$  e  $Y$  son los animales de los cuales queremos conocer su relación genética aditiva,  $m$  es el número de ancestros comunes, y, para cada antepasado común,  $n$  es el número de generaciones entre el animal  $X$  y el ancestro en común,  $p$  corresponde al número de generaciones entre  $Y$  con el ancestro común. Se ve que, por cada ancestro en común, la probabilidad de compartir alelos se multiplica través de las generaciones, porque todo es necesario que ocurra, y las probabilidades se acumulan a través de los ancestros en común, ya que son independientes entre sí.

## 8. Capítulo 6.8: la relación genética aditiva utilizando la información genómica

La relación genética aditiva se estima utilizando el pedigrí. Pero, ¿Qué tan precisa es? Sabemos que los padres pasan exactamente la mitad de su genética a su descendencia. Sin embargo, también sabemos que dos hermanos completos pueden haber recibido diferentes alelos de los mismos padres. En promedio, comparten la mitad de sus genes.

Sin embargo, podría ser un medio, podrías ser un poco más que un medio, o un poco menos. Si sólo tenemos en cuenta un solo gen, dos hermanos completos pueden incluso NO compartir ningún alelo, a causa del muestreo mendeliano. Esto se ilustra en la Figura 7, donde se ve un pedigrí de los ratones. La madre tiene los alelos A y B, y el padre tiene alelos C y D. Cada una de las cuatro crías recibieron un alelo del padre y uno de la madre. En este ejemplo, cada uno de los ratones recibieron una combinación diferente de estos dos alelos. En promedio se puede esperar que estos ratones comparten la mitad de sus genes como cada uno de ellos recibió la mitad de los mismos padres. Pero si se comparamos dos de los cuatro ratones, pueden compartir un alelo o compartir ninguno. Así que en lugar de  $a = 1/2$  estos ratones tendría  $a = 0$ , al menos para este gen específico.

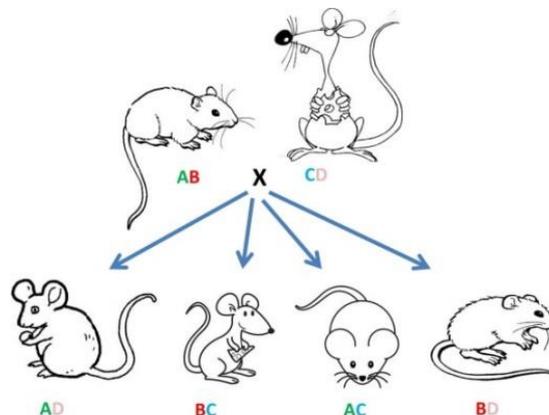


Figura 7. Ejemplo de diferencias entre hermanos completos debido al muestreo mendeliano en un pedigrí de ratones.

Por supuesto que los animales no tienen un solo gen, sino miles de ellos. Así que, en promedio, considerando todos los genes, dos hermanos completos comparten la mitad de sus genes. Sin embargo, como se ilustra en la Figura 8, hay una cierta variación alrededor de la media, algunos comparten un poco más que la mitad, y otros un poco menos. Del mismo modo, dos medios hermanos, comparten, en promedio,  $\frac{1}{4}$  de sus genes. Puede ser mayor o menor a  $\frac{1}{4}$ , debido al muestreo mendeliano. La variación es la mitad que en hermanos completos, ya que los medios hermanos sólo comparten un progenitor.

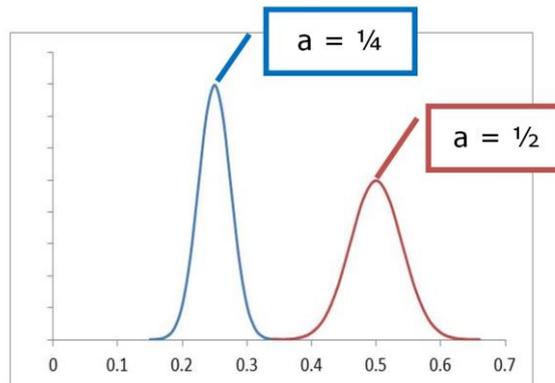


Figura 8. La distribución de las relaciones genéticas aditivas verdaderas alrededor de una estimada a partir de un pedigrí ( $\frac{1}{4}$  para medios hermanos,  $\frac{1}{2}$  para hermanos completos).

### 8.1 Capítulo 6.9: Relación genética realizada o calculada

En la práctica, las relaciones genéticas aditivas pueden estimarse utilizando un pedigrí, o información genómica. Si se utiliza la información genómica (por ejemplo, marcadores SNP's), puedes imaginar que cuanto mayor es el número de marcadores genotipificados por animal, mayor es la precisión con la cual puede estimarse cuanto tienen en común los genomas de dos animales. Esto se conoce como la relación genética aditiva.

En el futuro, cuando estén disponibles las secuencias completas de los animales, la relación genética aditiva exacta podrá ser calculada. Por el momento, este no es el caso, debido a limitaciones presupuestarias. En la práctica, el valor genético aditivo en la cría y mejoramiento genético de animales es estimada a partir de los pedigrís. En algunos casos, como en de selección genómica, los animales son genotipificados para un gran número de marcadores genéticos, permitiendo así un cálculo mucho más preciso de las relaciones genéticas aditivas.

### 9. Capítulo 6.10: coeficiente de endogamia y parentesco

Un animal es consanguíneo sólo si sus padres están emparentados. El nivel de consanguinidad indica la probabilidad de que un animal reciba el mismo alelo de ambos padres porque están emparentados. En otras palabras: indica la probabilidad de que un animal sea homocigota para un alelo que comparten ambos padres por tener un ancestro en común. El nivel de endogamia es también llamado el coeficiente de consanguinidad de ese animal y puede ser calculado como:

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{padres}}$$

Esta sencilla fórmula indica que es fácil de calcular el coeficiente de endogamia de todos los animales en una población, siempre y cuando conozcamos la relación genética aditiva entre sus padres. Por ejemplo, la relación genética aditiva entre un hermano y hermana completa es de 0,5. Si se aparean y tienen descendencia, los descendientes serán endogámicos. Su coeficiente de consanguinidad sería  $\frac{1}{2} * 0,5 = 0,25$ . Esto significa que, para cada locus, la descendencia

tendrá una probabilidad del 25% de ser homocigotas porque sus padres recibieron los mismos alelos de su ancestro común. Cuanto mayor sea el número de generaciones transcurridas hacia el ancestro en común, menos emparentados estarán los padres, y, por lo tanto, menor será el coeficiente de endogamia.

Entonces:

*Un animal es consanguíneo SÓLO si sus padres están emparentados*

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{padres}}$$

Entre tanto... ¿Porqué  $F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{e/padres}}$ ?

El coeficiente de consanguinidad indica la probabilidad de que el animal se convierta en homocigota, ya que hereda el mismo alelo de su padre y madre. Para que el animal sea homocigota, primero es condición de que ambos padres porten el mismo alelo. Y luego, que ambos lo transmitan a su descendencia. Esto se traduce como:

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * \frac{1}{2} * a_{\text{e/padres}}$$

Esto sería correcto en organismos haploides. Sin embargo, los animales son diploides: cada uno de ellos tiene dos alelos por locus. Entonces los padres tienen dos posibilidades de compartir un alelo. Por lo tanto, la probabilidad de que sus hijos se conviertan en homocigotas, expresada como el coeficiente de endogamia, es:

$$F_{\text{animal}} = 2 * a_{\text{e/padres}} * \frac{1}{2} * \frac{1}{2} = \frac{1}{2} * a_{\text{e/padres}}$$

## 10. Capítulo 6.11: relación genética aditiva cuando se innato el ancestro común

Los animales que son endogámicos son homocigotas para más loci (genes) que los animales que no lo son. En consecuencia, la posibilidad de que pasen el mismo alelo a dos de sus hijos es mayor que en los animales no endogámicos. Un ancestro común endogámico resulta así en una relación genética aditiva mayor entre dos animales. ¿Cuánto más alta? Proporcional a la probabilidad de que este ancestro en común pase el mismo alelo a la descendencia, que es igual al nivel de endogamia.

A continuación, podemos ver misma fórmula que antes para la relación genética aditiva entre X e Y, pero ahora incluyendo el nivel de endogamia (F) del ancestro común. F indica cuánto más probable es que el mismo alelo se pasa a dos individuos de la descendencia.

$$a_{X,Y} = \sum_{i=1}^m \left(\frac{1}{2}\right)^{(n_i+p_i)} (1 + F_{w_i})$$

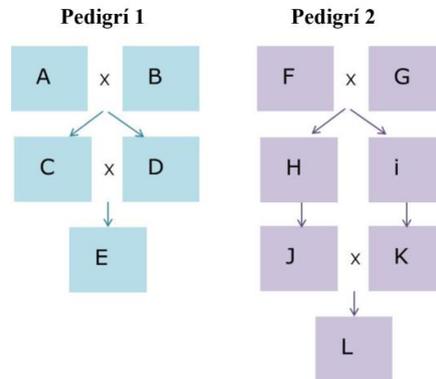
Si volvemos al ejemplo anterior, en el pedigrí 2 no tenemos ningún tipo de información del nivel de consanguinidad entre los animales F y G. La relación genética aditiva entre J y K es 0,125 en el caso que F y G no sean endogámicos. La pregunta es: ¿cómo cambiaría la relación genética aditiva entre J y K si G fuera consanguíneo? Asumiremos que el coeficiente de endogamia de G= 0,23, entonces  $F_G = 0,23$ . Por lo tanto, la probabilidad de que el mismo alelo se transmita a J y a K es un 23 % mayor que antes. Previamente, era de  $(\frac{1}{2})^4 * 1 = 0,0625$ , y considerando este valor de  $F_G = 0,23$ , la relación genética aditiva se calcula así:

$$(\frac{1}{2})^4 * (1+0,23) = 0,0769$$

Si F no fuera consanguíneo, entonces le relación genética aditiva entre J y K se calcula así:

$$(\frac{1}{2})^4 + [ (\frac{1}{2})^4 * (1+0,23) ] = 0,0625 + 0,0769 = 0,139$$

Los animales J y K están más emparentados porque el ancestro G es consanguíneo.



