

## Genotipos del MHC mediante análisis de un VNTR en líneas sintéticas parentales de pollos Campero-IINTA

Remolins, J.S.<sup>1</sup>, Ibañez, R.G.<sup>1</sup>, Gutiérrez, F.<sup>1</sup>, Beker, M.P.<sup>1</sup>, Canet, Z.E.<sup>2</sup>, Cantaro, H.<sup>1,3</sup>, Librera, J.<sup>2</sup> e Iglesias, G.M.<sup>1</sup>

1. Universidad Nacional de Río Negro. Sede de Alto Valle y Valle Medio. Escuela de Producción Agroindustrial Carrera de Veterinaria. Genética
2. INTA Pergamino. Estación Experimental Agropecuaria "Ing. Agr. Walter Kugler". Av. Frondizi (Ruta 32) Km 4,5. Pergamino, Buenos Aires. Argentina
3. INTA. Estación Experimental Agropecuaria Alto Valle. Programa Nacional de Producción Animal. Ruta Nacional 22, Km 1190. Argentina.

\*E-mail: santiagoremolins@gmail.com

MHC variability by a VNTR analysis in parental synthetic lines of Campero INTA chicken.

### Introducción

El Complejo Mayor de Histocompatibilidad (MHC) es un grupo de genes ligados en el microcromosoma 16 de *Gallus gallus*. Su genotipificación es compleja ya que implica el análisis de al menos 45 genes. El marcador LEI0258 es un VNTR (Número variable de repeticiones en tandem) atípico. Es altamente polimórfico, con 35 tamaños de alelos reportados previamente (Fulton *et al.*, 2006) y muchos más en poblaciones únicas africanas, chinas, iraníes, coreanas, etc. Su uso está ampliamente documentado en la bibliografía como una forma simple y económica de determinar los genotipos del MHC de manera indirecta (Iglesias *et al.*, 2019); Haunshi *et al.*, 2020).

El pollo Campero es un híbrido experimental de tres vías producto del cruzamiento de machos de la población sintética paterna (AS y AH) por hembras de una línea híbrida C (línea ES x A). Es un pollo de crecimiento lento, de carne más firme y con buenas características organolépticas. Es de relevante importancia para los pequeños productores y los programas de seguridad alimentaria, como Prohuerta (INTA-MDS), destinado al autoconsumo. El objetivo de este trabajo fue determinar la variabilidad genética del marcador LEI0258 de las líneas AS, A y ES mediante la estimación de las frecuencias génicas y genotípicas.

### Materiales y métodos

Se realizó extracción y purificación de ADN a partir de sangre de la vena axilar en 78 muestras de la línea AS, 78 de la línea A y 39 de la línea ES. Posteriormente se amplificó por PCR el VNTR LEI0258 con primers específicos (Fulton, 2006), y el producto de amplificación se sometió a electroforesis por 90 min a 70 V en gel de agarosa al 2%. Se cotejó el tamaño de banda por comparación con marcadores de PM de 50 y 100 pb. El análisis de frecuencias alélicas, genotípicas y de heterocigosidad observada y esperada fueron realizados con el programa Genepop 4.7.5 (Raymond M. & Rousset F, 1995 y 2015)

### Resultados y Discusión

En la línea paterna AS se detectaron 4 alelos de LEI0258 (de 193, 205, 307 y 381 bp), 4 alelos en la línea materna ES (de 205, 307, 309 y 357 pb) y 5 en la materna A (de 193, 205, 307, 309 y 381 pb). Las frecuencias alélicas se detallan en la tabla 1.

Del análisis de los genotipos, se desprende que los genotipos 381 homocigotas y 307/381 bp representan casi el 75% de los genotipos evaluados en la línea paterna AS. En cambio, los genotipos 381 homocigotas y 205/381 bp representan un poco más del 50 % de los genotipos en la línea A. En la línea ES el 50 % de los individuos presenta, ya sea genotipo 205/307 o 205/309. Respecto a las frecuencias genotípicas, se encontró que las líneas AS y ES se encuentran

en equilibrio de Hardy-Weinberg, mientras que la línea A ( $p=0,0309$ ). En la línea A hay déficit en la cantidad de heterocigotas ( $P=0,0003$ ), mientras que en ninguna línea se aprecia exceso de heterocigotas.

Los valores de heterocigosidad observada ( $H_o$ ) versus heterocigosidad esperada promedio ( $H_e$ ) obtenidos en las líneas AS, A y ES fueron de 0,368/0,427; 0,363/0,667 y de 0,690/0,705, respectivamente.

Tabla 1. Frecuencias alélicas (en %) de LEI0258 en las líneas A, AS y ES.

LEI0258(pb)	Línea A	Línea AS	Línea ES
193	-	9	-
205	28	3	49
307	22	16	20
309	2	-	18
357	-	-	13
381	48	72	-

### Resultados y discusión

Un total de 6 alelos del VNTR LEI0258 (193-381 bp) y 15 genotipos se identificaron en 195 pollos pertenecientes a líneas que dan origen al pollo Campero INTA. El alelo de 381 pb presentó la mayor frecuencia (48 % en línea A y 72 % en línea AS), mientras que el de 205 pb fue el más frecuente en (49 %) en la línea ES.

El alelo de LEI0258 de 205 pb, que recibe la nomenclatura B13 según serología, confiere mediana resistencia a Gumboro y a Marek, mientras que el B13.1 o c2v (alelo LEI0258 de 381 pb) está asociado a mayor susceptibilidad a Sarcoma ROUX y mayor tasa de crecimiento.(Wang *et al.*, 2014

### Agradecimientos

A Janet E Fulton por su revisión y sugerencias.

### Bibliografía

- 1.HAUNSHI S. 2020. Arch. Anim. Breed., 63, 173-182
- 2.RAYMOND, M., & ROUSSET, F. 1995. Evolution, 49, 1280-1283.
- 3.ROUSSET, F. 2015. Genepop. :1-54.
- 4.FULTON, J. E. 2006. Immunogenetics, 58, 407-421.
- 5.IGLESIAS, G. CANET, Z. E. CANTARO, H., MIQUEL, M. C., MELO J. E., MILLER, M.M., BERRES, M. E. & J. E. Fulton. 2019. Poult. Sci. 98:5281-5286.
- 6.WANG, H., MA, T., CHANG, G., WAN, F. LIU, X. LIU, L. XU, L. CHEN, J. and CHEN, G. 2014. Open Access J. Sci. Technol. 2:1-7 Available at <http://www.oajost.com/toc/2014/101111/>.

