



XXIV Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CA-016 (ID: 1135)

Autor: Sosa, Fabiana Evangelina

Título: “Análisis de dos polimorfismos de nucleótido único (CAPN316 y CAPN4751) asociados a ternera en Reproductores Bovinos de la provincia del Chaco.”

Director:

Palabras clave: TERNEZA,ADN,BOVINOS

Área de Beca: Cs. Agropecuarias

Tipo Beca: Cyt - Pregrado

Periodo: 01/03/2017 al 01/03/2018

Lugar de trabajo: Facultad De Cs. Veterinarias

Proyecto: (13CB02) Estudios bioquímico-moleculares aplicables a la producción y sanidad de carnes.

Resumen:

La ternera de la carne es uno de los factores más importantes que determinan la satisfacción del consumidor. Poco o nada se avanzó en la selección de toros padres por ternera usando el método tradicional de Warner-Bratzler (WBSF), pues requiere medirla al momento de la faena. Consecuentemente, no ha resultado una herramienta útil o práctica para el mejoramiento del ganado. Se han identificado diversas mutaciones puntuales –SNPs- (POLIMORFISMO DE NUCLEOTIDO SIMPLE) en los genes de calpastatina (CAST) y de calpaína (CAPN), que están asociadas a variaciones de la ternera en las subespecies *Bos taurus* y *Bos indicus*. Entre ellos se encuentran, en el cromosoma 29, sobre el gen de calpaína, los marcadores CAPN316, y CAPN4751. Los marcadores genéticos son utilizados para identificar regiones específicas dentro de los cromosomas, donde están localizados los genes responsables de los rasgos cuantitativos involucrados en la expresión de caracteres económicamente importantes en las especies domésticas; estas regiones son conocidas como locis de rasgos cuantitativos (QTLs). El uso de información de estas regiones en programas de selección de ganado es utilizado en la selección asistida por marcadores genéticos. Para cada marcador se ha encontrado una variante más favorable a la ternera (+) y una menos favorable (-). Al tener los bovinos dos alelos de cada gen, uno proveniente del padre y otro de la madre, para un animal hay entonces tres genotipos posibles para cada marcador, genotipo óptimo: [++] Homocigota de mayor ternera, [+/-] Heterocigota, y [-/-] Homocigota de menor ternera. Se ha demostrado que los individuos con las variantes alélicas (genéticas) más favorables (+) para los marcadores de calpaína y calpastatina tienen una correlación altamente significativa con la ternera de la carne, medida mediante el método de WBSF (Guitou H. et al, 2008). Acceder a una metodología de Selección Asistida por Marcadores Moleculares proveería una nueva herramienta de selección objetiva para el mejoramiento genético bovino en la región. En el Servicio Veterinario de Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Veterinarias se puso en marcha el siguiente trabajo con los objetivos de lograr optimizar las condiciones de amplificación y restricción (PCR-RFLP) para la identificación de los SNPs CAPN316 (sustitución C/G en el exón 9) y CAPN4751 (sustitución C/T en el intrón 17) en el laboratorio, y de este modo conocer la distribución y frecuencia de sus variantes alélicas en animales reproductores de biotipo carnívoros de la provincia del Chaco muestreados. Se trabajó con un grupo de sesenta y nueve (n=69) reproductores bovinos carnívoros Braford y Brangus, pertenecientes a 4 establecimientos productores del Chaco, se extrajeron muestras de sangre entera de la vena yugular de cada ejemplar. Las mismas se conservaron con anticoagulante EDTA y bajo refrigeración hasta su traslado al laboratorio, donde se almacenaron a -20°C en tubos correctamente rotulados con la identificación del animal del que procedía hasta el momento de su procesamiento. Posteriormente se efectuó la extracción de ADN de cada muestra, conservándose a -20°C hasta su utilización. A continuación se realizaron reacciones de amplificación de ácidos nucleicos (PCR), utilizando los oligonucleótidos sintéticos descritos por Corva et al., 2007 que flanquearon la zona de interés y una posterior digestión con enzimas de restricción que pusieron en evidencia dichos polimorfismos, utilizando el protocolo optimizado en el laboratorio. Los fragmentos obtenidos fueron separados por electroforesis en geles de agarosa 2%, teñidos con bromuro de etidio y visualizados por transiluminación UV. De la lectura de los resultados surgieron los siguientes datos: CAPN4751: se halló que la frecuencia génica para el alelo “tierno” en la población muestreada es de 0,49, mientras que para el alelo no favorable es de 0,51; con un 29% de homocigotas C/C, 30% de homocigotas T/T y un 41% de heterocigotas; CAPN316: se halló que la frecuencia génica para el alelo “tierno” en la población muestreada es de 0,19, mientras que para el alelo no favorable es de 0,81; con un 0% de homocigotas C/C, 43% de homocigotas G/G y un 38% de heterocigotas. Como se puede observar en los resultados expuestos las frecuencias de los alelos favorables para carnes tiernas para ambos marcadores es relativamente bajo, coincidente con otros trabajos realizados para estas razas en nuestro país, lo que podría atribuirse a la participación de cebú en la composición genética de la raza, ya que a pesar de su adaptación y rusticidad, tienen reconocidas desventajas en la calidad de las carnes y particularmente en la ternera.