Información

Además del coste, otro de los inconvenientes de esta técnica en ovino, es que los marcadores genéticos son absolutamente diferentes en cada una de las razas de producción. Por ello, son sólo válidos para individuos estrechamente relacionados con los animales muestreados en la población de referencia, siendo tanto peor cuanto más alejado sea el parentesco. Así, los resultados de unas razas no pueden aplicarse en otras, por lo que cada asociación necesita contar con su propia población de referencia, lo que multiplica los costes. Además, y dado que las asociaciones entre marcadores y genes responsables del rendimiento se van rompiendo a través de las generaciones, será preciso actualizar el efecto de los mismos definiendo una nueva población de referencia cada cierto tiempo.

La selección genómica no implica por tanto la desaparición de las actividades que se llevan a cabo en la actualidad en los programas de selección. Es necesario seguir manteniendo el control lechero y la valoración genética BLUP de los animales, ya que la población de referencia debe ser redefinida de forma periódica. De igual forma, la genealogía debe ser mantenida por razones similares. Finalmente, los centros de inseminación artificial, las inseminaciones y la selección de reproductores son necesarios para la repetición de los estudios de asociación entre el marcador y el gen como consecuencia de la recombinación genética. Sin embargo, sí que se podría reducir el número de animales que estén en CLO, ya que no sería necesario controlar a todo el censo de una raza.

LA GENÓMICA EN LA RAZA MANCHEGA

Las asociaciones españolas de ovino lechero están evaluando la posibilidad de innovar la valoración genética tradicional de sus animales, incorporando la selección genómica. Los técnicos encargados de la mejora genética de las cinco razas más importantes de ovino lechero en España (Assaf, Churra, Lacaune, Latxa y Manchega) se reunieron hace unos meses con el propósito de intercambiar opiniones acerca de la posibilidad de realizar valoraciones genómicas en estas razas, teniendo en cuenta las limitaciones de medios económicos con que se cuenta actualmente.

Como ya se ha comentado, el máximo inconveniente con el que se están encontrando las asociaciones en la actualidad es

el elevado coste que tiene aplicar el proceso. Esta herramienta obliga a identificar una población de referencia de unos 2.000 a 4.000 animales por raza, lo que multiplica los costes. Actualmente los chips de 50 Kb (permite localizar 50.000 SNPs), los más habituales en el mercado, tienen un precio de unos 78 €, a lo que hay que añadir un coste adicional de 15 € de secuenciación en el laboratorio (93 €/animal).

Este alto coste, que hasta la fecha ha hecho inasumible poner en marcha el desarrollo de la genómica, tiene varias soluciones, como el uso inicial de chips más baratos, con una capacidad únicamente de 6 Kb, menos informativos pero que pueden tener interés en el contexto de las actuales técnicas de imputación de genotipos. Otra opción es esperar algún tiempo, hasta que la propia evolución de la tecnología y la entrada de competencia en el sector hagan que el coste del chip se abarate sensiblemente. De hecho, se espera que en un par de años el precio sea bastante más asumible y, por lo tanto, la genómica pueda convertirse en un hecho. Desde las asociaciones se confía en que en un futuro próximo se pueda empezar a utilizar esta herramienta como pieza clave en los programas de mejora.

AGRAMA participa en el Proyecto de Investigación "Búsqueda de un gen mayor para prolificidad en la raza manchega", que utiliza técnicas moleculares y de secuenciación del genoma. Aunque este índice no está incluido como criterio de selección en el Programa de Mejora (leche), si será posible disponer de la información como población de referencia (machos) en la cual se obtengan por un lado los genotipos de los animales (regiones genómicas asociadas a la prolificidad) y por otro, de esos mismos animales, disponer de sus valores genéticos calculados de la forma tradicional (CLO, genealogía..), para asociar ambas informaciones y obtener las fórmulas que predigan los meritos genéticos a partir de los genotipos.

Aunque la era genómica se presenta como un reto prometedor, en la actualidad es preciso todavía aumentar el conocimiento sobre esta metodología en la práctica. Su aplicación como herramienta complementaria a la valoración genética actual traerá con toda seguridad una mayor eficiencia de la respuesta a la selección, pero su aplicación como alternativa a los métodos actuales, está todavía en estudio.



