

Detección de tres variantes alélicas en el exón 1 del gen de hormona de crecimiento en conejos

¹Cattáneo, AC; ¹Arroyo, P; ²Borrás, MM; ^{1,2}Trigo, MS; ¹Antonini, AG

¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV). Facultad de Ciencias Veterinarias. ²Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales UNLP. cattaneo.ac@gmail.com

Utilización de fuentes proteicas alternativas y aditivos en engorde de conejos. Evaluación de diferentes alelos de genes asociados al crecimiento.

En los últimos años la investigación en biología molecular ha brindado una herramienta útil en el conocimiento de la genética de los seres vivos y su expresión, incorporando técnicas que complementan el sistema tradicional de mejoramiento e intensificación productiva. La publicación de los genomas de los animales ha hecho posible detectar dónde, dentro de los cromosomas, se ubican los genes relacionados al crecimiento y producción de individuos de interés zootécnico². La aplicación directa de técnicas moleculares permite evaluar a los denominados “genes candidatos”, con el fin de identificar cuáles son sus formas alternativas o alelos y cómo estos afectan a la producción final.

Una mutación es un cambio estable y heredable en el material genético que altera la secuencia del ADN y por tanto introduce nuevas variantes. Muchas de estas variantes no pasan a la siguiente generación por diferentes motivos, pero ocasionalmente algunas de ellas pueden tener éxito e incorporarse en la población. Si llegásemos a encontrar estas variantes en, al menos, el 1% de la población, pasaremos a considerarla un alelo.

La Hormona de Crecimiento tiene una función importante en el crecimiento posnatal y en la regulación de muchas funciones metabólicas que involucran: la deposición de grasa intramuscular, el metabolismo lipídico y el crecimiento de los huesos, entre otras. Algunas regiones específicas del gen de hormona de crecimiento fueron analizadas como parte de programas de mejoramiento animal en varias especies⁴. Los polimorfismos encontrados pudieron ser asociados con caracteres productivos como producción de leche, peso al nacimiento y rendimiento de carcasa en bovinos³. En el año 2012, Fontanesi et al. identificaron polimorfismos en el gen de Hormona de Crecimiento (GH) y publicaron una asociación con el peso a la faena de conejos¹.

El objetivo de este estudio fue identificar variantes a nivel molecular en un segmento de ADN del gen de Hormona de Crecimiento en conejos. Se analizaron 52 muestras de sangre de conejos de ambos sexos descendientes de 22 apareamientos de la Unidad Experimental de la Cátedra de Introducción a la Producción Animal de la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la UNLP. A partir de dichas muestras se realizó la extracción del ADN mediante Extracción Orgánica. El diseño de los primers para las PCR y la secuenciación de un segmento de exón 1 del gen de Hormona de Crecimiento fue realizado en el Instituto de Genética Veterinaria de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la UNLP (IGEVEV), y luego el ADN e información para la secuenciación fueron enviadas a los laboratorios comerciales de Macrogen Inc. La información recibida incluyó no sólo los electroferogramas sino también las secuencias en formato fasta. Estos resultados fueron analizados de a uno y en comparación. Tres variantes de tipo polimorfismo de nucleótido simple (SNP) pudieron ser detectadas en las muestras de la población para el segmento analizado. En dos de ellas fueron detectados dos alelos que conformaron dos genotipos diferentes y en una de las variantes se detectaron dos alelos y tres genotipos. En todos los casos, las variantes moleculares estuvieron en equilibrio y dos de ellas presentaron asociación ($p < 0,001$).

La determinación de diferentes formas alélicas, en genes relacionados al crecimiento permitirá el estudio de posibles asociaciones con caracteres productivos. Asimismo podrían en un futuro ser implementadas en los sistemas de selección de reproductores como herramienta predictiva en etapas tempranas de la vida de los animales, manteniendo el monitoreo productivo de las líneas utilizadas.

