



662/19. ESTUDIO DE ASOCIACIÓN ENTRE ALELOS DEL MARCADOR LEI0258 DEL COMPLEJO MAYOR DE HISTOCOMPATIBILIDAD (CMH) Y EL PESO VIVO EN POLLOS PARRILLEROS

Beker, M.P., S. Remolins, M. Sánchez, M.B. Buglione, R. Amatta, D.O. Maizon, G.M. Iglesias

Universidad Nacional de Río Negro mail: mpbeker@unrn.edu.ar

INTRODUCCIÓN

El complejo B se encuentra en un clúster (B-F /B-L) ubicado en el microcromosoma 16 del pollo. Este contiene dos genes de Clase I y dos genes de Clase II. La asociación del complejo mayor de histocompatibilidad (CMH), tanto en la resistencia genética a enfermedades como a características productivas y adaptativas, la disposición de sus genes, variedad de alelos y su asociación con resistencia a diferentes enfermedades está ampliamente descrita en revisiones muy completas y actualizadas como las publicadas por Miller y Taylor, 2016; y más recientemente Iglesias G., 2022. El microsatélite LEI0258 es una región VNTR situado dentro del MHC-B, que contiene repeticiones en tándem de 12 y 13 pb más varias deleciones en la región flanqueante. Su alto grado de polimorfismo ha sido evidenciado por Manjula *et al.*, 2021, quien reportó la presencia de 38 variantes alélicas, cuyo rango de tamaño oscila entre los 193 y 539 pb en distintas poblaciones de aves. Los alelos se pueden distinguir fácilmente utilizando electroforesis para separar los productos de PCR en geles de agarosa.

OBJETIVOS

El objetivo del presente trabajo fue caracterizar las frecuencias alélicas y genotípicas del VNTR LEI0258 presentes en una población de pollos parrilleros, y estudiar si existe correlación entre dicho marcador y el peso vivo final alcanzado.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó con un total de 37 aves (ensayo 2018) y 46 aves (año 2019). Las mismas fueron criadas durante 55 días en un predio de la Escuela de Medicina Veterinaria y Producción agroindustrial de la UNRN. Un grupo se identificó como grupo control (C), cuyas aves fueron alimentadas con un balanceado comercial, y otro grupo se identificó como tratamiento (T) cuyas aves recibieron de alimentación un balanceado comercial con suplementación de pleurotina al 3%. Tanto el agua como el alimento se suministraron *ad libitum* en cada grupo. Se realizaron repeticiones consecutivas, considerando la posible interacción del tipo de alimentación con las condiciones ambientales. Se registró el peso vivo (PV) alcanzado, y se extrajo sangre de la vena yugular al momento de la faena. A partir de la misma se extrajo ADN con el método salino. PCR para amplificar LEI0258 (Mc Connell, *et al.*, 1999). Análisis estadístico: Anova de tipo II.

RESULTADOS

Los fragmentos amplificados se cotejaron con marcador de Peso Molecular y estándares de tamaño conocido en electroforesis en geles de agarosa al 3% (Figura 1). Se identificaron 11 alelos (193, 205, 261, 295, 307, 309, 321, 357, 381, 443 y 552 pb), de los cuales el de 381 pb fue el de mayor frecuencia (38,2%), y el de 552 pb, el de menor frecuencia (0,6%). En la Tabla N° 1 se presentan las frecuencias alélicas determinadas en la población de pollos parrilleros.

Además, encontramos 23 genotipos (18 disómicos y 5 trisómicos) en esta población, de los cuales, el genotipo 193/381 fue el de mayor frecuencia (14,6%) y los genotipos 205/295, 205/307, 261/261, 261/381, 261/381, 307/357, 309/357, 193/261/357, 193/295/552 y 193/381/443 los de menor frecuencia (1,2%).

Para el análisis estadístico, sólo se contemplaron los genotipos observados 5 o más veces al igual que los alelos. De los 170 copias alélicas incluidas en el análisis, unas 42 copias provenían de individuos trisómicos (24,7%).

Efecto de la suplementación con pleurotina en el PV logrado:

Con respecto al PV logrado, no se observaron diferencias significativas entre los animales alimentados con balanceado respecto de aquellos que recibieron suplementación con pleurotina.

Efecto del genotipo en el PV logrado:

El análisis estadístico Anova de tipo II, indicó una tendencia de asociación ($p < 0,1$) entre el genotipo 357/381 y un mayor PV, mientras que el genotipo 295/381, se asoció con menor PV (se observó una diferencia de 460 g). Ver Tabla 2

Efecto del alelo en el PV logrado:

Del análisis estadístico se puede detectar la una diferencia significativa: existe asociación positiva entre el PV con el alelo de 357 pb, mientras que el alelo de 205 pb estaría asociado a un menor peso vivo (p -value: 1.161e-11).

