



**SESIÓN DE COMUNICACIONES CIENTÍFICAS
XXXVIII
FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS - 2017**

**COMISIÓN DE LA XXXVIII SESIÓN DE COMUNICACIONES CIENTÍFICAS
2017**

Presidente:

Dra. María Antonia Susana REVIDATTI

Secretaria:

Dra. Gladys Pamela TEIBLER

Vocales:

MV MSc Sara Noemi ULÓN
MV MSc Pablo MALDONADO VARGAS
Dr. José Luis KONRAD

Miembros del Comité de Admisión:

Dra. Adriana CAPELLARI
Dr. Hugo Alberto DOMITROVIC
Dra. Gladis Isabel REBAK
Dr. Fernando Augusto REVIDATTI
Dra. Silvia Irene BOEHRINGER
Dra. Lilian Cristina JORGE
Dra. Luciana CHOLICH

Frecuencias genotípicas del polimorfismo CAPN4751, hallado en el gen de Calpaína, en reproductores bovinos de la provincia del Chaco

Sosa F.E. *, De Biasio M. B., Almirón E. C., Jastrzebski F. A.

Cátedra de Bioquímica, Servicio Veterinario de Biología Molecular. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste. *fp_26_05@hotmail.com

Resumen

Con el objeto de caracterizar genéticamente a un grupo de doce (n=12) reproductores bovinos en función de un polimorfismo genético del gen codificador de la Calpaína (CAPN) se extrajeron muestras sanguíneas de reproductores bovinos de un establecimiento productor del Chaco. Las mismas se conservaron anticoaguladas con EDTA, siendo almacenadas posteriormente a -20°C en tubos correctamente rotulados con la identificación del animal del que procedía hasta el momento de su procesamiento en el Servicio de Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Veterinarias. Se efectuó la extracción de ADN utilizando el detergente CTAB (Bromuro de cetil trimetilamonio) para la digestión celular. Se realizó purificación de ácidos nucleicos por incubación con cloroformo:alcohol isoamílico y posterior precipitación con isopropanol. El precipitado se lavó con etanol 70% y luego se resuspendió en agua destilada, conservándose a -20°C hasta su utilización. Posteriormente se realizaron reacciones de amplificación de ácidos nucleicos, utilizando los oligonucleótidos sintéticos descriptos por Corva et al., 2007 que flanquearon la zona de interés y una posterior digestión con enzimas de restricción que pusieron en evidencia dicho polimorfismo. La amplificación por PCR de un segmento del gen se realizó en un volumen final de 25µl, conteniendo: 1X de Buffer de PCR, 1,5 mM MgCl₂; 0,25 mM de cada oligonucleótido cebador; 0,2mM de una mezcla equimolecular de dNTPs y 1U de Taq ADN polimerasa. La mezcla se sometió a las siguientes condiciones de amplificación: desnaturalización inicial a 95°C durante 5 min, seguida de 35 ciclos de desnaturalización a 95°C durante 45 seg, pegado de oligonucleótidos cebadores a 74°C durante 45 seg, extensión a 72°C durante 45 seg y extensión final a 72°C durante 5 min, finalizando con incubación a 4°. Los resultados fueron analizados sometiendo los productos a electroforesis en geles de agarosa 2%, teñidos con bromuro de etidio y visualizados por transiluminación UV. Se amplificó un fragmento de 215pb que luego fue sometido a digestión con la enzima Bse DI usando 10µl de los productos de amplificación obtenidos anteriormente, en un volumen final de 20µl, conteniendo las siguientes concentraciones finales de reactivos: 1X de buffer de restricción y 20U de la enzima Bse DI. La incubación se realizó a 55°C por 4 hs. Como resultado de la digestión enzimática, el tamaño de los fragmentos obtenidos luego de la electroforesis en geles de agarosa 2%, teñidos con bromuro de etidio y visualizados por transiluminación UV fue: C/C (homocigota favorable) 126pb y 89pb; C/T (heterocigota) 215pb, 126pb y 89pb; y T/T (homocigota desfavorable) 215pb, observando una frecuencia de alelos tiernos ("C") de 0,58, con un 41,7% de homocigocis y un 33,3% de heterocigocis.

Palabras clave: ternera, ADN, biología molecular