

UNA NUEVA HERRAMIENTA EN LA MEJORA GENÉTICA DEL GANADO OVINO: LA SELECCIÓN GENÓMICA

Jurado García J.J., Jiménez Hernando M. A., Serrano Noreña M.

Dpto. de Mejora Genética Animal. Instituto Nacional y Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Ctra. de la Coruña, Km 7,00 28040 MADRID

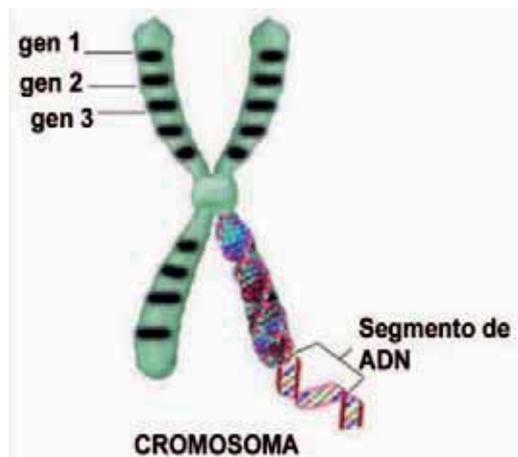
ANTECEDENTES

Desde hace siglos los ganaderos vienen haciendo grandes esfuerzos por mejorar la productividad de sus animales domésticos, base de su alimentación y bienestar. Fue evidente, desde el primer momento, que, como primer paso para obtener mejores rendimientos, era necesario garantizar un nivel adecuado de alimentación, mantener un estado sanitario mínimo y organizar la producción adaptándola a las necesidades temporales de los ganaderos y de los mercados. Además, en el siglo XIX ven la luz los fundamentos de una nueva ciencia que trata de estudiar y comprender la herencia de los caracteres de los animales a su descendencia. A esta nueva ciencia se le dio el nombre de Genética y no tardó en ser visualizada como una nueva forma de mejorar la rentabilidad del ganado.

Desde los primeros tiempos de la domesticación de los animales se viene observando el parecido notable que existe entre unos individuos y su descendencia para determinados caracteres de interés económico. Esta observación empírica condujo a una forma de mejora basada en el parecido entre padres e hijos. Así, los ganaderos dejaban como reproductores aquellos animales que más se ajustaban a sus propósitos, con la esperanza de que sus hijos se parecieran a aquellos de una forma más o menos intensa. No obstante, esto ocurría solo en algunos casos y para determinadas características y el ganadero no podía asegurar que esta estrategia reproductiva le llevara a una mejora generalizada de su ganado. Pese a esta limitación, este tipo de selección, mantenida en el tiempo, fue la que condujo a la formación de las primeras razas de animales domésticos.

La Genética trató de explicar este fenómeno asumiendo que la información que determina todas y cada una de las características de un animal está codificada en unas estructuras internas que se transmiten a los hijos de forma discreta y en igual cantidad del padre y de la madre, siendo así el hijo una mezcla de estructuras paternas y maternas. A estas estructuras se les dio el nombre de "genes". Con estos nuevos conocimientos se explicaron algunos casos muy evidentes, como el color de la capa, presencia o ausencia de cuernos, etc. Estos

Figura 1. Estructura del gen.



Fuente: <http://dimequiensoy.wikispaces.com/03.conceptos>

genes estaban situados en el núcleo de las células, agrupados en unas unidades físicas que se denominaron "cromosomas".

Pronto quedó claro que la herencia de los caracteres de interés económico era mucho más compleja que la determinada por solo unos pocos genes. A principios del siglo XX se propuso un modelo que podía explicar, de una manera adecuada, cómo estos caracteres se heredan de padres a hijos. Se postuló que los caracteres productivos (cantidad de leche, calidad de la leche, peso, crecimiento, etc.) estaban regidos por muchos genes (en un número indeterminado), situados en los cromosomas del animal, en lugares desconocidos y distribuidos más o menos al azar. Se elaboró una metodología estadística compleja que permitía estimar el potencial productivo de cada reproductor, el llamado "valor genético", y se daba por supuesto que cada parental proporcionaba a su hijo la mitad de este valor a través de los genes heredados de cada uno de ellos. Como este valor genético era una estima estadística, no se podía garantizar que el valor genético de un hijo concreto fuera la semisuma del valor genético de los padres, pero sí que lo sería el de la media de un grupo numeroso de hijos. De este modo surge la "prueba de descendencia" ó "testaje de reproductores" que consiste en estimar el valor genético de los reproductores (machos y hembras) en función de la producción de su descendencia.

