

# XLIII SESIÓN DE COMUNICACIONES CIENTÍFICAS 2023

FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS  
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL NORDESTE  
Sargent Cabral 2139 - W3402BKG  
Corrientes - Argentina



**Reporte de polimorfismo en el gen del receptor de la hormona luteinizante (LHCGR) en bubillas del nordeste argentino**

Ponce, P.E.<sup>1,2\*</sup>; Acuña, M.B.<sup>1</sup>; Bandeo, A.S.<sup>1,2</sup>; Navarro, C.A.<sup>1</sup>;  
Ferreyra, J.I.<sup>1</sup>; Maldonado Vargas, P.<sup>1</sup>, Konrad J.L.<sup>1,2</sup>

1. Instituto de Biotecnología de Reproducción Animal (IBRA), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE).
2. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

\*pabloexequiel1998@gmail.com

**Resumen**

Uno de los aspectos de mayor avance en los últimos años es el mejoramiento genético de la mano de la genómica, permitiendo acortar los tiempos necesarios para realizar las evaluaciones y aumentar la velocidad de progreso genético en las especies domésticas que tienen su genoma secuenciado mediante métodos de genotipificación. La selección del gen Lhr que codifica para la proteína receptora de la hormona luteinizante interviene en la regulación del inicio de la pubertad y esteroideogénesis, y ha sido reportado en búfalos de río la secuencia del gen Lhr en el exón 11. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo consistió en caracterizar la variabilidad genética del exón 11 del gen Lhr en 46 bubillas púberes evaluadas en dos años consecutivos. Se realizó la extracción de sangre para la posterior obtención del ADN genómico con Kit comercial Wizard Genomic®, se amplificó el Lhr y se caracterizó mediante PCR un fragmento de 925 pb del exón 11 del gen que posee un tamaño completo de 1453 pb para secuenciarlo mediante el método modificado de Sanger. Por último, se procedió a analizar y alinear las secuencias obtenidas de los animales, en conjunto con las reportadas en genbank para tres razas de búfalos de agua y con la especie vacuna. De acuerdo a los fragmentos analizados, se detectaron 3 bubillas heterocigotas (197, 843 y 918) para un polimorfismo de tipo SNP en la posición 1665 del ARNm, que corresponde a un cambio de bases de A/T. El fragmento correspondiente al exón 11 del gen LHCGR de los animales analizados se corresponde 100% con la secuencia del genoma de referencia del búfalo, excepto en los tres animales heterocigotas para la posición 1665 del mensajero XM\_006078413.1 que es homocigota TT. Esta variante (polimorfismo A/T) no cambia la secuencia de la proteína y por lo tanto no tiene implicancias directas en el fenotipo de las bubillas. Sin embargo, este polimorfismo resulta de utilidad en futuros trabajos de asociación de caracteres reproductivos. Así mismo, es interesante destacar que en el genoma de búfalos, contiguo al gen LHCGR se encuentra el receptor de la hormona folículo estimulante (FSHR), en donde se han encontrado asociaciones con fenotipos de pubertad precoz en animales, por ende, esta cercanía genómica podría predecir que los polimorfismos genéticos del receptor de la hormona LH, resultarían en una herramienta de utilidad en estudios de asociación y selección genética de caracteres reproductivos en esta especie, sobre todo en esta región del nordeste argentino, donde el sistema de cría en la producción bubalina y su estrecha relación con la reproducción es de suma importancia.

**Palabras clave:** búfalos, genómica, pubertad.