

## **Estudio de asociación entre alelos del marcador LEI0258 del Complejo Mayor de Histocompatibilidad (CMH) y el peso vivo en pollos parrilleros**

Beker M.P.<sup>1</sup>, S. Remolins<sup>1</sup>, M. Sánchez<sup>1</sup>, M.B. Buglione<sup>1</sup>, R. Amatta<sup>1</sup>, D.O. Maizon,<sup>2</sup> G.M. Iglesias<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional de Río Negro, Sede Alto Valle y Valle Medio, Escuela de Veterinaria y Producción Agroindustrial, Pacheco 460, Choele Choel (CP8360), Río Negro, Argentina. <sup>2</sup>INTA, EEA Anguil & UNLPam, Facultad de Agronomía, La Pampa, Argentina.

mpbeker@unrn.edu.ar

Los genes del CMH están asociados a respuesta inmunitaria y a características productivas y adaptativas. El microsatélite LEI0258, muy polimórfico, está ligado a unos 50.000 pares de bases (pb) de los genes B-F en el cromosoma 16 de las aves, indicando que es un buen marcador del complejo B. El objetivo fue identificar alelos de LEI0258 vinculados a rasgos de producción, como ser el peso vivo (PV). Se tipificó por PCR una muestra de 83 aves. 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%). 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%). El análisis 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 bp) 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.