

Asociación entre marcadores moleculares tipo snp y caracteres de crecimiento en una población mejicana de vacuno de carne de raza charolesa

Francisco José Martínez Naranjo. Beatriz Monsalve Roquero.

Avenida de Puerta de hierro S/N. Licenciatura en Veterinaria. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid.
fcomartinez91@gmail.com

Juan Pablo Gutiérrez García

Avenida de Puerta de hierro S/N. Departamento de Producción Animal. Licenciatura en Veterinaria. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid
gutgar@vet.ucm.es

Resumen: una de las formas de conseguir un aumento de la producción de los animales de una población es mediante la utilización de la selección genómica usando marcadores moleculares de tipo SNP (Polimorfismos de un solo nucleótido). Para determinar cuáles de estos SNPs están asociados con ciertos caracteres de interés productivo (peso al nacimiento, al destete y al año) se tomó una muestra de 273 vacas de raza charolesa de una población de ganado de carne de raza charolesa de México. Se utilizó el software GS3 que permite estimar los efectos de dichos marcadores. Se seleccionó un panel de 105 SNPs candidatos de estar a asociados a estos caracteres y se genotiparon todos los animales de los que se disponía su valor genético aproximado. Entre los SNPs de mayor influencia aparecieron algunos que formaban parte de la secuencia nucleotídica de genes relacionados con el rendimiento productivo y reproductivo, como uno localizado en el gen CSNA, que codifica para la caseína, proteína presente en la leche u otro presente en el gen PPARGC1A relacionado con el metabolismo de la glucosa y de la grasa, y con en el balance energético del animal. La información obtenida nos permitirá realizar una selección adecuada de reproductores con lo que se conseguirá mejorar el valor genético de la población y su rendimiento productivo.

Palabras clave: SNP. Genes. Caracteres productivos. Selección genómica.

INTRODUCCIÓN

La mejora genética de los rendimientos de especies ganaderas depende de la capacidad de detectar los animales que porten variantes genéticas con efecto

destacado sobre caracteres económicamente importantes. Actualmente, el empleo de marcadores moleculares de tipo SNP (Polimorfismos de un Sólo Nucleótido) es una interesante alternativa para realizar estudios de asociación genética (relación estadística entre variaciones genéticas en una población y un fenotipo determinado) que nos faciliten localizar los animales genéticamente más rentables. Un SNP se define como una mutación puntual en una parte del genoma, generalmente en la secuencia nucleotídica de un gen o bien en regiones próximas al gen, que se halla presente por lo menos en un 1% de la población, y no varían significativamente de una generación a otra.

Aunque se han descrito asociaciones entre algunos SNPs y algunos caracteres productivos, estas asociaciones podrían deberse a ligamiento con los genes implicados, de manera que podrían encontrarse en distinta fase cuando se trabaja con una población particular alejada de aquéllas en las que se han encontrado dichas asociaciones. En el caso concreto de la población de vacuno de carne de raza Charolesa de Méjico, podría no ser una excepción, por lo que, antes de utilizar dichos SNPs en la práctica para realizar selección artificial, ha de estimarse primero su efecto.

En este estudio se busca estimar el efecto que tiene cada SNP sobre tres caracteres de interés productivo en una población de ganado vacuno de aptitud cárnica: peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de vida. Para ello, partimos de SNPs de genes candidatos, es decir, de genes de los se ha evidenciado previamente su implicación en la aparición de determinados fenotipos.

MATERIAL Y MÉTODOS

La población base de la que parte este estudio consta de 300 vacas de aptitud cárnica de raza Charolesa en Méjico. Para cada animal se disponía inicialmente del genotipo de 117 marcadores moleculares de tipo SNP de genes candidatos y estimaciones de valores genéticos de tres caracteres de interés productivo: peso en Kg al nacimiento, al destete y al año de vida. Para cada SNP y para cada animal, se identificaba la presencia de la mutación en un alelo (animal heterocigoto para ese SNP), en ambos alelos (animal homocigoto para dicho SNP) o en ninguno (el animal no posee esa mutación).

Tras un primer proceso de depuración de datos, se eliminaron aquellos animales que poseían datos de origen dudoso y aquellos SNPs sobre los que no se pudo obtener información para algunos individuos, reduciendo la población a 273 animales, cada uno de ellos con 105 SNPs. Mediante un segundo proceso de cribado, para facilitar la obtención de datos, se descartaron aquellos animales que no poseían al menos un dato en cuanto a peso al nacimiento, al destete o al año de vida, reduciendo la población a 191 animales con 105 SNPs registrados.

