

Las claves genéticas del pavo de Navidad

Su ADN será clave en la investigación de enfermedades como la gripe aviar

MIGUEL G. CORRAL / Madrid
En España, el pavo no es uno de los protagonistas de los manteles. Pero en Estados Unidos supone la cuarta mayor fuente de proteínas, tras la ternera, el cerdo y el pollo y por delante del cordero o el pescado. ¿Quién no conserva en la memoria las copiosas cenas de Navidad o del Día de Acción de Gracias de multitud de películas norteamericanas?

Ahora, un consorcio científico internacional acaba de descifrar el genoma de este animal, lo que podría, según los autores, revolucionar el sector de la producción de pavo (*Meleagris gallopavo*) y mejorar el conocimiento del modo de

transmisión de enfermedades como la gripe aviar.

El trabajo, publicado hoy en la revista científica *PLoS Biology* y en el que han participado dos investigadores del Centro de Regulación Genómica de Barcelona, ha analizado cerca del 90% del ADN de los 40 pares de cromosomas que tiene la especie. En realidad, los investigadores han centrado la mayoría de sus esfuerzos en las 10 mayores moléculas de ADN, llamadas macrocromosomas, y los científicos aún continúan trabajando en la mejor manera de secuenciar los restantes microcromosomas.

A falta de los datos que se pueden extraer del genoma restante,



Un ejemplar adulto del pavo doméstico ('Meleagris gallopavo'). / EL MUNDO

los investigadores han descifrado cerca de 16.000 genes, miles de ellos desconocidos hasta la fecha para los expertos en genética de aves. Los autores consultados aseguran que el trabajo permitirá identificar las variantes de los genes responsables de los rasgos con importancia económica, tales como

el tamaño del animal o la calidad de la carne. Sin duda, esto mejorará las técnicas de reproducción animal en explotaciones avícolas y mejorará la salud y la calidad de la producción de pavo doméstico.

Pero, además, la investigación abrirá importantes puertas científicas en los campos de la biomedicina

o de la salud pública. «El genoma del pavo será importante para mejorar nuestro conocimiento de los virus de las aves y sus enfermedades, especialmente en el modo en el que estos vectores interactúan con el ADN del organismo al que infectan», asegura a EL MUNDO el profesor del Departamento de Veterinaria y Ciencias Biomédicas de la Universidad de Minnesota y autor del estudio, Kent Reed.

La secuencia ha sido obtenida utilizando una pionera técnica llamada secuenciación de próxima generación (*Next-Generation Sequencing*). De hecho, es la primera vez que se logra un genoma completo entero utilizando los resultados obtenidos mediante esta técnica con dos modelos diferentes y uniendo las conclusiones para obtener la secuencia final. «Esta forma de trabajo tiene muchas ventajas frente a la secuenciación tradicional, pero las principales son el mayor rendimiento y el bajo coste», explica Kent Reed. «Es obtener más, por menos pasta», bromea el investigador.