### Importancia del número de generaciones para los cálculos de consanguinidad

Las conclusiones sobre si un animal es o no endogámico deben basarse siempre en el número de generaciones del pedigrí que se ha usado para su determinación. Por ejemplo, en el primer diagrama a continuación se puede ver el pedigrí de un caballo, Cirius, a lo largo de tres generaciones. Es un caballo árabe, criado por líneas polacas. Retrocediendo tres generaciones en su pedigrí, se podría concluir que Cirius no es consanguíneo: sus padres, Eternal y Ciarka, no tienen ancestros en común.

Sin embargo, si desea incluir dos generaciones más (el segundo esquema), se ve que Ciarka y Eternal están emparentados a través de tres ancestros comunes: Probat, Banat, y Palas. Si queremos calcular la relación genética aditiva entre Eternal y Ciarka, debemos tener en cuenta las contribuciones de Probat, Banat, y Palas. Sobre la base de este árbol genealógico llegamos a la conclusión de que ninguno de los ancestros comunes es consanguíneo. Se calcula primero en cuanto contribuye Probat a la relación genética aditiva entre Eternal y Ciarka. Es probable que Probat comparta más alelos con Eternal que con Ciarka. La probabilidad de que tanto Eternal y Ciarka compartan alelos de Probat es:

$$\frac{1}{2}^3 * \frac{1}{2}^4 = \frac{1}{2}^7 = 0,0078125$$

Palas vivió cuatro generaciones antes que Eterna y Ciarka, lo que resulta en una probabilidad de que compartan alelos de Palas de  $\frac{1}{2}^{(4+4)} = 0,00390625$ . Banat también vivió cuatro generaciones antes que Eternal y Ciarka, por lo que también la probabilidad de que compartan alelos de Banat de 0,00390625.

La combinación de estos resultados para los tres ancestros comunes resulta en una probabilidad global de que Eternal y Ciarka compartan alelos de:

$$0,0078125 + 0,0039065 + 0,00390625 = 0,015625 = 1,5625\%$$

La relación genética aditiva entre Eternal y Ciarka es baja, dando como resultado un bajo coeficiente de endogamia, 0,78% (o 0,0078125) para Cirius. Tenga en cuenta que cuantas más generaciones se incluyan, mayor será la relación genética aditiva entre Eternal y Ciarka, y, por ende, el coeficiente de endogamia de Cirius.

CIRIUS gr 1.54M 2008 ARABIAN	ETERNAL* gr 2000 ARABIAN	EXSTERN* gr 14.3 1994 ARABIAN	MONOGRAMM* ch 15.0 1985 ARABIAN
			ERNESTYNA* gr 1989 ARABIAN
		ELEGANTKAH* b 1994 ARABIAN	GWIZD* b 154 ch 1981 ARABIAN
	CLARKA* gr 2002 ARABIAN		EMENACJA b 1980 ARABIAN
		PESAL* gr 1991 ARABIAN	PARTNER* gr 1970 ARABIAN
			PERFORACJA* gr 1.51m 1986 ARABIAN
	CIRKA* b 1994 ARABIAN	BOREK* br 1987 ARABIAN	
		CUMA ch 1990 ARABIAN	

CIRIUS gr 1.54M 2008 ARABIAN	ETERNAL* gr 2000 ARABIAN	EKSTERN* gr 14.3 1994 ARABIAN	MONOGRAMM* ch 15.0 1985 ARABIAN	NEGATRA2* b 1971	BASK* b 1956		
			ERNESTYNA* gr 1989 ARABIAN	MONOGRAMMA* ch 14.3 1993	NEGOTKA* gr 1967		
			GWIZD* b 154 ch 1981 ARABIAN	PSECHUR* gr 1979	KNEFFEL* ch 15.1 1954		
		ELEGANTKAH* b 1994 ARABIAN	EMENACJA b 1980 ARABIAN	ERWINA* gr 1984	MONOPOLIA* b 15.0 1956		
				PROBAT* b 1975	BANAT* b 1967		
				GWIAZDA b 1971	PERAZETA gr 1974		
	CLARKA* gr 2002 ARABIAN	PESAL* gr 1991 ARABIAN	PARTNER* gr 1970 ARABIAN	ELEKZIS* gr 1962	ALGOMEJ* b 1973	CELEBS* b 1949	
			PERFORACJA* gr 1.51m 1986 ARABIAN	PANNA* gr 1956	ELLENKA* b 1956	ALGONKA* b 1961	
			BOREK* br 1987 ARABIAN	ERNA* gr 1.46m 1975	ASWAN* gr 1958	ALMIFAR* b 1960	
		CIRKA* b 1994 ARABIAN		BOROWNA* b 1979	POKAZNAJA* ch 1962	ELLDRA* b 1950	ACQUOR* gr 1951
				CUMA ch 1990 ARABIAN	FAWOR* br 1.52m 1981	ELLENKA* b 1956	ELLENKA* b 1956
					EUKALPTUS* gr 15.0 1974	FATMA* b&br 1961	ELLENKA* b 1956
			CIRPAGA* gr 1984	BOROWNA* b 1979	ETAF* b 1971	ELLENKA* b 1956	
				EUKALPTUS* gr 15.0 1974	BOLORIA* b 1971	BANDOS* gr 1964	
				CIRPAGA* gr 1984	EUKALPTUS* gr 15.0 1974	ELLENKA* b 1956	
					CIRPAGA* gr 1984	BANAT* b 1967	
						CYRULACJA gr 1974	

Entonces:

*Las relaciones genéticas aditivas y coeficientes de endogamia son informativos solamente teniendo en cuenta el número de generaciones consideradas.  
Se recomienda usar al menos cinco generaciones del pedigrí.*

## 11. Capítulo 6.12: La endogamia a nivel de población: la tasa de endogamia

A nivel de una población, el nivel de endogamia puede ser estimado como el promedio de los coeficientes de endogamia de los animales de la población en un momento dado. Como hemos visto antes, todos los animales de una población están relacionados, aun en bajo nivel. Como consecuencia, si se compara el coeficiente medio de consanguinidad a través de las generaciones, este valor siempre irá en aumento. A este incremento se le llama *tasa de endogamia* o  $\Delta F$ . La tasa o velocidad a la cual aumenta dependerá del grado de parentesco de los animales en la población. Cuanto más emparentados, más endogámica su descendencia, y, por lo tanto, mayor la tasa de endogamia.

El valor de la tasa de endogamia proporciona información sobre:

- ✓ El riesgo de depresión endogámica
- ✓ La disminución de la diversidad genética (y, por lo tanto, menor capacidad de adaptación de los animales en respuesta a cambios en el entorno).

La tasa de endogamia por generación se puede calcular retrospectivamente, si se compara la tasa de endogamia promedio en la generación actual, comparada con la de la generación anterior, en relación con lo que queda a 100% consanguíneas:

$$\Delta F = (F_{t+1} - F_t) / (1 - F_t)$$

Por ejemplo, si el nivel promedio de endogamia en la generación 5 es del 3,5 %, y en la generación 6, es 3.9 %, entonces la tasa de endogamia es  $(0,039 - 0,035) / (1 - 0,035) = 0,0041 = 0,41\%$ . Si usted quiere hacer los cálculos en%, entonces se resta  $F_t$  de 100 en vez de 1.

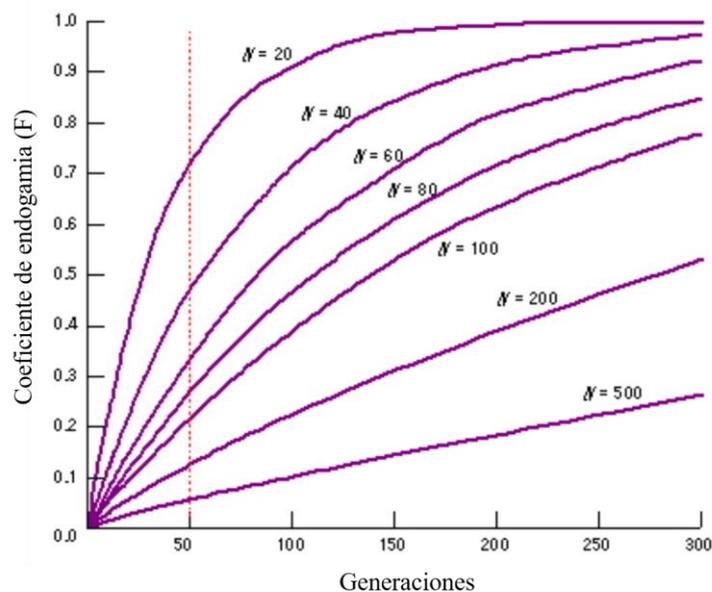


Figura 9. Relación entre el cambio no lineal en el nivel de endogamia a través de las generaciones en una población y el tamaño poblacional (N). Reproducido, con autorización, de McDonald, B.A. 2004. Reproductive/Mating systems. In: Population Genetics of Plant Pathogens. The Plant Health Instructor. doi:10.1094/PHI-A-2004-0524-01.

Si sólo se considera una sola generación, resulta una buena aproximación considerar entonces la diferencia entre ambas generaciones. Sin embargo, para las evaluaciones a través de múltiples generaciones es más exacto dividir por cuánto resta para completar la endogamia. Esto se debe a que el aumento del nivel de consanguinidad a través de las generaciones no es lineal. El máximo nivel de consanguinidad es 1 (completamente consanguíneo) y no es posible un mayor aumento en poblaciones de animales vertebrados.