El programa utilizado para realizar el estudio de asociación genética fue GS3 (Genomic Selection - Gibbs sampling – Gauss Seidel). El modelo general usado para ejecutar el programa fue el siguiente:

$$y = \mu + Za + Wd + e$$

donde μ representa un vector incluyendo la media μ del carácter que en este caso correspondía a valores genéticos estimados para peso al nacimiento, al destete o al año de vida. El vector a representa el vector de efectos genéticos aditivos de los SNPs y d el de sus efectos dominantes, y e corresponde al error acumulado o residual. Z y W corresponden con matrices diseño para cada vector de incógnitas.

Una vez estimados los efectos aditivos y dominantes de los SNPs se calculó la varianza genética como la suma de las varianzas aditivas y dominantes de todos los marcadores, y se consideraron como marcadores con efecto aditivo y dominante relevante aquéllos que explicaban al menos 0,4 desviaciones típicas genéticas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En las figuras 1, 2 y 3 se presentan, respectivamente para los caracteres peso al nacimiento, peso al destete y peso al año, los efectos de los SNPs en unidades de desviación típica genética aditiva más dominante.

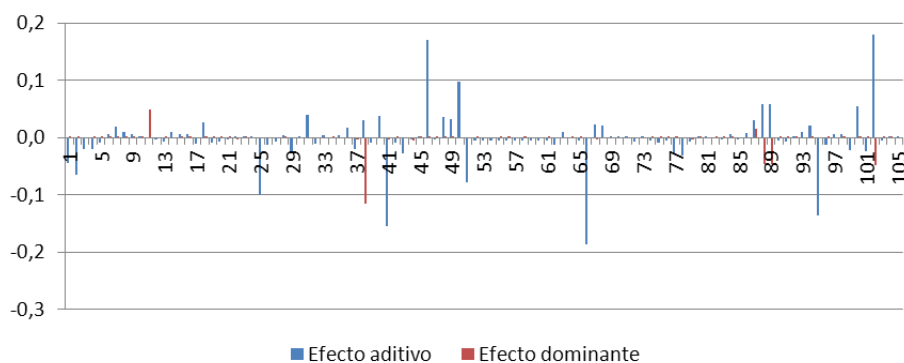


Figura 1. Efectos aditivos y dominantes de 105 marcadores de tipo SNP para el carácter peso al nacimiento.

Para el peso al nacimiento no se encontró ningún marcador con efecto relevante de ningún tipo. Sin embargo, entre los que más efecto aditivo presentaban destacó el SNP PRL c.+2723T>C con efecto 0,21 contenido en el gen PRL, presente en el cromosoma 23, que codifica para la prolactina, hormona peptídica que estimula la producción láctea en la glándula mamaria y la síntesis de progesterona por el cuerpo lúteo. Otro marcador, el SNP FSHb 4489A>C de efecto -0,23 está contenido en el gen FSHb situado en el cromosoma 15 y codifica para la hormona FSH (folículo

estimulante) que regula el desarrollo, el crecimiento, la maduración puberal y los procesos reproductivos. Finalmente, un tercer marcador, el SNP UCP3-679 T>C, que presentó un efecto de 0,22 se encuentra en el gen UCP3 del cromosoma 15. Este gen codifica para un conjunto de proteínas mitocondriales muy importantes en la conversión energética de los alimentos y en el mantenimiento de los requerimientos energéticos del cuerpo del animal. El marcador de mayor efecto dominante (-0,14), el SNP número GHR-S555G está contenido en el gen GHR cromosoma 20. Este gen codifica para los receptores de la hormona del crecimiento (GH), de vital importancia en el desarrollo del animal desde el momento del nacimiento.

En cuanto al peso al destete se detectaron 4 SNPs con efecto aditivo relevante y uno con efecto dominante relevante.

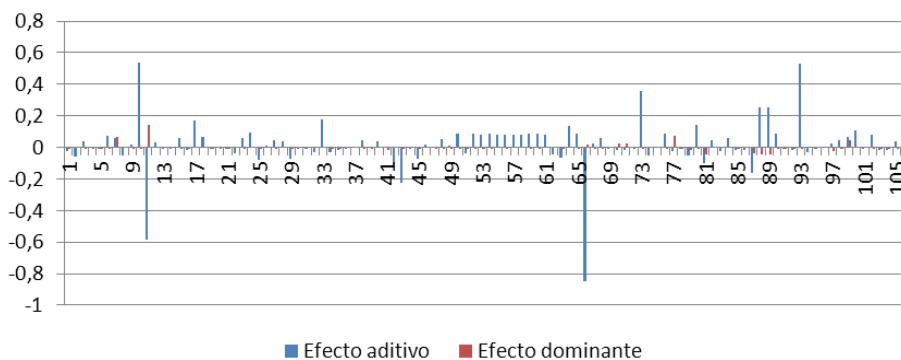


Figura 2. Efectos aditivos y dominantes de 105 marcadores de tipo SNP para el carácter peso al destete.