Hasta finales del siglo XX, la utilización de los genes (Mejora Genética) ha sido una de las formas empleadas para mejorar la productividad de los animales. Es preciso señalar que este tipo





de mejora se añade a las ya citadas al principio y relacionadas con la alimentación, sanidad y manejo. A diferencia de éstas últimas, la mejora genética incide en el mismo animal de forma que la estructura genética del ganado se va modificando con el paso de las generaciones. Los primeros programas de mejora genética en el mundo se organizaron hace más de un siglo y han dado lugar a la mayor parte de las razas altamente productoras explotadas en la actualidad. En España, la mejora genética organizada y con medios técnicos y económicos suficientes arranca en los años 70-80 del pasado siglo (aunque es justo indicar que hubo precedentes notables). En la actualidad se puede decir que todas las razas importantes cuentan con un programa de mejora genética aunque con diferentes grados de éxito.

Grandes han sido los avances que se han conseguido en el conocimiento de la estructura de los genes y de su herencia. En las últimas décadas del siglo pasado estos avances han sido espectaculares, y han conducido a que la genética sea una ciencia muy popular, tanto por sus aspectos positivos como por los negativos. Hoy se sabe que los genes están situados en puntos concretos de los cromosomas y en muchos casos conocemos su secuencia y estructura. Cada día se producen nuevos descubrimientos de genes asociados a alguna característica interesante, tanto en seres humanos como en animales y plantas. En la actualidad se conoce ya la secuencia completa del genoma de muchas especies (humano, ratón, vaca, cerdo, etc.).

La Mejora genética animal no podía permanecer ajena a este tipo de movimiento y pronto empezaron a realizarse estudios de localización de genes asociados a determinadas características productivas de interés económico. La localización concreta de un gen en particular es muy compleja porque la estructura de los genes abarca varias decenas de miles de bases (unidad básica de los cromosomas con cuatro tipos distintos: Adenina (A), Guanina (G), Timina (T) y Citosina (C)) y están situadas de forma consecutiva en los cromosomas, sin ningún tipo de indicación acerca de dónde termina un gen y donde comienza el siguiente. Los primeros trabajos dirigidos a la localización de regiones del genoma que contuvieran genes asociados a características de interés en los animales se basaron en el aprovechamiento de unas estructuras particulares existentes en el genoma, fácilmente identificables y formadas por secuencias repetidas en número variable de un grupo de bases que se conocen como "marcadores genéticos de tipo microsatélite". Estos marcadores están repartidos por todo el genoma y no son responsables en sí mismos de la variabilidad de los caracteres productivos, pero sí pueden estar muy próximos a genes responsables de características de interés, situación de la que se aprovecha la mejora genética. Estos marcadores han sido utilizados con muchos propósitos, siendo el más común el de certificar las paternidades y maternidades de los animales, con lo que los libros genealógicos han ganado mucho en fiabilidad, amen de facilitar la labor a los ganaderos al no necesitar hacer lotes de cubrición. Dichos marcadores también han sido utilizados para tratar de localizar los genes que intervienen en la determinación de los caracteres interesantes. Mediante los llamados "estudios de asociación" se comprueba si la presencia de un determinado marcador en el genoma de un animal está asociada a una mayor producción. Si éste fuera el caso, se podría concluir que el marcador y el gen están próximos entre sí y, aunque no se sabría con seguridad cual es el gen, sí

se podría utilizar su marcador asociado. En otras palabras: un animal con un determinado marcador sería interesante porque llevaría asociado un gen importante para la producción. Por el contrario, la falta de asociación descartaría a ese animal como reproductor. Esta metodología denominada "selección asistida por marcadores" (MAS) suscitó muchas expectativas en el mundo ganadero, pero su aplicación ha sido muy escasa. Las razones de este fracaso pueden ser muchas, pero quizás la más evidente es que los marcadores no son muy numerosos en el genoma y no es frecuente que estén suficientemente próximos a los genes de interés. Sería interesante localizar marcadores más numerosos, distribuidos aleatoriamente en el genoma y con un mayor grado de asociación a genes favorables.