Un aumento de la consanguinidad nivel indica un aumento en la probabilidad de que un animal se convierta en homocigota para un locus en el genoma. Puedes imaginar que cuanto más endogámico se vuelve un animal, menor será la probabilidad de en la descendencia los loci restantes se vuelvan heterocigotas, debido al cruzamiento con un animal emparentado.

Estos animales emparentados son endogámicos, y por lo tanto homocigotas para una proporción de sus loci. La descendencia también será homocigota para esos loci, aunque esto no se corresponde con un aumento en la homocigosis, porque ambos padres ya eran homocigóticos. Por supuesto, los descendientes son todavía muy consanguíneos, el nivel de endogamia está aumentando en cada generación hasta que todos los animales se vuelvan completamente

endogámicos. Sin embargo, la velocidad a la que esto ocurre, relativo a endogamia completa, disminuye cuando los niveles medios de endogamia son elevados. En la figura 9 se puede ver la relación entre el nivel de endogamia promedio en una población a través de generaciones y el tamaño de poblacional, suponiendo que ocurren apareamientos al azar entre los individuos. Obviamente, el nivel de endogamia está aumentando mucho más rápido en poblaciones pequeñas.

La línea punteada roja indica que, para estas poblaciones reducidas, es correcto asumir un incremento lineal en el nivel de endogamia para las primeras generaciones desde que se fundó la población. En realidad, la población ya existía por varias generaciones previamente, de modo que el valor inicial del coeficiente de endogamia en la primera generación a considerar es no es cero (0). Teniendo esto en cuenta, es acertado, en todas las poblaciones, expresar la tasa de endogamia relativo a cuanto falta para ser completamente endogámico.

### **Definición**

La **tasa de endogamia** expresa el aumento medio en el nivel de endogamia en una población de una generación a la siguiente.

Debido a que este aumento es no lineal, la tasa de endogamia se expresa en relativo a cuanto apartada está la población de alcanzar por completo la endogamia.

Por ejemplo, si el nivel promedio endogamia en una población es 0.23, y fue 0,21 en la generación anterior, entonces la tasa de endogamia es  $(0.23 - 0.21) / (1 - 0.21) = 0.0253$ . Esto es más que  $0,23 - 0,21 = 0,02$ , lo que demuestra que, si no se tiene en cuenta que el incremento es del tipo no lineal, se podría estar subestimando el cálculo de la tasa de endogamia.

## **12. Capítulo 6.13: tasa de consanguinidad y el tamaño de la población activa**

La tasa de endogamia depende del tamaño de la población. Es importante darse cuenta de que esto se refiere a la *población reproductivamente activa*, y no el tamaño total de la población. Para ser capaz de predecir la tasa de endogamia en la siguiente generación, se necesita conocer cuántos machos y hembras participan de los apareamientos. En la figura 10 se puede observar la relación entre el tamaño de la población y la tasa de endogamia en una población equilibrada reproductivamente, esto significa, igual número de machos que de hembras. La tasa de endogamia aumenta muy rápidamente con la disminución de tamaño de la población, cuando el tamaño de la población cae por debajo de 50. Por lo tanto, cuando se utilizan como progenitores 25 machos y 25 hembras para la próxima generación, y que se aparean al azar.

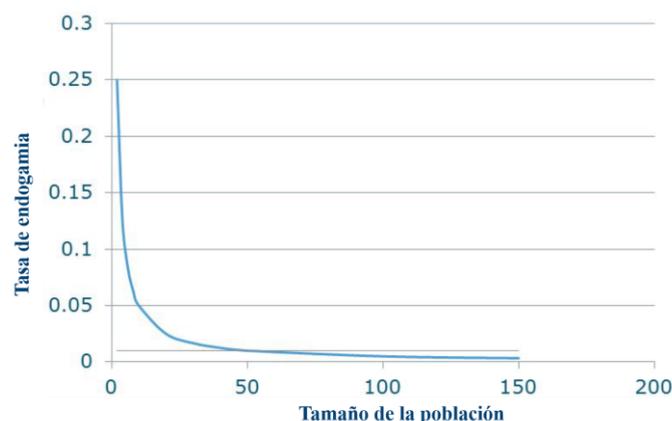


Figura 10. Relación entre el tamaño de la población y la tasa de endogamia en una situación en la cual está equilibrada la población reproductivamente activa: igual número de machos que de hembras.

El hecho de que los animales se apareen al azar es sumamente esencial en este tipo de casos, debido a que los apareamientos no aleatorios pueden alterar la tasa de endogamia. Después de todo, un animal es consanguíneo, sí, y sólo sí, sus padres están emparentados. Así que, para evitar la endogamia, se puede tratar de aparear animales no emparentados. Esto funciona, pero es sólo una solución temporal. Eventualmente, todos los animales se tienen algún tipo de parentesco, y ya no es posible evitar el apareamiento de animales emparentados. La tasa de endogamia volverá a ser la misma que cuando se aplicaban los apareamientos al azar. Las consecuencias de la endogamia se posponen, no se evitan. Esto se ilustra en la figura 11b.

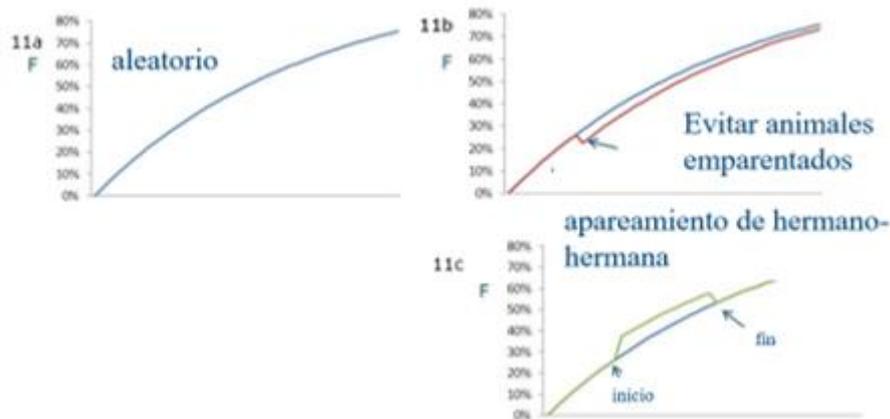


Figura 11. La Figura 11a ilustra el aumento de la consanguinidad a través de las generaciones cuando se aplica apareamiento al azar. La figura 11b ilustra el efecto de evitar aparear animales emparentados. El nivel de endogamia cae inmediatamente, pero se acerca lentamente a la situación inicial realizando apareamientos aleatorios nuevamente. En la figura 11c se ilustra el aumento de la endogamia debido al apareamiento a propósito de animales emparentados. Este efecto se puede revertir volviendo nuevamente al esquema de apareamientos aleatorios.

### Sistemas de apareamiento y endogamia

Es posible también llevar a cabo la práctica de la endogamia a propósito. Por ejemplo, mediante el apareamiento de padre e hija, y luego también, con su nieta. Esto se conoce como endogamia en línea (*line breeding*). Algunos criadores la practican porque quieren fijar alelos positivos de un macho considerado superior. En teoría, esto no es una mala idea. La endogamia aumenta la homocigosis, de modo que incluye también los alelos positivos. Desafortunadamente, hay dos razones principales para evitar la consanguinidad. En primer lugar, con la endogamia en línea (*line breeding*) los animales se vuelven consanguíneos, y, por lo tanto, homocigotas, para muchos, y eventualmente, todos los alelos, del ancestro considerado superior. Sin embargo, no todos estos alelos son igualmente deseables. Ese ancestro podría ser portador de un número de desórdenes recesivos que pueden tornarse homocigotas en la descendencia endogámica. El animal superior no padece de estos desórdenes porque es heterocigota, pero su descendencia, endogámica, y, por lo tanto, homocigota, sí la/s padecerá.

En segundo lugar, la endogamia en línea (como cualquier método de endogamia) provoca efectos graves, disminuyendo la variación genética de la población, si es aplicada por la mayoría de los criadores. Esto puede tener consecuencias para la capacidad de la población para adaptarse a entornos cambiantes en el futuro. El aumento del nivel de endogamia debido a apareamientos dirigidos puede revertirse si se abandonan estas restricciones de apareamiento endogámicas, y se introduce el apareamiento al azar. Este efecto se ilustra en la Figura 11c.

Los ejemplos de la Figura 11 muestran que la tasa de endogamia en el largo plazo depende de la relación genética aditiva media entre los animales en la población. Se puede tratar de evitar la endogamia o aumentar la endogamia mediante el ajuste de las estrategias de apareamiento.

Sin embargo, al final la tasa de consanguinidad será determinada por el grado de parentesco genético promedio de los animales.

Entonces:

*La tasa de endogamia depende grado de parentesco genético promedio de los animales. Puede disminuirse temporalmente si se evita el apareamiento de animales emparentados, o aumentada, si se aparean a propósito animales emparentados.*

### 13. Capítulo 6.14: Predicción de la tasa de endogamia

Hasta ahora hemos evaluado la tasa de endogamia en retrospectiva. Sin embargo, como proporciona información del aumento previsto de la depresión endogámica, sería deseable poder predecir la tasa de endogamia en las siguientes generaciones. Predecir el futuro exacto no es posible, pero se puede hacer una aproximación. Una fórmula simple para tener una idea sobre el efecto de las decisiones de selección con respecto al número de animales es:

$$\Delta F = \frac{1}{8N_m} + \frac{1}{8N_f}$$

En otras palabras, si se conoce el número de machos y hembras que se utilizarán, se puede predecir cuál será la tasa de endogamia. Por supuesto, la tasa exacta de endogamia dependerá de las relaciones genéticas entre los animales, y esto no se tiene en cuenta en esta fórmula. Y como hemos visto en las figuras 5 y 6, la tasa de endogamia depende del tamaño poblacional, más que en la estrategia de apareamiento. Esta fórmula le proporcionará una aproximación, asumiendo que estos números representan el tamaño de la población, y además, asumiendo la ausencia de selección y tamaños poblacionales extremadamente grandes o reducidos, en relación al tamaño de otras familias.

