

Las herramientas del futuro: marcadores moleculares en mejoramiento animal

Ing. Agr. Pablo M. Corva, PhD
Facultad de Ciencias Agrarias
Univ. Nac. Mar del Plata

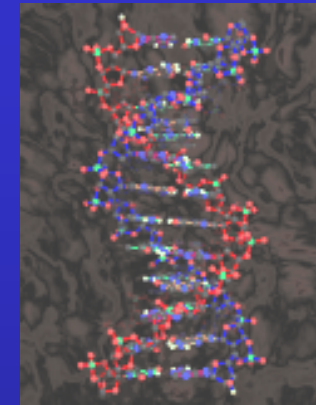


Fenotipo

DEPs, etc.



“Valor Mejorante”
(Breeding Value)

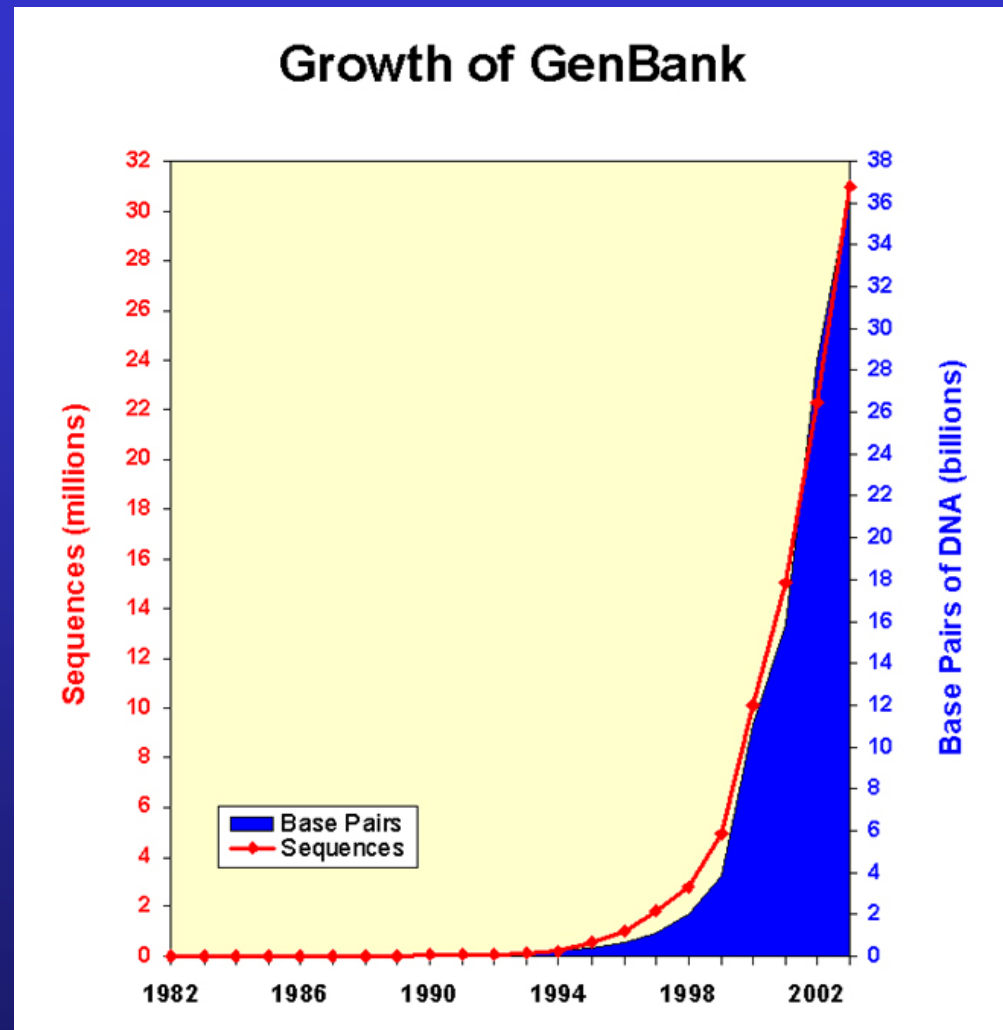


Tecnología
del ADN

Marcadores
Moleculares

(~30.000 Genes?)

Crecimiento de *Genbank*, una de las principales de la base de datos a nivel mundial para secuencias genómicas



El primer “borrador” del genoma bovino ya está disponible!

Pre!Ensembl Cow

Ensembl v32 - Jul 2005

Use Ensembl to...