En los últimos años otro tipo de variaciones del genoma se han impuesto como marcadores de selección en la mejora genética. Estos marcadores son cambios de una sola base en la secuencia del genoma por lo que se denominan SNP (del inglés Single Nucleotide Polimorphisms= Cambios de un solo nucleótido). Los SNPs son muy numerosos (del orden de centenares de miles), ampliamente distribuidos por todo el genoma y fáciles de detectar por técnicas analíticas. El propósito de este artículo es presentar la utilización de estos marcadores tipo "SNPs", como una forma de localizar genes asociados que influyan en los caracteres económicos y que en el futuro puedan servir de base para la selección de los reproductores mejorantes de una especie ganadera.

BASES DE LA HERENCIA

Cualquier célula de un ser vivo contiene toda la información necesaria para reconstruir un individuo completo. La razón por la cual tienen distinto aspecto, según el tejido particular que consideremos, es que solamente está activada parte de esta información, justamente la necesaria para diferenciar un tejido de otro. Toda esta información está concentrada en el núcleo de las células, donde hay unas estructuras discretas conocidas como "cromosomas" que se presentan en parejas (cromosomas homólogos). Cada cromosoma contiene dos largas cadenas de ADN (una cadena y su complementaria) cuyos eslabones son las cuatro moléculas anteriormente denominadas "bases" (A, G, T, y C). Estas bases tienen afinidad unas por otras de forma que la A y la T siempre figuran juntas en la cadena de ADN y en su complementaria, y lo mismo sucede con la G y C. Cada cadena de ADN (y su complementaria) pueden llegar a contener decenas de miles de bases (Figura 1). Cada cromosoma está integrado por regiones perfectamente delimitadas, los denominados "genes". Un gen es un fragmento de ADN que contiene la información necesaria para la síntesis de sustancias que se expresarán externamente en el animal como una característica económica interesante. (Figura 1).

Los cromosomas se agrupan en parejas de cromosomas homólogos (Figura 2). En cada cromosoma homólogo existe el mismo gen pero su secuencia de bases puede variar. A estas variantes se las conoce como "alelos". Cada alelo sintetiza una proteína ligeramente diferente a la del otro, y en un gen los dos alelos pueden ser los mismos o diferentes. Cada especie tiene un diferente número de cromosomas de tamaño y forma diversos (por ejemplo, la especie ovina consta de 54 parejas de cromosomas).

La información concentrada en los cromosomas se manifiesta



ta porque cada gen es responsable de la síntesis de una proteína concreta. De esta forma los genes de un individuo crean todas las proteínas necesarias para que las células puedan vivir, reproducirse y adoptar un papel concreto en el organismo animal. El ADN indica a la célula que proteína debe sintetizar en cada momento de su vida con el fin de especializarla en un cometido concreto. La forma de cómo se usa la información contenida en el ADN se resume así: cada conjunto de tres bases codifica un aminoácido concreto, de forma que, una cierta longitud de ADN puede codificar varios cientos de aminoácidos que unidos darán lugar a una proteína. La cantidad de información de ADN necesaria para construir una proteína completa es lo que constituye el gen. La situación del gen en el genoma de cada animal no sigue ninguna regla conocida y puede estar ubicado en cualquier posición dentro de cualquier cromosoma.

Los genes se transmiten de célula a célula en el momento de la reproducción celular conocida como mitosis. Durante este proceso, una célula se divide en dos idénticas. No obstante, existe un mecanismo especial que da lugar a células con la mitad del ADN (aunque no necesariamente con la mitad de la información), y está relacionado con las células germinales (espermatozoides en machos y óvulos en hembras). La fusión de ambos tipos de células de diferentes individuos reconstruye una célula completa (embrión) a partir de la cual se desarrolla un nuevo individuo descendiente de los dos anteriores. Este mecanismo especial conocido como meiosis tiene la particularidad de que los hijos no son exactamente iguales a los padres, ya que las células germinales que se fusionan pueden contener información algo diferente. Esta diferencia entre padres e hijos es la base de la selección genética que, básicamente, consiste en reproducir unos padres con características interesantes y elegir descendientes mejores que a su vez se reproducirán para dar lugar a otra generación filial.