#### Por ejemplo:

*Asumimos que tenemos una población de 3000 individuos. De estos, sólo 30 machos y 200 hembras participan de los apareamientos. Cada hembra produce 10 descendientes. ¿Cuál es la tasa de endogamia de esta población?*

**Respuesta:** aunque la población es de 3000 animales, solo 320 participan de los apareamientos: 20 machos y 300 hembras. Con estos datos, se complete la fórmula, resulta en una tasa de endogamia del 0,67 %.

$$\Delta F = \frac{1}{8 * 20} + \frac{1}{8 * 300} = 0,0067 = \mathbf{0,67 \%}$$

Así, si 20 machos y 300 hembras, es decir, 320 animales reproductivamente activos, se aparean, la tasa de endogamia es de 0,67 %. ¿Cambiaría este resultado si cambia la proporción de machos y hembras de estos 320 animales? Inténtalo tú mismo. ¿Y si usas 160 machos y 160 hembras? ¿Y si usas 2 machos y 318 hembras? Descubrirás que cuanto más sesgada la proporción de machos sobre hembras, mayor es la tasa de endogamia.

¿Qué hay de tamaño de la población? ¿Importa? ¿Qué pasa si se usa sólo un macho y una sola hembra? ¿Y cómo sería el cambio en la tasa de endogamia si se desea aumentar ese número a 10 machos y 10 hembras? ¿O 100 machos y 100 hembras? Descubrirás que en las poblaciones en las que la proporción de animales reproductivos es baja, la tasa de consanguinidad no puede ser controlada, aunque se iguale el número de machos y de hembras.

Hasta ahora hemos supuesto que el tamaño de la familia, y, por lo tanto, número de crías por familia, es idéntico en todas las familias. Esto no ocurre en la vida real. La tasa de

consanguinidad está más influenciada por las familias más numerosas, ya que son las que aportan más individuos a las siguientes generaciones. También hemos asumido que el tamaño de la población permanece constante a través de las generaciones. En la vida real esto no siempre es así. Las poblaciones pueden disminuir de tamaño, debido a, por ejemplo, disminución de la popularidad o un brote de la enfermedad. Ellos pueden aumentar de tamaño debido a, por ejemplo, un aumento en la popularidad, o a una mortalidad menor a la prevista.

Entonces:

*La tasa de endogamia depende de una combinación de:*

- ✓ *Proporción de machos y hembras reproductivamente activos*
- ✓ *Número de machos y hembras reproductivamente activos*
- ✓ *Variación en el tamaño familiar*
- ✓ *Fluctuaciones en el tamaño poblacional*

#### **Ejemplo:** tasa de endogamia en Friesian Holstein

*Aunque la población de ganado Holstein Friesian es muy grande, también lo es la relación genética aditiva de estos animales. Debido al uso de la IA (Inseminación Artificial), el número de crías por semental a menudo es muy grande. Y algunos sementales se utilizan mucho más que otros, lo que resulta en un tamaño de familia muy desigual. Aunque los Holstein Friesians alrededor del mundo están emparentados, hay algún grado de subpoblación en los diferentes países. En Dinamarca, por ejemplo, se estima que la tasa de endogamia es del 1%, en Irlanda del 0,7% y en los Estados Unidos del 1,3%. Estos son valores muy altos, considerando el hecho de que se utilizan millones de vacas, y sólo unos cientos de toros están disponibles. Sin embargo, sólo un número limitado de ellos se utiliza como semental en un número muy alto de vacas. Esta es una clara ejemplo del efecto del tamaño de familia muy desigual (algunos toros se usan mucho más que otros) en la tasa de endogamia.*

#### **14. Capítulo 6.15: ¿Qué tasa de endogamia es aceptable?**

La tasa de consanguinidad proporciona una indicación del incremento de problemas esperado debido al aumento de la homocigosis. Proporciona una indicación del riesgo de que aparezcan problemas. Tomar el riesgo significa que puede mejorar o que puede incluso peor. Como regla general, la FAO aconseja restringir la tasa de endogamia a 1% como máximo, preferentemente por debajo de 0,5 %. Una tasa de endogamia de 1% indica que el aumento de la homocigosis será de 1% por generación. Pero no hay nadie que pueda predecir los problemas consecuencia de la homocigosis. Debido a que no todos los genes tienen igual efecto, ni tampoco todos los alelos de un gen.

El consejo de la FAO está relacionado con la gestión de riesgos, y no de seguros. Una tasa de consanguinidad por encima de 1% aumenta el riesgo de que la población en el largo plazo no sobreviva.

Suponiendo apareamientos equilibrados, una tasa de consanguinidad del 1% significa que al menos 25 machos y 25 hembras son necesarios. Del mismo modo, una tasa de consanguinidad de 0,5% significa 50 machos y 50 hembras. Si se aplica apareamientos no equilibrados, el número de machos y hembras deben ser elegidos de tal manera que la tasa de endogamia se limita a menos de 1 % (o 0.5) %. Dependiendo de las especies animales, esta será una opción realista o no. Las consecuencias debido al número de animales necesarios para realizar los apareamientos son esenciales a la hora de tener en cuenta la planificación del plan de mejoramiento.

Entonces:

*La FAO sugiere limitar la tasa de endogamia a valores de 0,5-1 %.  
Es esencial en el manejo de las poblaciones usar un número suficiente de animales en los apareamientos.*

#### **15. Capítulo 6.16: Las cuestiones clave sobre la diversidad genética y la consanguinidad**

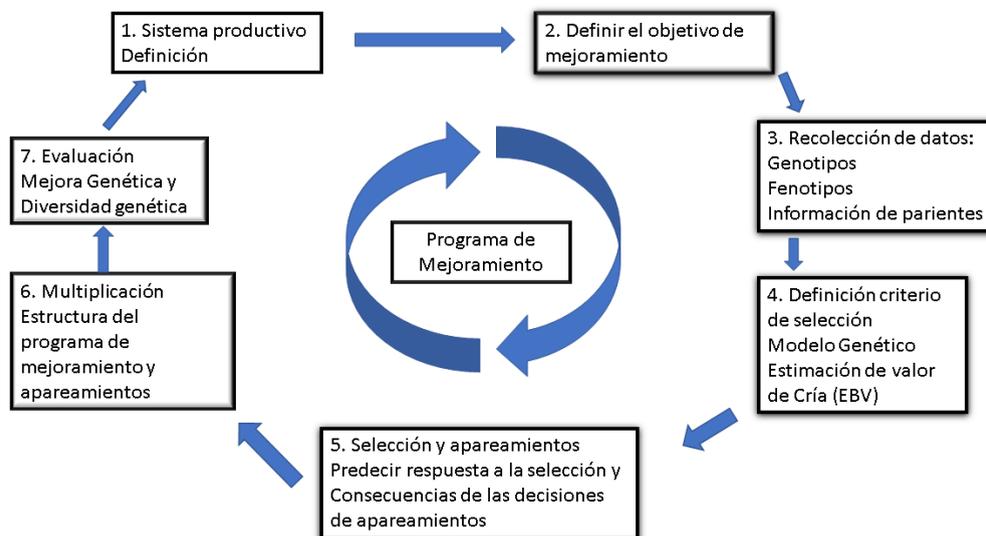
1. La diversidad genética representa la presencia de diferencias genéticas entre animales de una misma especie, tanto entre como dentro de las poblaciones.
2. La diversidad genética es importante para mantener la flexibilidad en una población, para prevenir la depresión endogámica, para evitar aumento de la frecuencia de los animales que sufren trastornos recesivos monogénicos.
3. La diversidad genética se ve influenciada por la deriva genética y la endogamia, la selección, la migración, y la mutación.
4. La endogamia indica la probabilidad de que un animal reciba el mismo alelo de ambos padres porque están emparentados.
5. La relación genética aditiva es una estimación de la proporción de alelos que dos individuos tienen en común, ya que están emparentados. La relación genética aditiva real puede diferir de la estimada debido al muestro mendeliano.
6. Los coeficientes de endogamia y las relaciones genéticas aditivas sólo son informativos dependiendo el número de generaciones del pedigrí que se consideran mínimos (5).
7. La tasa de consanguinidad no es lineal y se expresa como el aumento en el nivel de endogamia promedio en una población de una generación a la siguiente.
8. La tasa de endogamia depende de una combinación de la proporción de machos sobre hembras, la variación en el tamaño de la familia, y la fluctuación en el tamaño de la población.
9. La FAO aconseja limitar la tasa de endogamia a 0,5 a 1%.