- Run a BLAST search
- Search Ensembl
- Upload your own data
- Export data

Docs and downloads

- Information
- What's New
- About Ensembl
- Ensembl data
- Software

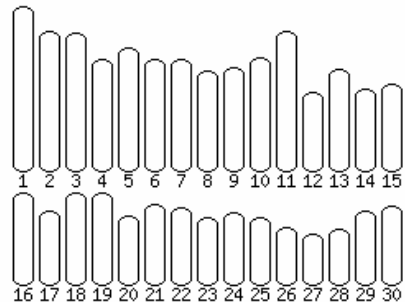
Select a species

- Bos taurus
- Macaca mulatta
- Monodelphis domestica

Explore the *Bos taurus* genome

Karyotype

Click on a chromosome for a closer view



Jump directly to sequence position

Chromosome: or region

From (bp):

To (bp):

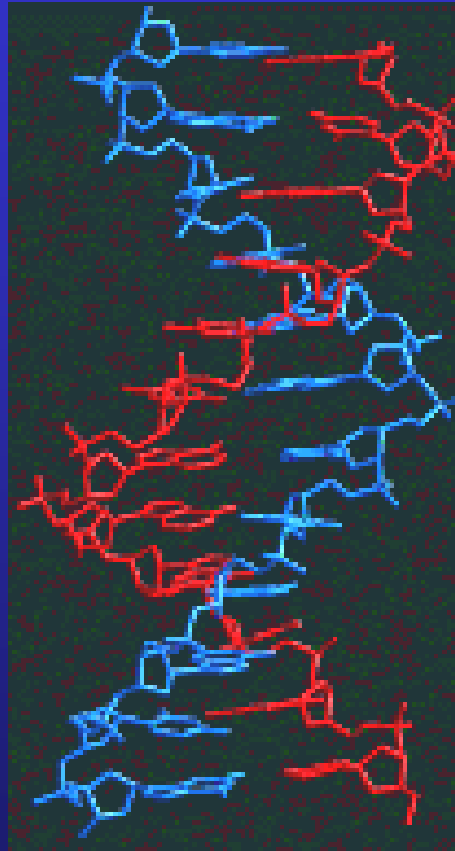


Btau_2.0 is a preliminary assembly of the cow, *Bos taurus*, Hereford breed, using whole genome shotgun (WGS) reads from small insert clones and BAC end sequences. The project coordination and genome sequencing and assembly is provided by the Human Genome Sequencing Center at [Baylor College of Medicine](http://www.hgsc.bcm.tmc.edu/).

The Btau_2.0 release was produced by assembling whole genome shotgun reads with the Atlas genome assembly system. Several WGS libraries, with inserts of 2-4 kb, and 4-6 kb, were used to produce the data. About 23 million reads were assembled, representing about 17.7 Gb of sequence and about 6.2x coverage of the (clonable) bovine genome.

The N50 size is the length such that 50% of the assembled genome lies in blocks of the N50 size or longer. The N50 size of the contigs is 18.9 kb and the N50 of the scaffolds is 434.7 kb. The total length of all contigs is 2.62 Gb. When the gaps between contigs in scaffolds are included, the total span of the assembly is 3.1 Gb.

