



# Capítulo 4

## CONCLUSIONES



Para concluir quisiera hacer un resumen de los principales hallazgos realizados a lo largo de esta tesis.

#### ***4.1 CARACTERES DE CRECIMIENTO***

- Prácticamente todos los marcadores resultaron polimórficos en las tres razas analizadas (Angus, Criollo Argentino y Hereford), y presentaron una distribución de frecuencias que permitirían su aplicación en un programa de Selección Asistida por Marcadores.

- El análisis entre poblaciones Hereford demostró diferencias en las frecuencias génicas de los marcadores cercanos a genes candidatos. Estas diferencias pueden ser atribuidas a la selección aplicada sobre estos rodeos, ya que la divergencia de las mismas, se observó justamente en los alelos que resultaron influyentes en los análisis de asociación.

- Se demostró una tendencia en las frecuencias génicas, de casi todos los marcadores analizados, en los grupos generacionales dentro de un rodeo cerrado. Los alelos más afectados resultaron ser aquellos asociados a diferencias en el peso al nacer y en el peso al destete, mediciones incluidas en el índice de selección aplicado sobre este rodeo.

- La inferencia de genotipos resultó muy útil para ampliar el número de animales con genotipo en rodeos que se cuenta con un pedigrí. Esta estrategia permitió obtener 44,3% más de genotipos de los que se pudieron tipificar, y se adicionaron 346 animales a los estudios de asociación.

- Los análisis de asociación demostraron que todos los marcadores y/o las regiones cromosómicas, a excepción de GHRc (BTA20), presentaban alguna asociación con los caracteres de crecimiento testeados. Estas asociaciones, a pesar de tener antecedentes en bibliografía, ya sea como asociación de estos mismos polimorfismos o como QTLs, presentan la singularidad de haber sido obtenidas en rodeos alimentados bajo un sistema pastoril. En este tipo de sistemas, las condiciones de alimentación no siempre permiten que se exprese el mayor potencial genético del individuo, hecho que en muchos casos disminuye la varianza.

- En particular se demostraron varias asociaciones de los marcadores con los diferentes caracteres de crecimiento. BP1 resultó asociado con PDD, PDM y AOB dando

en general el alelo 322, valores mayores a los alelos 312 y 310. Por su parte, IGF1 se asoció con PNd, PDd y P600, con el alelo 231 favoreciendo el crecimiento. Además, ETH10 fue asociado con PNd y PDd, y los alelos 216 y 222 estarían produciendo un peso promedio menor que los alelos 214 y 218. El marcador RM029 mostró asociación con PDd, siendo el alelo 82 beneficioso para el crecimiento sobre el 84. Finalmente el SNP L217V de GH se asoció con las mediciones PDd, P400 y P600, siendo el alelo A beneficioso sobre B.

- El estudio de segmentos cromosómicos del BTA5, utilizando los marcadores de a pares mostró asociación del par ETH10-IGF1 con todos los valores de peso directo y del par IGF1-RM029 únicamente con PNd. Estos datos junto a los de los análisis individuales sugieren la presencia de más de un gen en el entorno del IGF1 influenciando el crecimiento. Más aún, probablemente exista algún/os gen/es influyendo el PNd cercano/s al IGF1 y un segundo gen o grupo de genes influyendo el crecimiento posterior en el segmento ETH10-IGF1 (60 – 70 cM aproximadamente).

- Dos asociaciones se destacan por su relación con funciones bioquímicas de los genes ligados a los marcadores. En primer lugar, la asociación del BP1 con el AOB, ya que el marcador está cercano a dos genes que codifican para factores de crecimiento de miocitos (Myf5 y Myf6), que determinan la diferenciación y el desarrollo de los mismos, mientras el AOB es una medida de la muscularidad. La asociación del SNP L217V del GH con los caracteres de crecimiento en etapas de gran anabolismo (PDd, P400 y P600) es coincidente con el rol central de esta hormona en el desarrollo óseo, muscular y adiposo.

## **4.2 CARACTERES DE COLOR**

- Se encontraron cuatro nuevas mutaciones entre los dos genes estudiados. En el gen de la mioglobina se encontró una transición sinónima A por G en el exón 2 del gen. Por su parte en el gen de la glutatión S-transferasa pi 1, los 3 SNPs se encontraron en la zona intrónica y fueron transiciones C por T.

- Se realizó un estudio exploratorio sobre región del BTA5 que contiene a la mioglobina a través de 3 microsátélites (ETH10, IGF1 y RM029). Las muestras estudiadas (n = 50) no presentaron asociación con ninguno de los parámetros CIELAB (L\*, a\* y b\*) medidos y los parámetros calculados (Hue y Cromo). Solamente se

detectó una tendencia ( $P < 0,1$ ) entre IGF1 y pH, dando el genotipo 229/229 un mayor promedio en los valores finales de pH.

- Con los SNPs del gen GSTP1 también se realizó un análisis de asociación exploratorio con los mismos parámetros colorimétricos. Si bien el número de muestras fue reducido ( $n = 17$ ), el modelo detectó una asociación entre el P2 con  $a^*$  ( $P < 0,01$ ) y Cromo ( $P < 0,05$ ), y una tendencia ( $P < 0,1$ ) con  $b^*$ , que deberán corroborarse con un mayor número de muestras. De confirmarse, el genotipo TT daría carne menos roja y más marrón (valores menores de  $a^*$  y Cromo).