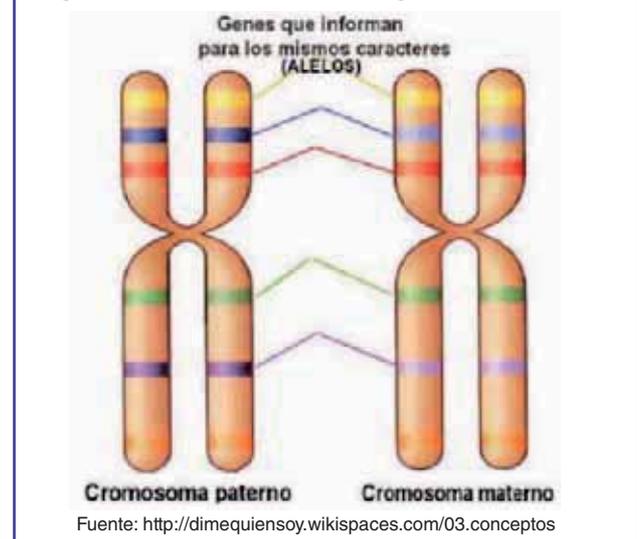
La mejora genética animal consiste en seleccionar unos reproductores que presentan producciones adecuadas según un objetivo, reproducirlos y elegir entre sus descendientes aquellos que sean mejores que sus progenitores. Es decir, que la descendencia de un par de reproductores nos proporciona un abanico de hijos de diverso mérito entre los cuales se elige a los que serán los futuros reproductores. Por tanto, la elección de los reproductores se convierte en la base del progreso genético.

¿QUÉ ES LA SELECCIÓN GENÓMICA?

La selección genómica es una forma particular de elegir los reproductores que darán lugar a la siguiente generación, basada en el conocimiento de los genes de los animales y no sólo en su producción y genealogía.

La mejora genética animal clásica pretende averiguar los genes que contiene un animal usando, para ello, sus producciones y su genealogía (valoración genética de los reproductores). Los programas de mejora de especies ganaderas de aptitud lechera, en los que solo en las hembras es posible medir el carácter, se basan, fundamentalmente, en las pruebas de progenie de machos, valorados a través de los registros fenotípicos de sus hijas recogidos en el control lechero, y ampliamente distribuidas entre los rebaños adscritos al programa de mejora genética. Este sistema permite la máxima difusión de la mejora genética por medio de "los machos mejorantes" (machos con elevado y preciso valor genético para el carácter objeto de selección),

Figura 2. Cromosomas Homólogos de una célula.



sobre todo cuando el esquema cuenta con un centro de inseminación artificial que permite una amplia difusión de la genética de dichos sementales.

Existen diversas técnicas estadísticas que tratan la información recogida en el control lechero y en la genealogía y asignan a cada reproductor una estima de su valor genético (metodología BLUP). Este valor genético es global, es una medida de la calidad general de los genes y, en ningún momento, pretende profundizar acerca de qué genes intervienen en la producción, ni en qué cromosomas están, ni qué alelos están presentes en cada gen. Este valor permite ordenar por mérito genético a los reproductores y elegir los mejor situados, que serán utilizados masivamente en la población. Como toda estimación estadística, esta metodología conlleva un cierto grado de error, ya que la información de las producciones es limitada, está sometida a errores relacionados con su medición y está influenciada por los factores ambientales. Además, la selección de los reproductores basada en esta metodología implica un coste elevado derivado de las pruebas de descendencia y de la necesidad de disponer de un mayor tiempo para aplicarla (amplio intervalo generacional).