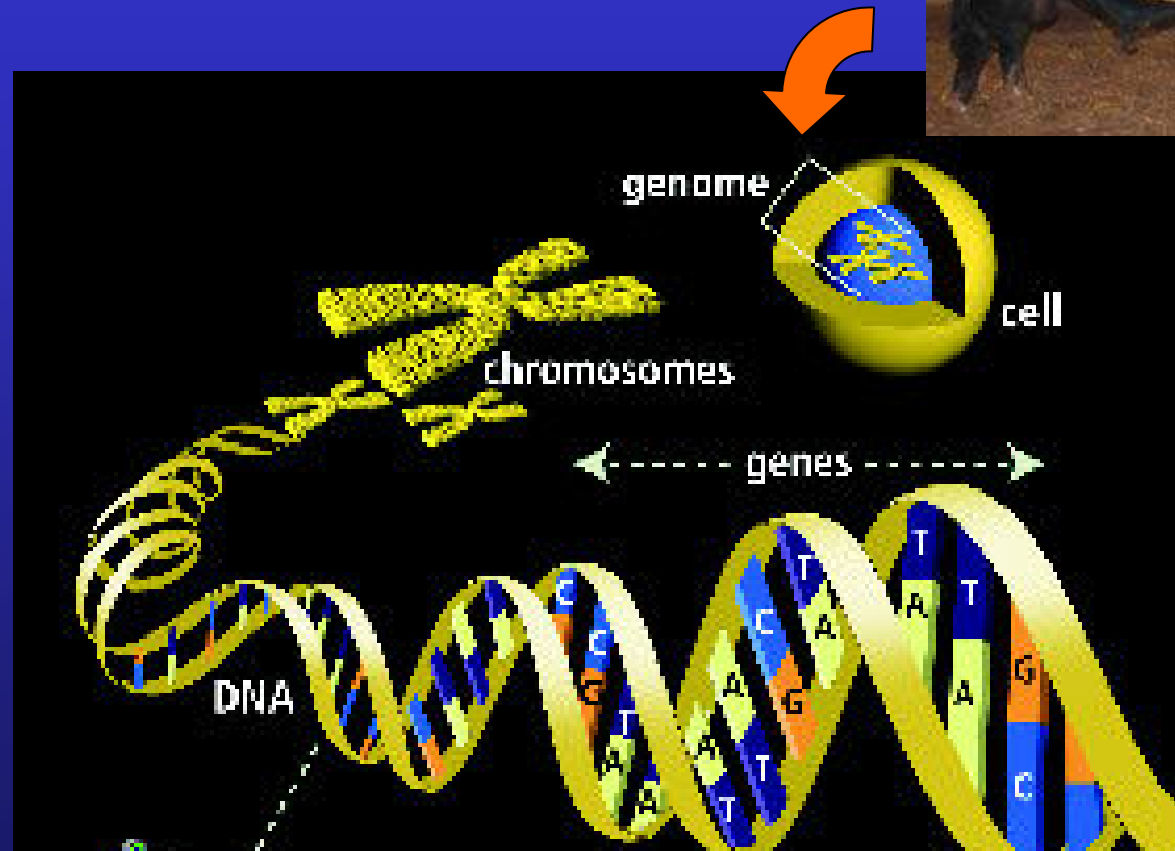
http://pre.ensembl.org/Bos_taurus/index.html



Genética Molecular:

Una “nueva generación”
de tecnología para el
mejoramiento animal?

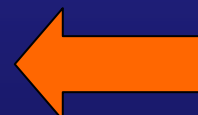
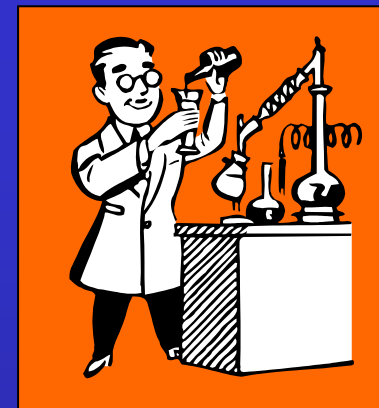
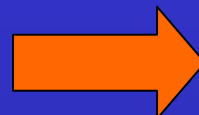
Una breve presentación del ADN



Human Genome Program, U.S. Department of Energy, A 2001 Primer

Aplicaciones de la genética molecular

- Detección de portadores de genes favorables o desfavorables
- Selección asistida por marcadores (SAM)
- Análisis de paternidad y seguimiento de productos (“*traceability*”)



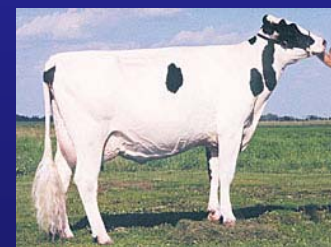
Diagnóstico
Recomendación

Aplicaciones de la genética molecular

- Detección de portadores de genes favorables o desfavorables
- Selección asistida por marcadores (SAM)
- Análisis de paternidad y seguimiento de productos (*“traceability”*)

Test genéticos basados en genes individuales

- Pelajes (Ej. Negro/Colorado)
- Enfermedades (Ej. BLAD, CMV)
- Proteínas de la leche (Ej. Caseínas)
- Miostatina (Doble Músculo)





Negro/Colorado

MC1R



Albino

TYR



“Dun”/Negro

TYRP1



Rosillo

MGF

Diagnóstico para color basado en ADN



Real
Negro

Real
Colorado

Portador
Colorado



Genotipo: E^D/E^D e/e E^D/e

Fenotipo: Negro Colorado Negro

Klungland et al. 1995

Genes y enfermedades: El ejemplo de CVM en Holstein

Padres portadores (*CV)

Blok-Bros Louis-ET
Carlin-M Ivanhoe Bell
Carousel Sierra
Delta Cleitus Jabot
Esquimau
Etazon Labelle
Etazon Lord Lily
Havep Marconi

Padres libres (*TV)