Destacaron con importante efecto aditivo relevante los SNPs CSN3A>Ba con efecto 0,49 y CSN3A>Bb con efecto -0,53 contenidos en el gen CSN3 del cromosoma 15. Este gen codifica para la proteína caseína, presente en la leche. Destacó también el SNP NPY-3032T>C con efecto 0,48, presente en el gen NPY que codifica para el neuropéptido Y (NPY) que interviene en la estimulación del centro del hambre en el encéfalo y es importante en el control del balance energético del animal.

En cuanto a SNPs con efecto dominante, no se halló ninguno con efecto relevante, sin embargo, entre los marcadores con mayor efecto dominante destacamos el SNP CSN3A>B b citado anteriormente.

Por último, para el carácter peso al año de vida, encontramos 6 SNPs con efecto aditivo relevante y tan sólo un SNP con efecto dominante relevante.

En cuanto a los marcadores con efecto aditivo relevante, destacamos cinco de ellos: los SNPs CSN3A>Ba y CSNA3A>Bb (citados anteriormente para el carácter de peso al destete) con efectos 0,49 y -0,47 respectivamente, PPARGC1A 1209T>C con efecto -0,54, contenido en el gen PPARGC1A (“Peroxisome proliferator-activated receptor-γ coactivator-1α”) del cromosoma 6, y relacionado con el metabolismo de la glucosa y de la grasa, y con en el balance energético del animal. El cuarto marcador

destacado, el SNP PPARGC1A 3359A>C con efecto 0,71, está contenido en el mismo gen PPARGC1A citado anteriormente. El quinto fue el UCP3-679 T>C (citado anteriormente para el carácter peso al nacimiento) con efecto 0,44.

El único marcador de efecto dominante relevante fue el SNP UCP3-679 T>C con efecto -0,52.

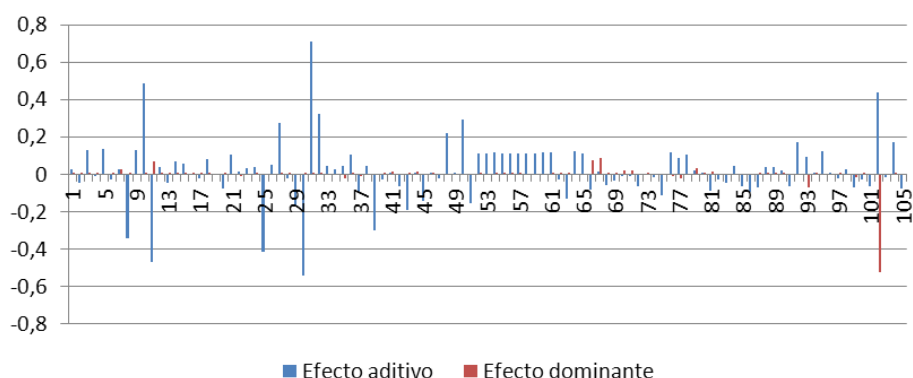


Figura 3. Efectos aditivos y dominantes de 105 marcadores de tipo SNP para el carácter peso al año.

Se han detectado algunos marcadores de efecto relevante sobre caracteres de crecimiento (peso al destete y peso al año) en una población mejicana de raza Charolesa, donde destacan los SNP CSN3A>Ba y CSN3A>Bb que tienen efecto en ambos caracteres. La información obtenida podrá ser utilizada para ayudar en la monitorización de la selección precoz de animales de alto valor genético en esta población y podría ser comprobada su validez también en otras poblaciones similares.

BIBLIOGRAFÍA

1. Legarra, A y *col.* INRA, UR 631, F-31326 Auzeville, France; 2012.

BIBLIOGRAFÍA DE CONSULTA

- Gutiérrez García JP. Iniciación a la valoración genética animal. Metodología adaptada al EEETS. Editorial Complutense, S. A. 2010.
- Falconer DS, Mackay TFC. Introducción a la genética cuantitativa. Editorial ACRIBIA, S.A. 1996.

RECURSOS ELECTRÓNICOS

Web del Centro Nacional de Información Biotecnológica: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

Base de datos del genoma de la vaca: <http://bovinegenome.org/>.

Recibido: 7 noviembre 2013.

Aceptado: 24 febrero 2014.