La selección genómica surge para obviar los inconvenientes de la selección clásica. Además de incrementar la precisión de la prueba de progenie y disminuir el intervalo generacional es, económicamente, mucho más interesante, pues aunque la inversión inicial es alta, a largo plazo el beneficio para el ganadero será mayor. La selección genómica pretende elegir los reproductores mediante el conocimiento, más o menos certero, de los genes concretos que intervienen en la producción. En este caso, la valoración genómica consiste en descomponer la valoración genética estimada por BLUP de un animal en partes atribuibles a los genes que integran el carácter. Esto requiere, en líneas generales, conocer primero que genes intervienen en la determinación de cada carácter y a continuación determinar los alelos que posee cada reproductor. Aquellos animales que posean los alelos más favorables serán designados como reproductores. Esta forma de selección no está sometida a las vicisitudes de la calidad de los datos de las producciones y genealogía, y obtiene directamente un "valor genómico" del animal con mucho menos error.

Las ventajas de la selección genómica frente a la selección



clásica son:

- La elección de los reproductores es más precisa.
- La selección se puede llevar a cabo en edades mucho más tempranas de la vida de los animales, ya que la extracción de sangre se puede efectuar incluso en animales recién nacidos.
- Permite la evaluación genética en caracteres difíciles o costosos de medir, pues en realidad no hay que medir nada.
- La respuesta genética esperada es mayor, por el aumento de la precisión con la que se estima el mérito genético de los animales y la disminución del intervalo generacional.
- Es posible diferenciar entre individuos emparentados y candidatos a la selección. Es particularmente importante en el caso de hermanos completo que en la selección clásica se aborda desde la elección aleatoria de uno de ellos.

¿CÓMO FUNCIONA LA SELECCIÓN GENÓMICA?

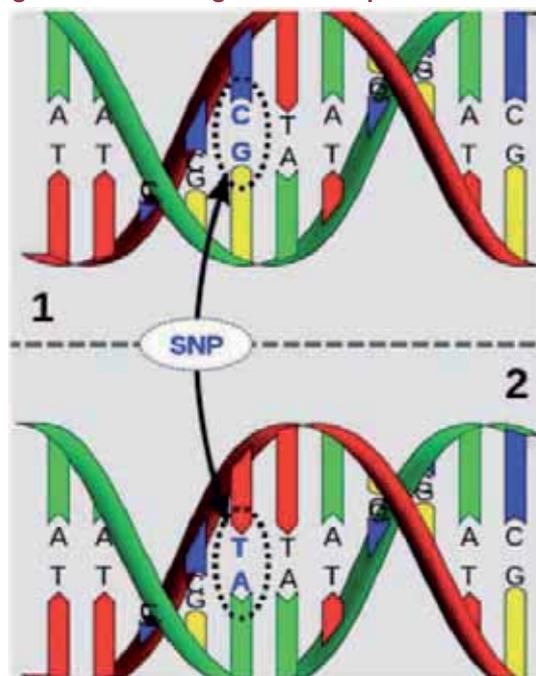
La localización exacta de todos y cada uno de los genes que intervienen en la determinación del valor genético de los animales para un carácter concreto es una tarea que actualmente es inabordable. Por lo general se ignora cuantos genes son en total, en qué cromosomas están situados y la relación entre ellos. Además se ignora el número de alelos posibles en cada gen y la frecuencia con la que están presentes en la población.

La selección genómica aborda la localización de los genes dentro del genoma de una forma indirecta. No trata de localizar el gen en sí mismo sino que busca un marcador o indicador asociado más o menos estrechamente al gen que nos sugiera cuál es el alelo que posee un animal en cada cromosoma. Por tanto, el proceso de selección genómica implica el análisis de marcadores en una población representativa de la raza o población que se está evaluando (población de referencia) y en la que se miden los caracteres de interés económico para los que se quiere realizar la evaluación genómica. Los marcadores deben ser relativamente fáciles de localizar mediante técnicas moleculares y deben estar físicamente lo más cercanos posible al gen en cuestión. El grado de asociación gen-marcador está muy relacionado con la distancia física que separa a ambos (frecuencia de recombinación). Cuando un gen responsable de un carácter está asociado estrechamente con un marcador genético concreto, su presencia en el genoma de un animal será evidencia de que ese animal lleva también el gen asociado.

La localización de marcadores asociados a genes de interés despertó una gran expectación en el mundo de la Mejora Genética Animal y pronto se pusieron en marcha numerosos programas de investigación con este propósito. Sin embargo y tras varios años de búsqueda, quedó claro que la detección de estos marcadores no es fácil, seguramente debido a que no son muy abundantes o están alejados de los genes de interés. En todo caso se han buscado vías alternativas para poder aplicar la selección genómica.