## **Capítulo 7:** La herencia de rasgos monogénicos

## **Tabla de contenido**

- 1 Capítulo 7.1 Cálculo de frecuencias de los alelos
- 2 Capítulo 7.2 Equilibrio de Hardy y Weinberg
- 3 Capítulo 7.3 Los efectos aleatorios en los apareamientos
- 4 Capítulo 7.4 Genes con grandes efectos (positivos)
  - 4.1 Capítulo 7.4.1 genes de color en los rumiantes
  - 4.2 Capítulo 7.4.2 Genes de color en cerdos
  - 4.3 Capítulo 7.4.3 Genes de color en caballos
  - 4.4 Capítulo 7.4.4 Los colores del pelaje en los perros
  - 4.5 Capítulo 7.4.5 Los genes de color en las aves de corral
- 5 Capítulo 7.5 Aspectos de rasgos monogénicos con efectos negativos
- 6 Capítulo 7.6 Testeo de padres con rasgos monogénicos cuando no hay marcadores genéticos disponibles
- 7 Capítulo 7.7 El valor de los marcadores genéticos en la prueba genética para los defectos de los padres
- 8 Capítulo 7.8 Eliminación de alelos recesivos para defectos genéticos con marcadores genéticos
- 9 Capítulo 7.9 Aspectos críticos de la herencia de rasgos monogénicos

Como hemos aprendido antes, los rasgos de los animales pueden estar determinados por efectos de varios genes (poligénicos) o de sólo uno (monogénicos). Podemos seleccionar animales para los rasgos poligénicos sobre la base de los valores genéticos estimados como se explica en el capítulo anterior. Los ejemplos de rasgos monogénicos son: el color de los animales, el enanismo, la musculatura extrema, malformaciones o alteraciones graves de salud. Los alelos que determinan la expresión de rasgos monogénicos pueden ser dominante, intermedio o recesivo. Para los alelos de rasgos monogénicos, pueden ser calculadas las frecuencias alélicas. Las características de los rasgos monogénicos se explicarán en primer lugar, a continuación, se discutirán los aspectos del mejoramiento animal de rasgos monogénicos con efectos positivos deseados y, finalmente, se pondrá de relieve la forma monogénica con efectos negativos no deseados (defectos genéticos) y como se pueden manejar en programas de mejoramiento. La razón para prestar mucha atención a los rasgos monogénicos es que muchos están determinados por alelos recesivos / dominante. Entonces es imposible distinguir heterocigotos de portadores homocigotos de los alelos dominantes. Entonces no se puede determinar el valor genético de todos los animales para tales rasgos monogénicos. Eso es un problema, si nos ocupamos de los aspectos positivos o negativos de los alelos.



### Características o rasgos monogénicos

Para repetir brevemente: los loci para un rasgo monogénico pueden contener alelos idénticos: en ese caso el animal es homocigota para este rasgo. Se transmitió o heredó un alelo igual del padre y de la madre. Un loci también puede contener dos alelos diferentes: el animal es heterocigota para este rasgo. Heredó un alelo del padre y uno distinto de la madre. Homocigotas implica que todos los descendientes de un animal homocigota obtendrán un alelo similar de este animal y en los heterocigóticos implica que la descendencia recibe cualquiera de los dos alelos con una probabilidad del 50%. En los animales heterocigotas podemos tener una herencia intermedia (el valor para el rasgo de los heterocigotas es un valor intermedio de las dos formas homocigotas) o con dominancia / recesividad. Entonces los animales heterocigotos no se pueden distinguir de las homocigotas dominantes en base a sus fenotipos; son iguales en fenotipo.

## 1. Capítulo 7.1 Cálculo de frecuencias alélicas

En una población de animales podemos calcular las frecuencias alélicas y las frecuencias genotípicas para un rasgo monogénico. Esto es de utilidad cuando se tiene un animal con alelos conocidos para un cierto rasgo monogénico y que desea calcular la probabilidad de encontrar otro animal (para el apareamiento) con un genotipo deseado para este rasgo.

Supongamos que un carácter monogénico tiene dos alelos Z y z. Entonces los animales tendrán uno de los tres genotipos posibles:

Z / Z,

Z / z ó

z / z.

Ejemplo: en una población de 630 animales, hay 375 animales con el genotipo Z / Z, 218 con el genotipo Z / z y 37 con el genotipo z / z.

La frecuencia de los tres genotipos en la población es:

Z/Z:  $375/630 = 0,595$ ;

Z/z:  $218/630 = 0,346$  y

z/z:  $37/630 = 0,059$ .

Las frecuencias alélicas se pueden calcular como sigue: animales Z / Z tienen 2 alelos Z; Z / z animales tienen 1 sólo Z alelo dominante y los z / z tienen 0 alelos Z.

Así, la frecuencia del alelo Z es:  $0,595 + 0,5 * 0,346 = 0,768$ .

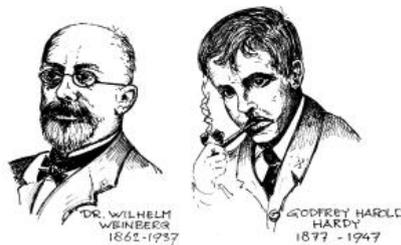
Los Z / animales z tienen 1 z alelo y los z / z animales tienen dos alelos z.

Así, la frecuencia del alelo z es:  $0,5 * 0,346 + 0,059 = 0,232$ .

En la genética de poblaciones la frecuencia de alelos se denomina la frecuencia de p y la frecuencia de q. En este caso  $p = 0,768$  y q es igual a 0,232. La suma de p y q es siempre igual a 1 (en este ejemplo:  $0,768 + 0,232$ ).

## 2. Capítulo 7.2 Hardy y Weinberg

Las frecuencias de los genotipos y de los alelos tienen una relación. Cuando se conocen las frecuencias de los alelos, las frecuencias genotípicas pueden ser calculadas. Esta relación se conoce en la genética de poblaciones como ley de Hardy Weinberg. Esta ley es válida en una población estable (por ejemplo, sin migración) a través de generaciones. En una población tan estable el equilibrio de Hardy y Weinberg está en juego.



**Equilibrio de Hardy - Weinberg.** El equilibrio de Hardy y Weinberg implica que, en grandes poblaciones con apareamiento aleatorio entre los padres, en ausencia de selección, migración, mutación y deriva génica, el genotipo y las frecuencias alélicas son constantes (no cambian de generación en generación) y las frecuencias de los genotipos se pueden calcular a partir de las frecuencias de los alelos.

El equilibrio de Hardy y Weinberg indica la estabilidad de una población a través de generaciones. La frecuencia del genotipo  $Z / Z = p \times p = p^2$ , porque se originan de una combinación de células de espermatozoide y ovocitos que llevan ambas el alelo Z, cada uno con una frecuencia de p.

La frecuencia de genotipo  $z / z = q \times q = q^2$ , porque se originan a partir de una combinación de células de espermatozoide y ovocitos que llevan el alelo z cada uno con una frecuencia de q.

Se genera el genotipo  $Z / z$  de dos maneras: por la combinación de una célula de espermatozoide con el alelo Z (frecuencia p) y un ovocito con el z alelo (frecuencia q) y por la combinación de una célula de espermatozoide con el z alelo (frecuencia q) y un ovocito con la Z alelo (frecuencia p).

**Por lo tanto, la frecuencia del genotipo  $Z / z = 2 \times p \times q = 2pq$ .**

Tabla 1: Las frecuencias de alelos y genotipos cuando los animales se acoplan en una población en equilibrio de Hardy y Weinberg (apareamientos al azar)

Oocito	Alelo	Frecuencia	Alelo	Frecuencia
Espermatozoide	Z	p	z	q
Alelo	Z		Zz	
Frecuencia		$p^2$		pq
p				
Alelo	Zz		zz	
Frecuencia				$q^2$
p		pq		

Las frecuencias alélicas y genotípicas en una población determinan la proporción de animales con diferentes fenotipos para los rasgos monogénicos. El efecto de la selección para los rasgos deseados monogénicos o en contra de rasgos monogénicos no deseados depende en parte de las frecuencias de los alelos subyacentes. Esa es la razón para prestar atención a las frecuencias alélicas y genotípicas.

En las poblaciones de animales reproductores o cabañas no se hace apareamiento de los padres al azar, sino que los padres son seleccionados para objetivos de mejoramiento. A veces la inmigración de animales y en especial en poblaciones pequeñas, puede causar deriva aleatoria o cambios en las frecuencias de los alelos. Por lo tanto, en la mayoría de las poblaciones reproductoras, la presencia del equilibrio de Hardy y Weinberg es dudosa. Sin embargo, es de ayuda para predecir las frecuencias genotípicas de las frecuencias alélicas conocidas para los rasgos monogénicos que no están bajo la selección.

### 3. Efectos Capítulo 7.3 Efectos al azar en apareamientos

Cuando se conocen los genotipos de los padres, ya sabes los genotipos que se puede esperar en la descendencia. Estas expectativas se basan en las leyes de Mendel, pero debido a los efectos aleatorios, los fenotipos observados pueden diferir de las proporciones esperadas. Por ejemplo, cuando se aparean dos perros, uno de los padres con el genotipo  $Z / Z$  y el otro con  $Z / z$ , se obtendrá una descendencia, donde en promedio el 50% tiene el genotipo  $Z / Z$  y el 50% del genotipo  $Z / z$ .

Sin embargo, en una camada de 4 incluso se puede conseguir 4 cachorros con  $Z / Z$  y/o con  $Z / z$ . La razón es que por la creación de un embrión la posibilidad de que se forme el genotipo  $Z / Z$  es tan grande como para el genotipo  $Z / z$  (cada uno 50%). Esto es una consecuencia del muestreo Mendeliano o combinación al azar de los gametos y en la formación de cada gameta (50% una con Z y 50% otra con z): cada cría recibe el 50% del paquete genético de uno de los padres, pero no se sabe qué mitad.

La posibilidad de la formación de genotipos Z / Z, en una camada de 4, es de  $0,54=0,0625$ . Por lo tanto, todavía es posible calcular la expectativa promedio de los genotipos de la descendencia cuando se aparean dos padres con genotipos conocidos, pero con efectos aleatorios por desviaciones de la expectativa promedio.

#### **4. Capítulo 7.4 Aspectos del mejoramiento en genes con efectos positivos grandes**

La investigación genética molecular aumenta el número de genes con un efecto marcado (genes mayores) o QTLs (locis de caracteres cuantitativos) en la calidad de productos animales y la fertilidad en varias especies.

