



RESUMEN

Desde la domesticación, los animales han sido seleccionados en base a fenotipos observables y/o medibles. El desarrollo de modelos matemáticos, la genética cuantitativa y la computación, durante el siglo XX, han permitido acelerar y mejorar la exactitud en la selección. Con el desarrollo de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), la biología molecular ha buscado establecer relaciones entre marcadores nucleicos y caracteres productivos, para usarlos como herramientas de selección. En esta tesis trataré de determinar las asociaciones entre marcadores cercanos a genes candidatos, con caracteres relacionados con el crecimiento del animal y con el color de la carne.

Crecimiento Corporal

Por su rol central en el desarrollo y crecimiento del animal, la vía de la Hormona de Crecimiento (GH) ha recibido una mayor atención. La acción biológica sobre los tejidos puede realizarse directamente, actuando sobre el metabolismo de lípidos e hidrocarburos, o indirectamente, a través de las somatomedinas (IGFs), principalmente a nivel óseo y muscular. Finalmente en el músculo, existen factores de transcripción específicos que determinan la diferenciación celular, entre ellos el Myf5. En base a esto, se decidió evaluar la asociación de marcadores ligados a los genes de GH, su receptor (GHRc), IGF1 y Myf5, con caracteres relacionados al crecimiento y la muscularidad: peso al nacer directo (PNd), peso al destete directo (PDd), peso al destete materno (PDm), peso a los 400 (P400) y 600 días (P600), y área de ojo de bife (AOB). Este estudio se realizó sobre un muestreo de 267 animales de dos rodeos Hereford, que a su vez contaban con una genealogía de 4228 animales con datos fenotípicos. Así mismo se realizó un estudio de variabilidad genética en las razas Angus, Criollo Argentino y Hereford (sobre una muestra de 137 animales), y una evaluación del efecto de diferentes criterios y del tiempo de selección sobre las frecuencias de estos marcadores.

El análisis de las frecuencias génicas demostró diferencias atribuibles a la selección aplicada sobre los dos rodeos estudiados, y una tendencia en las frecuencias de casi todos los marcadores analizados en los grupos generacionales dentro del rodeo cerrado. Los alelos más afectados resultaron ser aquellos asociados a los caracteres utilizados en el criterio de selección. En particular se demostraron asociaciones de los microsatélites BP1 (cercano a Myf5) con PDd, PDm y AOB, IGF1 (en región promotora del gen) con PNd, PDd y P600, ETH10 (cercano al IGF1) con PNd y PDd, y RM029 (cercano al IGF1) con PDd. El SNP L217V del GH asoció con las mediciones

P400, P600, y el SNP F279Y del GHRc no asoció con ninguno de los caracteres. El estudio de marcadores de pares mostró asociación del par ETH10-IGF1 con todos los valores de peso directo y del par IGF1-RM029 únicamente con PNd. Estos sugieren la presencia de más de un gen en el entorno del IGF1 influenciando el crecimiento.

Color de la Carne

La definición de la calidad de la carne depende en gran medida de percepciones subjetivas del consumidor. No obstante, el primer atributo que el consumidor detecta es el color y por la decoloración un 15% de la carne vacuna pierde valor. Factores genéticos, ambientales, de transporte y de procesamiento, influyen en los atributos de la carne, sin embargo, en bovinos específicamente, los efectos genéticos han sido poco estudiados. A nivel molecular la carne debe su tonalidad rojiza principalmente a la mioglobina y sus derivados. Post-mortem, el músculo experimenta una serie de procesos que lo convierten en carne. Los factores más influyentes en la decoloración de la carne son la concentración residual de O₂, la formación de radicales y el estado redox de la célula. En particular el glutatión ha demostrado tener un efecto sobre la oximioglobina, y las transferasas sirven como sensores del estado redox de la célula, entre ellas la Glutathion S-transferasa P1 (GSTP1) tiene función de detoxificación celular y de resistencia al estrés oxidativo. De este modo, se decidió la búsqueda de polimorfismos en los genes de la mioglobina y la GSTP1. Luego se realizó la evaluación de la asociación de los polimorfismos encontrados y otros marcadores ligados a estos genes, con diferentes parámetros colorimétricos, a partir de muestras obtenidas en frigorífico y evaluadas para color.

La búsqueda de polimorfismos sobre 53 animales de 12 razas, permitió encontrar cuatro mutaciones respecto de las secuencias publicadas de los dos genes estudiados. En la mioglobina se encontró una transición sinónima A por G, y en el GSTP1, 3 transiciones C por T en la zona intrónica. La asociación se realizó sobre 50 muestras con datos de pH y mediciones de parámetros colorimétricos CIELAB (L*, a* y b*). El estudio exploratorio con microsatélites cercanos a la mioglobina (ETH10, IGF1 y RM029) no detectó ninguna asociación con los parámetros medidos o los parámetros calculados (Hue y Cromo). Por su parte, los estudios con los SNPs del gen GSTP1, demostraron una posible asociación de uno de ellos con los parámetros a* y Cromo.