IV JORNADA DE DIFUSIÓN DE LA INVESTIGACIÓN Y EXTENSIÓN

Noviembre 2016 · Esperanza · Santa Fe · Argentina

ÁREA TEMÁTICA: **PRODUCCIÓN ANIMAL**

Gráfico 1. Electroferogramas de una variante detectada: Muestra a88, Homocigota GG; Muestra a55, Heterocigota AG; Muestra a56, Homocigota AA

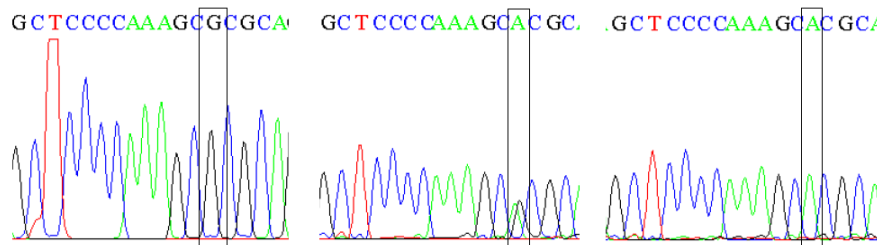


Gráfico 2. Variantes moleculares encontradas. Frecuencias genotípicas encontradas.

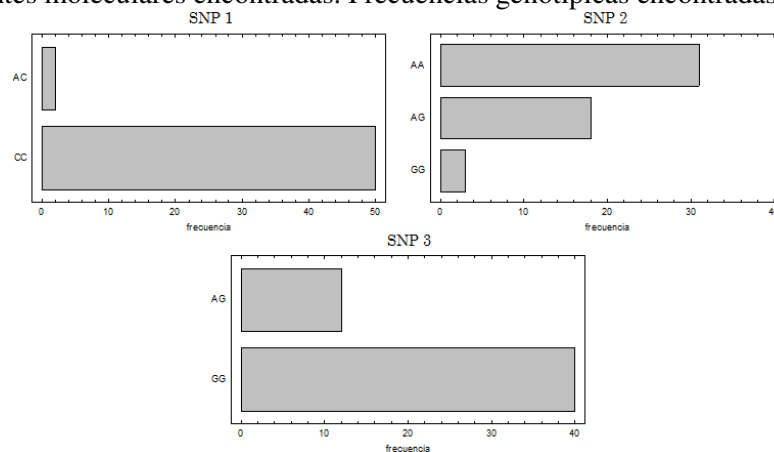
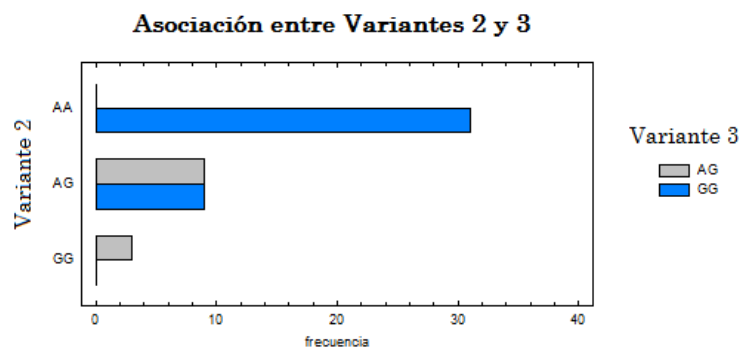


Gráfico 2. Asociación entre variantes moleculares.



Bibliografía

- 1- Fontanesi, L., Dall'Olio, S., Spaccapaniccia, E., Scotti, E., Fornasini, D., Frabetti, A. y Russo, V. A single nucleotide polymorphism in the rabbit growth hormone (GH1) gene is associated with market weight in a commercial rabbit population. *Livestock Science*, Volume 147, Issue 1, 84 - 88
- 2- Garcia, J.F. Utilização de Marcadores Moleculares para a Seleção. 2 Simpósio Internacional de Reprodução Animal Aplicada, Londrina. 61,(2006),115-123.
- 3- Regitano, L.C.A. Genética Molecular Aplicada ao Melhoramento Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Goiânia,30(2005),167-175.
- 4- Van Laere, A.S., Nguyen, M., Braunschweig, M., Nezer, C., Collette, C., Moreau, L., Archibald, A. L., Haley, C. S., Buys, N., Tally, M., Andersson, G., Georges, M. y Andersson, L. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. *Nature*, 425,(2003),832-836.