##### **Gen doble musculatura**

Por ejemplo, en muchas especies (por ejemplo, ganado vacuno, ovejas, cerdos, caballos, perros y seres humanos) se conoce el gen de la miostatina. Este locus tiene un alelo recesivo que en los animales homocigotos da lugar a la músculo patrón doble. Una raza donde la fijación de este alelo se ha producido es la raza bovina belga azul blanca (Belgian Blue). La raza es conocida por dar unas canales pesadas, los músculos gruesos y el alto porcentaje de carne en la canal. Sin embargo, un alto porcentaje de las hembras que son homocigotas para el alelo muscular doble del gen de la miostatina no puede dar a luz de forma natural. Esas crías nacen a través de la cesárea, lo que lleva a una discusión ética grave en muchos países. En otras especies los animales homocigotos para el alelo recesivo del gen de la miostatina dan problemas similares cuando dan nacimientos y se requieren cesáreas.

##### **Genes de las proteínas de la leche**

Otro ejemplo de un gen con un efecto importante conocido se produce en el ganado lechero. En el ganado lechero un número de genes de proteínas de la leche son conocidos a partir del cual los alelos tienen un efecto diferente sobre el rendimiento del queso. Por ejemplo, beta-lacto globulina alelos (gen localizado en el cromosoma 11) tienen un marcado efecto sobre la eficiencia de la producción de queso. Las vacas con el alelo BB son los preferidos por los fabricantes de queso. Los alelos de DGAT1 (gen localizado en el cromosoma 14) influyen en el porcentaje de grasa en la leche y la composición grasa de la leche. El K-alelo aumenta la grasa y el porcentaje de proteína y el rendimiento de la grasa, pero disminuye la cantidad de leche y proteínas. Y muy importante, la composición grasa de la leche de vacas con K-alelos es diferente: producen más ácidos grasos que son considerados a ser menos favorable para la salud humana.

##### **Genes de la calidad de la carne**

En los cerdos el gen halotano (localizado en el cromosoma 6) se sabe que influye en la susceptibilidad al estrés y la calidad de la carne. La investigación está centrada en el cromosoma 6 en cerdos porque también se hallan los genes que influyen en la producción de androsterona en los verracos. La androsterona es responsable de olor a verraco desagradable en la carne de machos enteros. Hasta ahora son castrados para evitar este olor sexual, pero la selección contra el olor sexual es un mejor enfoque para el bienestar de los verracos.

##### **Genes de fertilidad**

En ovinos varios genes se describe que tienen una influencia sobre el tamaño de la camada. Un ejemplo es la del gen Booroola presente en el Merino australiano tiene un marcado efecto: el portador heterocigótico produce un cordero más y el portador homocigoto dos corderos más por camada. Este alelo es ahora también presente en la raza holandesa Texel por cruzamiento merino carneros portadores del alelo con ovejas Texel y retrocruzamiento los cruces con Texel ovejas.

## Genes de color

En todas las especies mucha atención se presta a la herencia del color del pelaje. El color del pelaje es una característica importante en el reconocimiento de las razas. asociaciones de razas a menudo tienen reglas estrictas para el patrón de color requerido. En los animales de compañía y animales utilizados con fines de ocio, los criadores prestan mucha atención a la herencia del color y se reproducen de fenotipos especiales. En el pasado, muchos genes y alelos se describen que están involucrados en la herencia color. En primer lugar, comenzamos a describir unos pocos genes que juegan un papel en el color del pelaje en los rumiantes y, a continuación, mencionamos por especie detalles adicionales.

### 4.1 Capítulo 7.4.1 Genes de color en los rumiantes

En los rumiantes, como en todos los mamíferos, cuatro genes determinan el color del pelaje: el gen de la extensión, el del color Agutí, el gen Ruano y el gen de dilución.

El gen de la extensión determina el color del pigmento de un animal. El alelo dominante “E” es responsable de la producción de eumelanina en células del pelaje de los animales negros y el alelo recesivo “e” para feomelanina responsable del color rojo de los animales. Un tercer alelo es responsable del fenotipo salvaje (rojo con una línea defensiva de luz a lo largo de la columna, ver Fig. 1).

El gen agutí (agouti en inglés) se expresa cuando al menos un alelo salvaje en el locus “E” está presente. Es un ejemplo de epístasis: el genotipo en el locus de extensión determina la expresión de alelos en el locus agutí. Los alelos agutíes dan un patrón de bandas de negro y rojo. (Figura 2)

Un alelo dominante en el locus ruano es responsable de la presencia de pelos blancos y de color unos al lado de otros. Esto conduce a un color gris de los animales.

Los genes de dilución, diluyen el color de base, cuando los animales son homocigotas dominantes para este gen, el color de base es muy claro. En el caso de un animal negro, los animales homocigotos dominantes para el gen de la dilución dan patrones de color gris claro. Los animales heterocigotos tienen patrones de color gris oscuro.

En el ganado bovino, ovino y caprino puntos blancos pueden estar presentes causada por varios loci conocida: el spotting o gen de las manchas blancas, gen blaze (manchas blancas en patrones en la cara) vacas careta, gen belting (faja de color) y gen Bröckling que da manchas oscuras o pigmentadas dentro de las partes blancas del ganado común cuando se cruzan Hereford con Angus. Para más información véase, por ejemplo: The Genetics of cattle, 1999. Editors R. Fries y A. Ruvinsky, y la The genetics of sheep, 1997. Editores L.Piper y A. Ruvinsky y/o <http://easygenes.blogspot.com/>



Figura 1: toro con fenotipo de tipo salvaje

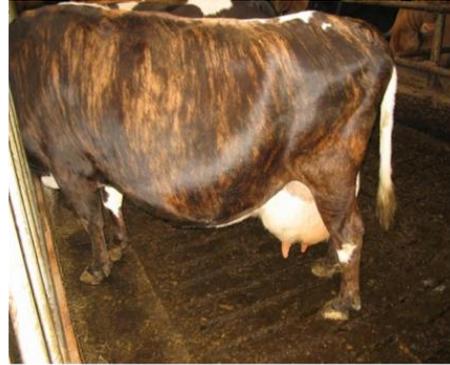


Figura 2: vaca islandés con patrón agutí



Figura 3: Vaca islandesa con el patrón ruano



Figura 4: un ternero blanco grisáceo de la Raza Danish Heath de los Países Bajos (izquierda) y un vaca “Witrik” Holandesa con el patrón de color gris oscuro

#### 4.2 Capítulo 7.4.2 Genes de color en cerdos

En los cerdos también el gen de extensión, agutí, ruano y el de la dilución determinan el color base. Además, se conocen una gran cantidad de genes, como en los rumiantes, que son motivo de diferentes patrones de color. Un alelo dominante en el locus ruano es responsable de los cerdos blancos completos que tenemos en estos momentos en muchos programas de cría y mejoramiento animal de cerdos comerciales. Para la lectura adicional véase, *The Genetics of the pig*, 1998. Editores: MF Rothschild y A. Ruvinsky.

#### 4.3 Capítulo 7.4.3 Genes de color en los caballos

La herencia del color en los caballos es una historia compleja con al menos 11 genes diferentes implicados. Dos genes son responsables de la herencia de los tres colores básicos: negro, marrón y castaño. El primer gen es el gen de extensión que determina el pigmento negro o rojo. El segundo gen es el gen Agutí que cambia pigmento negro en marrón. El E-alelo del gen de extensión es dominante y, por tanto, un caballo necesita solamente un E-alelo a ser de color negro. El A-alelo del gen Agutí también es dominante: un A-alelo es suficiente para cambiar el color negro en color marrón. Este resultado en el siguiente esquema para las combinaciones de los alelos de estos dos genes, A y E:

Color básico	Genotipo (E)	Genotipo (A)	Posibles combinaciones
<b>Oscuro/negro</b>	EE of Ee	aa	EEaa Eeaa
<b>Pardo</b>	EE of Ee	AA of Aa	EEAA EEAa EeAA EeAa
<b>Marrón</b>	ee	AA of Aa of aa	eeAA eeAa eeaa

Para mayor información ver: *The genetics of the horse*, 2000. en los bolos y A. Ruvinsky

#### 4.4 Capítulo 7.4.4 Los colores del pelaje en los perros

En los perros hay otro alelo como el del locus de extensión que es dominante sobre el alelo E y que es el alelo E (m), causando una máscara de negro en la cabeza. Además, hay un e alelo recesivo, que en los homocigotas recesivos causa colores brillantes, claros como amarillo claro o rojo. Brown o Marrón es el locus para la dilución de eumelanina y es un rasgo recesivo. En los animales bb homocigotos, la eumelanina diluirá con un color hígado, marrón o chocolate. Pero al aparecer un sólo alelo B presente el efecto desaparece. El proceso de dilución es también una epístasis recesiva que dependiendo de dos alelos, D y d. que cuando el locus es homocigótico para el alelo d, la dilución es causando que el color negro se convertirá en azul (gris pizarra). La dilución sólo tiene un efecto sobre la eumelanina, esto difiere de ganado y caballos. En los genotipos DD y DD no hay efecto epistático de dilución.

El gen chinchilla es capaz de diluir la feomelanina. CC o CC son necesarios para formar la tirosinasa, que es una enzima esencial para la producción de melanina. Cuando el animal es homocigota recesivo cc, el animal es incapaz de producir pigmento y será un albino. El alelo del gen chinchilla “c<sup>ch</sup>”, hace que se desvanezca las partes marrones más claro del agutí e himalayo o *brindle* aún más claro, a casi blanco, pero no afecta a la eumelanina. Por ende, da el fenotipo blanco extendido, pero con nariz, pies, ojos y labios oscuros (no albino). Más información: *The Genetics of the dog*, 2012. Editores: EAOstrander y A. Ruvinsky.