TABLA 1. Frecuencia alélica LEI0258 en pollos parrilleros

| Locus | Alelo | Número | Frecuencia (%) |
|---------|-------|--------|----------------|
| LEI0258 | 193 | 20 | 11,1 |
| | 205 | 12 | 6,7 |
| | 261 | 9 | 5,0 |
| | 295 | 34 | 18,9 |
| | 307 | 2 | 1,1 |
| | 309 | 3 | 1,7 |
| | 321 | 2 | 1,1 |
| | 357 | 30 | 16,7 |
| | 381 | 59 | 32,8 |
| | 443 | 8 | 4,4 |
| | 552 | 1 | 0,6 |

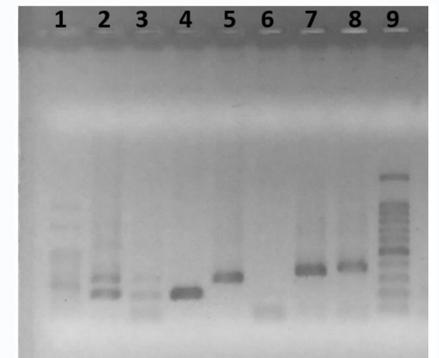


Figura 1. Electroforesis de PCR LEI0258. Ejemplos: Calle 2: 193 y 295 pb. Calle 4: 205 pb. Calle 5: 307 pb. Calle 7: 357 pb. Calle 8: 381 pb. Calle 9: ladder 100 pb.

TABLA 2. Efecto del genotipo LEI0258 en el Peso Vivo

| Genotipo | PV est. (g)* | Std. Error | t-value | Pr(> t) |
|----------|--------------|------------|---------|----------|
| 205/381 | -0.23175 | 0.19697 | -1.177 | 0.24649 |
| 295/357 | 0.18000 | 0.17944 | -1.003 | 0.32197 |
| 295/381 | 0.26870 | 0.18085 | -1.486 | 0.14538 |
| 357/357 | 0.14459 | 0.21352 | 0.677 | 0.50228 |
| 357/381 | 0.20332 | 0.18079 | 1.125 | 0.26761 |
| 381/381 | -0.21572 | 0.18264 | 1.181 | 0.24471 |

* Expresados como diferencias respecto al genotipo que se estableció como control (193/381)

Tabla Anova (Type II test). Respuesta: Peso Vivo

| | Suma de cuadrados | Grados de libertad (gl) | F | Significancia (>F) |
|----------|-------------------|-------------------------|--------|--------------------|
| TGA | 2,8660 | 9 | 2,9438 | 0,009152 ** |
| G_LEI | 1,3063 | 6 | 2,0127 | 0,087169 . |
| Residual | 4,2187 | 39 | - | |

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

- R. Cuadrado múltiple= 0,5064
- R. Cuadrado múltiple corregido= 0,3166

TGA: Tratamiento Grupo Año
G_LEI: Genotipo LEI0258

CONCLUSIONES

El análisis estadístico Anova de tipo II, indicó una tendencia de asociación ($p < 0,1$) entre el genotipo 357/381 y un mayor PV, mientras que el 295/381, con menor PV (se observó una diferencia de 460 g). Finalmente, el modelo utilizado evidenció que el alelo *357 (frecuencia de 16,7%) tendría asociación positiva y el alelo 205 (frecuencia 6,7%) asociación negativa ($p < 0,05$) con PV.

Del análisis surge que la frecuencia de los alelos con asociación positiva para la característica de PV (357 y 381 pb) representan aproximadamente el 50% de los alelos en la población estudiada, por lo que dichas variantes podrían ser valoradas positivamente en el desarrollo del plan de selección.

FINANCIAMIENTO

- PI-UNRN 40-A-805
- PI UNRN 40-A-614

BIBLIOGRAFÍA

- Miller MM, Taylor RL. Brief review of the chicken Major Histocompatibility Complex: The genes, their distribution on chromosome 16, and their contributions to disease resistance. *Poult Sci.* 2016 Feb 25;95(2):375-92.
- Iglesias, G. M. (2022) Análisis y revisión de la variación del MHC-B (complejo mayor de Histocompatibilidad) en pollos. *Ciencia Veterinaria*; 24 (2); 1-19.
- Manjula P, Kim M, Cho S, Seo D, Lee JH. High Levels of Genetic Variation in MHC-Linked Microsatellite Markers from Native Chicken Breeds. *Genes (Basel).* 2021 Feb 8;12(2):240.