



SE ENCUENTRAN GENES DE RESISTENCIA A ENFERMEDADES EN UNA PARTE DEL ADN DE LAS AVES DOMÉSTICAS

Según un estudio realizado por la Universidad de Wageningen -Países Bajos-, en colaboración con la empresa Hendrix Genetics, una zona del ADN de las aves explica una gran diferencia en la posible resistencia a las enfermedades.

La investigación ha encontrado que esta región de ADN contiene, entre otros, un sensor importante para activar el sistema inmunitario, lo que podría explicar porqué algunas aves enferman y otra no. Este descubrimiento permitirá a las empresas de genética seccionar aves con una mayor resistencia a las enfermedades, dando como resultado un menor uso de antibióticos y un mayor bienestar.



El foco del descubrimiento, los anticuerpos naturales NAb

En las granjas, cuando un organismo patógeno alcanza a un ave, sus anticuerpos naturales lo atacan, pero los mismos sólo se crean después de que el animal se ha infectado. Sin embargo, aparte de estos anticuerpos, que son fruto de una acción-reacción, se ha descubierto que un ave sana, sin exposición previa a un patógeno, también tiene anticuerpos naturales -Nab- capaces de inhibir y prevenir más infecciones, pero también advierten y activan otras partes del sistema inmunológico. De esta manera, los estudios muestran resultados prometedores: unos niveles más altos de NAb en las aves están asociados con una mayor probabilidad de sobrevivir y al ser hereditarios podrían transmitirse a la descendencia.

Para entender mejor qué parte del ADN contribuye a la variación heredable, los investigadores de la Universidad de Wageningen y de Hendrix Genetics analizaron el genoma completo de más de 1.600 aves. Tom Berghof, investigador principal de este estudio, explica que han usado la diferencia genética en el genoma completo para identificar regiones de ADN que se hallan con mayor frecuencia en aves con niveles altos de NAb. Así, una región tuvo un efecto muy grande en el nivel NAb que evidenció más del 60% de la variación genética observada, dentro de la cual un gen candidato podría, eventualmente, ser identificado. Berghof detalla que "la región contenía algunos genes y como

es muy difícil identificar la diferencia en el nivel de ADN que explica la diferencia en el nivel NAb, lo más probable es que se deba al gen Toll-like 1ª -TLR1A-, que sería el principal candidato".

El TLR1A es miembro de una parte importante del sistema inmunitario, que reconoce estructuras comunes en patógenos, pudiendo detectar ciertas características de una bacteria o virus. Por ello, Berghof dice que estos sensores tienen una función muy amplia, ya que en los seres humanos la mutación genética en los TLR se ha asociado con un aumento o disminución del riesgo de enfermedades y, al parecer, con las aves actúan de la misma manera, pero con una nueva asociación con NAb, independiente de la especie.

Gracias a este estudio se podrán seleccionar unas aves para aumentar la resistencia a las enfermedades, seleccionando esta región de ADN específica. Frans van Sambeek, director de I+D de Hendrix Genetics Layers, dice que "actualmente estamos investigando cómo podemos aplicar estos hallazgos en los programas de reproducción de líneas de pura raza y en este momento estamos ejecutando tres experiencias de campo con ponedoras con niveles NAb altos o bajos, monitoreando la habitabilidad y la producción de estas gallinas". Además, se prevén planes para investigar el sensor TLR1A. "Tenemos buenas indicaciones de que TLR1A es nuestro candidato, pero esto aún debe ser probado", dice Berghof. •