Tal y como se comentó anteriormente, en el genoma de los animales se pueden localizar marcadores denominados SNPs (Polimorfismo de Nucleótido Simple) que son variaciones en la secuencia de ADN que afecta a una sola base. Estos marcadores se encuentran distribuidos de forma aleatoria por todo el genoma de modo que todos los genes están flanqueados por uno o varios SNPs (Figura 3). Recientemente se han puesto a punto técnicas analíticas de fácil uso que permiten localizar unos cuantos miles y hasta un millón de SNPs y que se limitan

Figura 3. Marcador genético de tipo SNP.



Fuente: http://es.wikipedia.org/wiki/Polimorfismo_de_nucle%C3%B3tido_simple

al uso de unos chips previamente diseñados que se pueden adquirir en el mercado. El tamaño más normal utilizado en Mejora Genética Animal es de 50 Kb (50.000 SNPs) aunque ya están saliendo al mercado chips de 800 Kb que aumentan su fiabilidad y llegan a genotipar hasta 800.000 SNPs, con lo que el análisis genómico es mucho más complejo. Mediante un sangrado de los animales (muestra de ADN) y utilizando el chip comercial se pueden localizar los marcadores genómicos (tipaje del animal).

Si se cuenta con varios miles de marcadores tipo SNPs distribuidos más o menos aleatoriamente por todo el genoma, seguramente habrá algunos asociados a los genes del carácter de interés y otros (la mayoría) que no lo estarán. Se trata ahora de determinar cuáles son los que están más asociados. Los análisis de asociación se realizan de forma que para cada uno de los marcadores genéticos se determina su efecto sobre el carácter. Una vez estimados los efectos de los marcadores se pueden predecir los valores genómicos en animales de la misma raza o población que hayan sido genotipados pero que no tienen registros fenotípicos. Aquellos marcadores que estén presentes en todos los animales que presenten el carácter interesante serán los asociados a alelos favorables al carácter. Por el contrario, los marcadores presentes en animales menos interesantes nos indicarán una asociación irrelevante.

¿CÓMO SE APLICA LA SELECCIÓN GENÓMICA?

La aplicación de la selección genómica a un programa de mejora genética consta de dos fases bien diferenciadas:

A) Determinación de los marcadores asociados al carácter de interés económico que se desea mejorar. Consiste en estimar los efectos de los marcadores genéticos contenidos en el chip comercial en un grupo de individuos de los que se dispone de registros fenotípicos del carácter productivo objeto de selección (valor genómico). A este grupo de individuos genotipados se



denomina POBLACIÓN DE REFERENCIA.

B) Determinación del contenido de estos marcadores en los animales candidatos a reproductores. Consiste en utilizar las estimas obtenidas para predecir el valor genómico mejorante de otro grupo de individuos genotipados de los que no se dispone de registros fenotípicos del carácter. A este grupo de individuos se le denomina POBLACIÓN EVALUADA

En la primera fase es necesario localizar un número mínimo de animales de la población (1.000-2.000) que cumpla una serie de condiciones:

1º.- Animales vivos para poder extraer ADN o que tengan ADN conservado de una extracción previa.

2º.- Animales con valor genético conocido para el carácter de interés con una fiabilidad alta. Obviamente este valor genético ha sido obtenido previamente por métodos clásicos (testaje de reproductores y metodología BLUP).

3º.- Animales que sean representativos de la población.

4º.- Animales que pertenezcan a la misma raza. Los marcadores asociados a los genes de interés pueden ser diferentes según la raza.

Sobre estos animales se aplican las técnicas analíticas para averiguar las bases concretas del SNP. Un estudio de asociación indicará qué marcadores están más asociados a los genes que regulan el carácter económico. Además informará acerca de qué bases concretas aparecen en los animales altamente productores y cuales en los menos productores. Esta fase es la más importante ya que marcará los criterios que se deben seguir para averiguar si un animal debe ser utilizado como reproductor o ser desechado para este fin. Requiere unos recursos económicos y de gestión considerables, centrados en la adquisición de los chips y en su utilización por personal especializado. La segunda fase es la selección genómica en sí misma. Consiste en aplicar el chip a los candidatos a reproductores y seleccionarlos en función de los SNPs selectos y su contenido.