#### 4.5 Capítulo 7.4.5 Genes de color en las aves de corral

En la cría y mejoramiento animal de aves de corral, especialmente en los criadores aficionados, se han producido un espectro muy amplio de colores del plumaje. El locus de extensión tiene una gran cantidad de alelos con diferente expresión. También se sabe que los loci principales del color del plumaje interactúan entre sí: a menudo está en juego la epístasis. El plumaje blanco es el preferido en el mundo desarrollado debido a que la piel de los cadáveres y patas blancas. En Asia se prefieren las pieles de la canal negro, en especial por las patas. Una aplicación comercial de la herencia del color de plumaje se practica en la producción de la capa donde se descartan los gallos (el gen barrado, gen ligado al sexo). Un locus ligado al sexo para el color del plumaje (barrado) da la oportunidad de distinguir en el primer día de vida, si el pollito bebé es un macho o una hembra. (recordar que el sexo heterogamético es el femenino ZW, y el masculino es ZZ) Al cruzar un Macho liso heterocigota con una hembra que lleva solo un alelo barrado, da origen a machos y hembras que se distinguen a simple vista por el plumaje. Los pollitos bebé hembras son solo lisas y los machos so solo barrado amarillos con un penacho oscuro en la cabeza

Para la lectura adicional véase, por ejemplo <http://kippenjungle.nl/Overzicht.htm#kippengenen> esta es un sitio web bilingüe (holandés e Inglés) que también proporcionan conocimientos sobre la capa de color herencia de otras especies.

En español puede visitar: <https://genmoleculare.com/genetica-del-sexo>, que es un blog de genética, donde hay varios ejemplos de este gen y otros genes ligados al sexo y otros ejemplos de epístasis como los explicados en la <https://genmoleculare.com/mecanismos-de-interaccion-genica/>

## 5 Capítulo 7.5 Mejoramiento de aspectos de rasgos monogénicos con efectos negativos

En la cría y mejoramiento animal de animales de todas las especies y en todas las razas, los defectos genéticos causados por mutaciones requieren una atención continua. Debido a mutaciones durante la meiosis cada individuo (incluso los machos) esas mutaciones pueden llevar efectos negativos. Cuando un alelo mutado es dominante, tendrá un efecto visible o medible en el portador y en el homocigota no es viable o no debería ser utilizado para la cría y mejoramiento animal. De esta forma, el alelo mutado no será extendido en la población: va a ser purgado.

Pero cuando un alelo mutado es recesivo, no tendrá un efecto para el portador y este no será reconocido. Cuando el portador se utiliza ampliamente para la cría y mejoramiento animal, se propagará en la población. El efecto del alelo mutado será reconocido muchas generaciones más tarde, cuando, a menudo por accidente, cuando dos descendientes del portador se aparean entre ellos. Luego, habrá una probabilidad de 25% de que nazcan homocigotos del alelo mutado. Puede que no sea viable o malformado, o que sufra de un problema de salud grave temprano o más tarde en la vida.

En los animales se conocen una gran cantidad de malformaciones y disfunciones. No todos ellos tienen un origen genético. Para determinar la base genética es muy recomendable documentarlas a través de fotos a todas las malformaciones y disfunciones y analizar regularmente la población para evaluar sus frecuencias. Un aumento en las mismas, podría demostrar que un determinado padre o ancestro de las generaciones pasadas, dio más de una descendencia con un defecto. Esa es la primera señal de que la deformación es un defecto genético. Por especie se conocen muchos defectos genéticos:

Tabla 2: Trastornos genéticos registrados, defectos genéticos de cada especie en una encuesta mundial

[Genetic defects: http://omia.angis.org.au/home/](http://omia.angis.org.au/home/)



### Summary

	dog	cattle	cat	sheep	pig	horse	chicken	goat	rabbit	Japanese quail	golden hamster	Other	TOTAL
Total traits/disorders	580	397	302	214	214	206	190	72	58	41	40	463	2777
Mendelian trait/disorder	223	145	75	88	45	40	114	13	28	31	28	146	976
Mendelian trait/disorder; key mutation known	154	78	40	32	18	29	36	9	7	9	3	58	473
Potential models for human disease	296	142	165	82	77	108	41	28	37	11	14	229	1230

Los animales homocigóticos que sufren de defectos genéticos monogénicas aparecen en las poblaciones cuando en el pasado un toro ha dado un gran número de descendientes, mucho más grande que los otros toros utilizados al mismo tiempo. Este hecho se ilustra en la figura 5 a continuación:

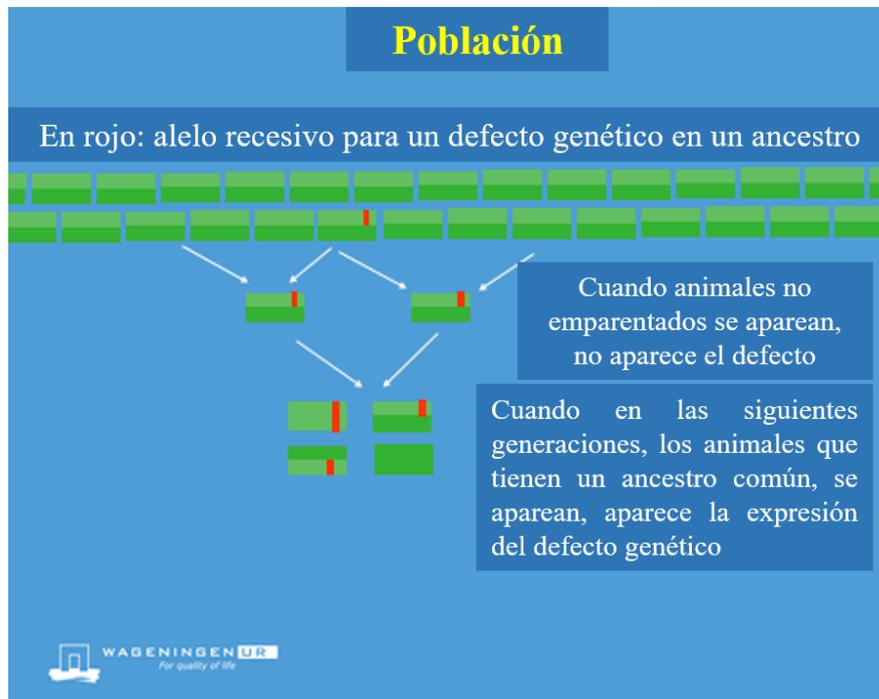


Figura 5: Un alelo recesivo en un antepasado común es homocigoto para un defecto genético en una generación más tarde, cuando se aparearon los animales relacionadas con este antepasado común.

*A partir de este hecho, se puede aprender que en la cría y mejoramiento animal de animales no es prudente para crear un gran número de descendientes de un padre seleccionado. En poblaciones bien controlados esto puede ser realizado con facilidad, pero en las poblaciones menos controladas esto es muy complejo. Una premisa importante para respetar es que cada padre en una generación debería producir menos de 5% de los animales en la población subsiguiente.*

Por lo tanto, si todos los individuos que llevan alelos de defectos genéticos son portadores, será imposible descartar todos estos alelos en una población. Y una vez que un alelo se extiende en una población que es posible reducir su frecuencia a un nivel bajo, pero sin marcadores genéticos que nunca se puede descartar completamente.

Incluso con una frecuencia del alelo muy baja (por ejemplo, 0,05) para el defecto genético, todavía se tiene una frecuencia esperada de heterocigotas o portadores muy elevada según el equilibrio de Hardy y Weinberg:  $2pq = 2 * 0,95 * 0,05 = 0,10$  o sea de un 10% de portadores en este ejemplo en la población.

## 6 Capítulo 7.6 Testeado de los rasgos monogénicos cuando no hay marcadores genéticos disponibles

En genética molecular muchos loci de rasgos cualitativos (monogénicos) se detectan y los alelos están caracterizados. Esto último se ha traducido en una gran cantidad de marcadores genéticos disponibles para el ensayo de la presencia de alelos para los rasgos de animales seleccionados para la cría y mejoramiento animal. Pero a menudo un marcador genético no está disponible. En ausencia de test genéticos, se tienen que

realizar apareamientos de “prueba”.

Suponga que desea aparear a su perra marrón, con un macho negro y quiere saber cuál va a ser la oportunidad de obtener cachorros negros. Usted sabe que el alelo negro es dominante sobre el alelo marrón. Esto significa que usted quiere saber cuál es la probabilidad de que un macho negro elegido al azar sea heterocigoto. En la raza pura la frecuencia de los alelos del alelo marrón es 0,1 y para el alelo negro 0,9. Esto significa que (suponiendo que la población está en equilibrio de Hardy Weinberg) que la fracción de animales negros homocigotos es:  $0,9^2=0,81$  y la fracción de los animales heterocigotos es  $2 * 0,9 * 0,1 = 0,18$ .

Por lo que la posibilidad de que un macho negro sea heterocigoto es de  $0,18 / (0,81 + 0,18) = 0,18$ . Aproximadamente 1 de cada 5 machos de raza, son negros heterocigotos y darán 50% negro y 50% de los cachorros marrones cuando se apareen con su perra marrón.

En el ganado holandesa de “Groningen Blaarkop” la frecuencia del alelo dominante de pelaje brillante es de 0.95. El alelo homocigótico recesivo resulta en un animal manchado (no deseado). ¿Cómo podemos saber con una precisión del 95% de que un padre es homocigoto para el alelo brillante uniforme? Así, con una incertidumbre de 5% Ud. desea obtener la respuesta. La mejor manera es cruzar el toro con las vacas de leche Friesian (Holando) manchadas. Un toro homocigoto obtendrá 100% descendencia con el patrón de brillante en la cruz con los animales manchados. ¿Cuántos apareamientos de prueba se tienen que realizar? Cada ternero nacido de un cruzamiento de prueba tiene una probabilidad de 0,5 a ser manchado, cuando el padre es heterocigoto. Con dos terneros la oportunidad es  $0,5 * 0,5 = 0,25$  (es multiplicada). Con 5 terneros la oportunidad es  $0,5^5=0,0325$  y menor que 0,05. O sea que, con menos de 0,05 incertidumbre, se deberían realizar 5 apareamientos de prueba con éxito. Así, el número de crías necesaria depende de las frecuencias alélicas en la población y la precisión requerida o la incertidumbre de la prueba.

