

Cabras y ovejas compartieron caminos genéticos hacia la domesticación

Hace 10.000 años los humanos empezaron a moldear a los animales salvajes para explotarlos. Como resultado hoy tenemos cabras y ovejas. Aunque ambas especies han seguido procesos independientes de modificación genética, un equipo de científicos revela que tomaron sendas evolutivas parecidas. El trabajo explica el “síndrome de la domesticación”: diferentes especies domésticas comparten caracteres similares.

Adeline Marcos

6/3/2018 17:00 CEST



Granja tradicional de cabras y ovejas en Marruecos. / B.Benjelloun

La domesticación ha supuesto un giro decisivo en la evolución de la humanidad. Hace miles de años los humanos empezaron a seleccionar especies salvajes para conseguir animales más dóciles, resistentes y de crecimiento más rápido. Así obtuvieron, por ejemplo, las ovejas y las cabras que conocemos en la actualidad.

Los investigadores compararon los genomas de 140 individuos de especies salvajes y domésticas, procedentes de razas locales, tradicionales y mejoradas

Hace 10.500 años, el muflón asiático (*Ovis orientalis*) y la cabra salvaje (*Capra aegagrus*) –los ancestros salvajes de ovejas y cabras, respectivamente– fueron domesticados en una misma zona de Oriente Próximo, al este de Turquía y oeste de Irán, donde siguen viviendo ahora. Desde entonces, los humanos han llevado a ovejas y cabras por todo el mundo, más allá de su área de distribución natural, en procesos de domesticación independientes. ¿Qué explica entonces que cabras y ovejas compartan caracteres similares?

Un consorcio europeo, llamado Nextgen y liderado por científicos de la Universidad de Grenoble Alpes y el Centro Nacional de Investigaciones Científicas (CNRS, por sus siglas en francés), ha dado un primer paso para explicar las bases genéticas de lo que llaman el “síndrome de la domesticación”.

Los investigadores compararon los genomas de 140 individuos de especies salvajes y domésticas, procedentes de razas locales, tradicionales y mejoradas. Así el estudio, publicado en [Nature Communications](#), ha permitido mostrar qué regiones del ADN las diferencia e identificar varios genes implicados en el proceso de domesticación.

Veinte de esas regiones son comunes a cabras y ovejas, pero sus mecanismos de diferenciación varían de una a otra especie

“Para cada pareja de especie (doméstica y salvaje) hemos detectado unas 40 regiones que diferencian los genomas domésticos de los salvajes. Contienen genes implicados en el funcionamiento del sistema nervioso, en la respuesta inmunitaria, o relacionados con caracteres de interés agronómico como pelaje, carne, leche y reproducción”, indica a Sinc François Pompanon, autor principal del trabajo e investigador en la universidad francesa.

Regiones de ADN comunes

El principal hallazgo es que 20 de esas regiones son comunes a cabras y ovejas, pero sus mecanismos de diferenciación son en la mayoría de los casos diferentes entre las distintas especies. “Este resultado cuestiona la visión simplista de los efectos de la domesticación en los genomas a través de procesos selectivos uniformes”, añade Pompanon.

El trabajo demuestra que aunque las mismas regiones de ADN hayan desempeñado un papel clave en los procesos de domesticación independientes, las variaciones en rasgos morfológicos o fisiológicos han podido producirse por mecanismos diferentes.

Según los autores, las investigaciones siguientes permitirán determinar en más especies los objetivos genéticos del “síndrome de la domesticación”.



Un rebaño mixto de ovejas y cabras en un entorno hostil (meseta al pie de las montañas Atlas, Marruecos). / F. Pompanon

Referencia bibliográfica:

Florian J. Alberto et al. “Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats” *Nature Communications* 6 de marzo de 2018

Derechos: **Creative Commons**

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)