

Haplotipos Impactando la Fertilidad

Por: Chuck Sattler, Vicepresidente Programas Genéticos Select Sires Inc.

Con la expansión de los conocimientos sobre el genoma bovino, los expertos han pronosticado que por algún tiempo probablemente se descubrirán numerosos defectos genéticos bovinos. Los investigadores de genética humana estiman que cada uno de nosotros llevamos unos cuatro o cinco defectos genéticos. Es razonable esperar que estos existan a un nivel similar en bovinos. Por lo tanto, no debe sorprender que se esté empezando a descubrir alguna información sobre un sinnúmero de nuevas condiciones genéticas en las razas Holstein, Jersey y Pardo Suizo.

¿Qué es un Haplotipo?

Un haplotipo es una porción del cromosoma o del ADN que es transmitido como una unidad de una generación a la siguiente. En este caso, estamos hablando de un grupo de Polimorfismos de Nucleótido Simples (SNPs) o genes sobre un cromosoma que se transmiten juntos. Frecuentemente pensamos en genes o SNPs como unidades individuales, pero los genes que están ubicados uno al lado del otro o al lado de un cromosoma individual, casi siempre son heredados como una sola unidad.

Recientemente, el USDA anunció el descubrimiento de cinco haplotipos que aparentan causar muerte embrionaria cuando estos haplotipos existan en condición homocigótica. Estos fueron descubiertos al estudiar la frecuencia de haplotipos del genotipo de vacas y toros usados para evaluaciones genómicas. Para algunos haplotipos, el USDA no descubrió ningún animal homocigoto. Once de ellos existieron en estado heterocigótico a una frecuencia suficientemente alta como para que fuera altamente probable encontrar algunos individuos homocigóticos. El USDA entonces estudió estos once haplotipos mas detalladamente, analizando las concepciones en las instancias cuando toros heterocigotos fueron utilizados para inseminar hijas de toros heterocigotos. El USDA encontró reducidas tasas de concepción en cinco de estos once haplotipos. Para estos cinco haplotipos, donde no pudieron hallar individuos homocigóticos y se observaron tasas de concepción reducidas en apareamientos específicos, los resultados sugieren que existe algún tipo de defecto genético en esta porción del cromosoma que genera un resultado letal (abortos).

Estas condiciones genéticas no han sido directamente observadas y se desconoce la causa genética o biológica. Debido a ello, se les han asignado nombres sencillos de Haplotipo Holstein 1 (HH1), Haplotipo Holstein 2 (HH2), Haplotipo Holstein 3 (HH3), Haplotipo Jersey 1 (JH1) y Haplotipo Pardo Suizo 1 (BH1).

Pareciera que estos haplotipos tienen un modo recesivo de herencias, donde los animales con una o ninguna copia del haplotipo son completamente normales. Los que heredan dos copias del haplotipo se pierden en estado embrionario, muy tempranamente en la gestación.

El impacto que estos haplotipos tienen sobre la fertilidad, que en gran medida determina su impacto económico, depende de su frecuencia en la población. La tabla de arriba muestra la frecuencia de cada uno de estos haplotipos y su correspondiente impacto sobre la fertilidad. Es importante notar que el impacto negativo de estos haplotipos ya está integrado en las publicaciones de evaluaciones genómicas de Tasa de Concepción del Toro (SCR) y Tasa de Preñez de las Hijas (DPR). Así que, si el ganadero ya está usando estos rasgos en la selección de sus toros para I.A., ya está evitando estas nuevas condiciones genéticas.

El Select Mating Service™ (SMS™) es una excelente herramienta para el manejo de estas condiciones genéticas. Al usar el programa SMS, aquellos hatos con al menos una generación de información de pedigrí, pueden usar toros heterocigotos con casi ninguna probabilidad de pérdida de preñeces debido a esta condición. Los hatos en SMS que siguen las recomendaciones de apareamientos deben seguir usando los toros que mejor transmiten los rasgos deseados en sus hatos, independientemente de su estado para estos nuevos haplotipos.

Recomendación:

Evite hacer apareamientos consanguíneos. La razón principal de esto es reducir la incidencia de condiciones recesivas. Es una buena estrategia para evitar condiciones genéticas tanto conocidas como desconocidas.