## **7. Capítulo 7.7 El valor de marcadores genéticos en la prueba de los padres para defectos genéticos**

Hoy en día para muchos de los rasgos monogénicos, existen marcadores genéticos están disponibles. Muchos de estos marcadores genéticos no están poniendo a prueba directamente la presencia del alelo responsable para el rasgo monogénico. Están estableciendo la presencia de una pieza variable del ADN no funcional, cerca del locus del alelo funcional. Estos marcadores genéticos son extremadamente valiosos para detectar animales heterocigotos, o portadores de alelos recesivos. Se denominan VNTRs ó número variable de repeticiones en tándem.

Pero estos marcadores tienen siempre el riesgo de que, a través de efectos de recombinación en la meiosis entre el marcador y el locus de los rasgos monogénicos, se cambie la relación entre el marcador y el alelo funcional.

Por lo tanto, una vez que se detecta un marcador genético estrechamente ligado al alelo recesivo funcional en un cromosoma, la relación entre el marcador y el alelo, debe controlarse periódicamente en las generaciones futuras. Cuanto más cerca esté el marcador del alelo funcional, menor es la posibilidad de recombinación y mayor será la precisión del marcador genético (ligamiento total distancia 0 o parcial, distancia mayor a 0).

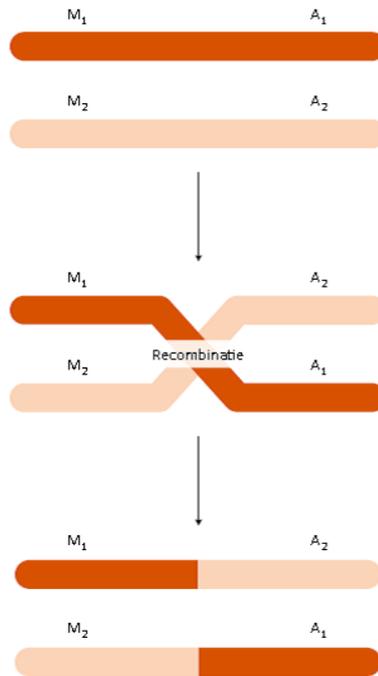


Figura 6: La recombinación altera la relación entre el marcador M<sub>1</sub> y el alelo A<sub>1</sub> y entre el marcador M<sub>2</sub> y un alelo 2.

## 8. Capítulo 7.8 Eliminación de alelos recesivos para defectos genéticos usando marcadores genéticos

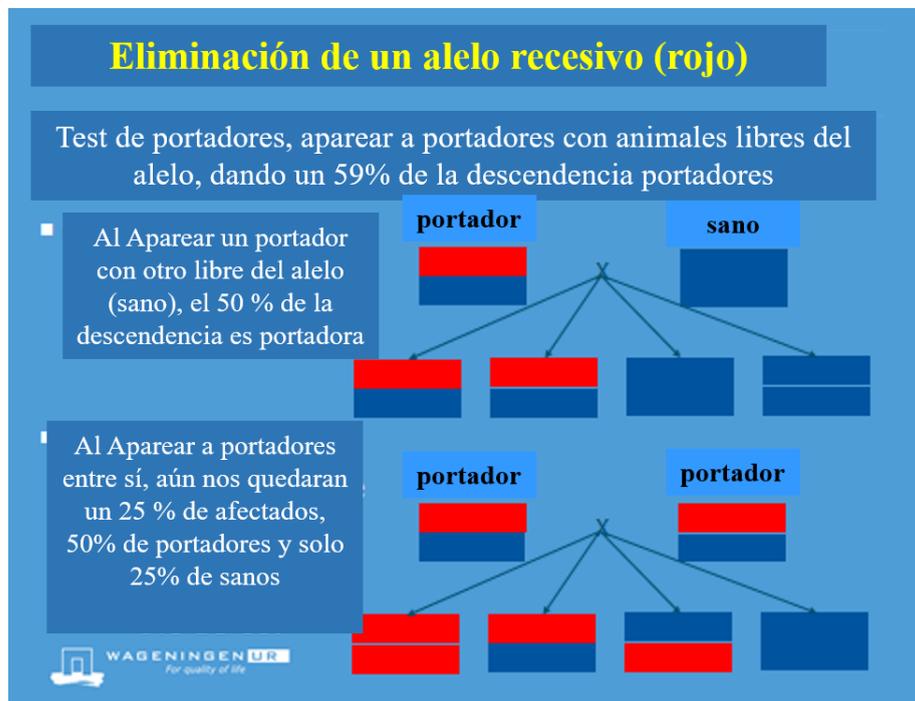
Como hemos visto antes, muchos defectos genéticos en los animales se pueden deber a los rasgos recesivos monogénicos. Los genetistas moleculares han puesto un gran énfasis en tratar de desarrollar marcadores genéticos para tales alelos recesivos no deseados, responsables de defectos genéticos. Los marcadores moleculares dan la oportunidad de detectar los portadores heterocigotos del defecto que no es visible en el fenotipo.

Tan pronto como los primeros marcadores genéticos se comenzaron a desarrollar, las asociaciones de criadores de razas disponibles, comenzaron a usarlos y comenzaron a eliminar los animales heterocigotos de sus rodeos para cría. Sin embargo, es un trabajo difícil de eliminar totalmente el alelo “malo” en la población. Se requiere de pruebas de todos los animales, y es a menudo demasiado costoso.

A veces, por ejemplo, en razas de ovejas holandesas se han realizado pruebas moleculares para la susceptibilidad scrapie (tembladera), y la eliminación de los toros homocigotos y heterocigotos con los alelos “susceptible” de la cría, daría lugar a la limitación drástica del número de los machos carneros para la cría. Los carneros restantes aprobados con los alelos deseados, estaban altamente emparentados entre sí y se darían lugar a un enorme aumento de la endogamia en las generaciones posteriores.

Por lo tanto, como en el caso de la tembladera, las frecuencias de los alelos de los defectos genéticos pueden ser más bien alta. Entonces la mejor manera es poner a prueba todos los animales considerados para la cría y mejoramiento animal con el marcador genético. El uso de los portadores heterocigotos está restringido: sólo se acoplan a los animales libres. La descendencia de tales apareamientos consiste en 50% de los portadores que serán excluidos posteriormente del programa de cría y mejoramiento animal. Sólo se permitirá la descendencia libre de participar en el programa de cría y mejoramiento animal. Esta forma de eliminación asegura que existe una

amplia variación genética en la población se mantenga y la relación genética aditiva promedio no aumenta debido a la eliminación de los defectos. Esta estrategia para eliminar a un alelo recesivo para un defecto genético en una población con la ayuda de marcadores genéticos, se describe a continuación en la figura 7:



A veces, cuando el defecto genético se ha propagado en gran medida, como fue el caso de la susceptibilidad tembladera en algunas razas de ovejas en los Países Bajos, puede existir la necesidad de aparear incluso a los portadores. Luego 25% la descendencia libre (homocigotas) y puede ser utilizada para la cría adicional, pero también 25% de la descendencia se verá afectada por el defecto. Este último es problemático cuando el defecto tiene serias implicaciones para la salud y el bienestar del animal afectado. Entonces, en este caso, no se debe aplicar.

## 9. Capítulo 7.9 Aspectos clave de la herencia de rasgos monogénicos

1. Un animal puede ser homocigota para un rasgo monogénico (tiene el mismo alelo de su padre y de su madre) o heterocigota (que tiene un alelo de un tipo de su padre y uno diferente de su madre).
2. En la expresión de rasgos monogénicos, los animales pueden tener fenotipo dominante completo, intermedio o recesivo. El genotipo heterocigótico tiene un valor igual a uno de los genotipos homocigotos en el caso de la dominancia completa, o la suma de ambos fenotipos en la codominancia, o el valor medio de ambos genotipos homocigotos (dominancia incompleta).
3. El equilibrio de Hardy y Weinberg implica que en las grandes poblaciones con apareamiento al azar entre los padres, y en ausencia de la selección, la migración, la mutación y la deriva al azar, el genotipo y frecuencias de los alelos son constantes (no cambian de generación en generación) y la frecuencias de genotipo pueden calcularse a partir de las frecuencias alélicas.
4. Cuando se conocen los genotipos de los padres se sabe que proporciones se pueden esperar de genotipos en la descendencia. Estas expectativas se basan en las leyes de Mendel, pero debido a los efectos aleatorios, el mundo real puede diferir de las expectativas.

5. En todas las especies de una gran cantidad de rasgos deseados o rasgos monogénicos con un gran efecto positivo son conocidos: por ejemplo, genes del color y los genes que afectan a la calidad de los productos de origen animal.
6. En todas las especies se conocen muchos de los rasgos monogénicos no deseados. A menudo se producen por alelos recesivos y causa defectos genéticos cuando los animales son homocigotas.
7. El alelo de un defecto genético será extendido en la población cuando se utiliza el portador ampliamente en la reproducción y reaparecerá cuando en las generaciones posteriores animales con parentesco aditivo con los portadores se apareen.
8. Los marcadores genéticos de un defecto genético recesivo son muy valiosos en la selección contra los portadores heterocigotas del alelo para el defecto. Un requisito previo es que el marcador genético está posicionado cerca del alelo recesivo (ligado), de lo contrario la recombinación puede modificar la relación entre el marcador y el alelo.
9. La mejor estrategia para disminuir la frecuencia del alelo recesivo para el defecto es poner a prueba la descendencia de los portadores con el marcador genético para seleccionar y solo en las siguientes generaciones a los animales que no llevan el alelo (libres).