La mecánica descrita, sin embargo, conlleva algunos interrogantes que aún no han sido resueltos. Se debe determinar cuál es la mejor forma de cuantificar el efecto de los SNPs, la densidad óptima de los SNPs en el chip, el tamaño de la población de referencia y de la población evaluada, la relación entre población de referencia y población evaluada, qué hacer con los animales sin genotipo conocido, como implementar el conocimiento de valor genómico a los programas de mejora genética, etc.

APLICACIÓN DE LA SELECCIÓN GENÓMICA EN GANADO OVINO

La aplicación de la selección genómica en ganado ovino ha resultado escasa hasta este momento debido, entre otras causas, a la elevada inversión inicial necesaria para su puesta en marcha. Para hacer selección genómica se necesitan ciertas condiciones iniciales que se cumplen muy bien, por ejemplo, en el ganado vacuno de leche (elevada cantidad de información acumulada y prueba genética fiable de muchos toros gracias a la valoración genética internacional, alta fertilidad de la inseminación artificial, adecuada proporción entre el precio de un semental y el coste del chip de SNPs etc.) y que por el contrario resultan factores limitantes en el ganado ovino.

Hasta ahora, en este campo y en ganado ovino, se han desarrollado investigaciones relacionadas con caracteres de

producción de carne y lana en Australia y Nueva Zelanda. También se han obtenido algunos resultados relacionados con la producción de leche en las razas Lacaune y Manech en Francia y en la raza Churra en España. La experiencia más avanzada en ganado ovino de leche es la iniciada en Francia con la raza Lacaune y Manech que constituyeron una población de referencia en el año 2011 con más de 3.000 machos de inseminación artificial. Los resultados obtenidos en esta experiencia ponen de manifiesto la importancia de la estructura genética de la población de referencia, el incremento de la precisión de la valoración genética de machos en su primer año de vida (aumento del 18 al 25% según el carácter lechero analizado), y la mayor capacidad predictiva al aplicar la selección genómica frente al método BLUP convencional. Sin embargo, la ganancia genética adicional y las ventajas económicas esperadas al aplicar la selección genómica al ganado ovino de leche son, en estos momentos, inferiores a las obtenidas en vacuno de leche debido al inferior intervalo generacional de la especie y al menor coste de mantenimiento de los sementales en prueba.

La utilización en ovino de leche de esta nueva técnica supone un desarrollo tecnológico muy importante para un sector como el ovino. La elevada inversión inicial derivada de la puesta a punto y uso de la selección genómica (genotipado de la población de referencia, precios actuales de los chips elevados etc.) viene justificada por los beneficios esperados y relacionados con la precisión de la selección y la disminución del intervalo generacional (lo que implica una ganancia en respuesta a la selección para los caracteres de interés) y el incremento del beneficio económico de las explotaciones comerciales.

Actualmente, las asociaciones españolas de ovino lechero se están planteando la posibilidad de incorporar la selección genómica a la valoración genética tradicional. Uno de los principales inconvenientes con los que se encuentran es el alto coste del proceso (inversión inicial elevada), tal y como se ha comentado anteriormente, lo que les está llevando a la búsqueda de diversas fuentes de financiación. En este sentido, se han planteado la posibilidad de acceder a algunas de las ayudas que ofrecen los organismos públicos, como por ejemplo la ayuda ofertada en el Plan de Fomento de la Innovación en la producción ganadera del Ministerio de Agricultura.

No obstante, a pesar de las ventajas y buenas expectativas de futuro que presenta esta nueva técnica de selección genética, es necesario aún demostrar su aplicabilidad y su rentabilidad económica en el ganado ovino.

Para completar toda esta información debemos hacer hincapié en el hecho de que la selección genómica no elimina ninguna de las actividades que se llevan a cabo en la actualidad en los programas de selección que hemos llamado "clásicos". 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 sensiblemente el número de animales que estén en control lechero, ya que no sería necesario controlar a todo el censo de una raza.