Canyon-Breeze Allen-ET
Delta Herald
Delta Webster
Etazon Addison
Etazon Celsius
Gibbon
La-Poe Shark
Maizefield Bellwood-ET



<http://www.holstein.ca/English/Info/Aug01/cv.html>

Aplicaciones de la genética molecular

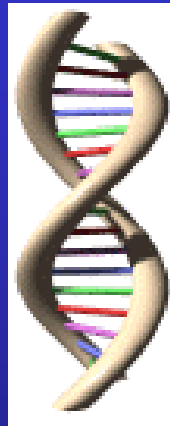
- Detección de portadores de genes favorables o desfavorables
- Selección asistida por marcadores (SAM)
- Análisis de paternidad y seguimiento de productos (*“traceability”*)



El gran problema del mejoramiento animal...



=



+

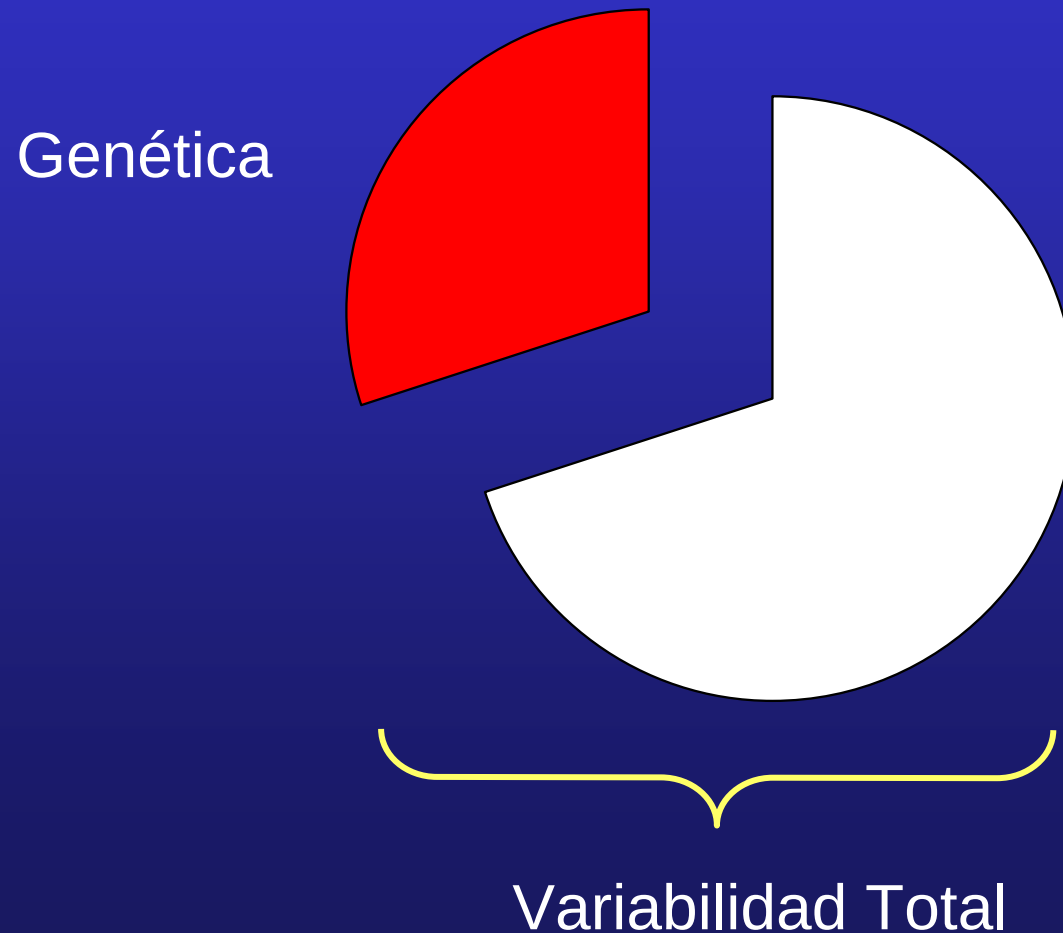


Fenotipo

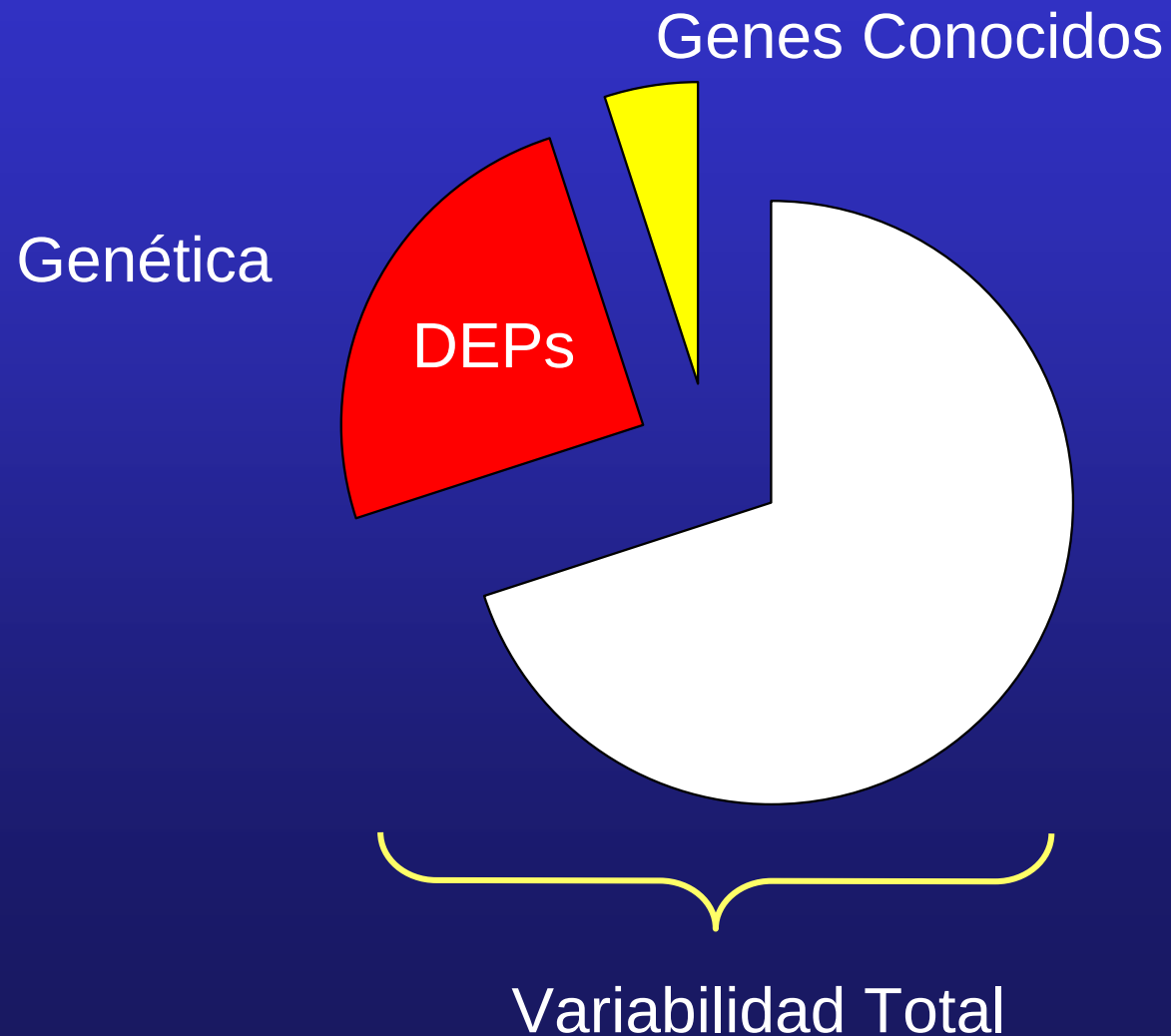
Genotipo

Ambiente

Cómo explicamos las diferencias entre reproductores?



Cómo explicamos las diferencias entre reproductores?





$\frac{M}{m}$



$\frac{m}{m}$

S.O.T.E.



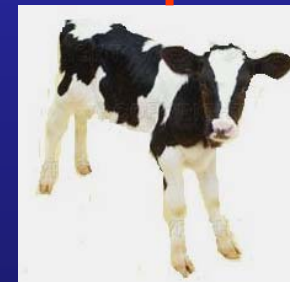
$\frac{m}{m}$



$\frac{m}{m}$



$\frac{M}{m}$



$\frac{m}{m}$

La S.A.M. es más ventajosa cuando

- La h^2 es baja
- El carácter está limitado a un solo sexo
- El carácter tiene expresión tardía
- Interesan caracteres de composición corporal

Utilidad de la Selección Asistida (MAS)

- Resistencia a Enfermedades
- Fertilidad - Reproducción
- Calidad de Carne
- Composición corporal
- Producción de leche
- Crecimiento



Test genéticos para calidad de carne:

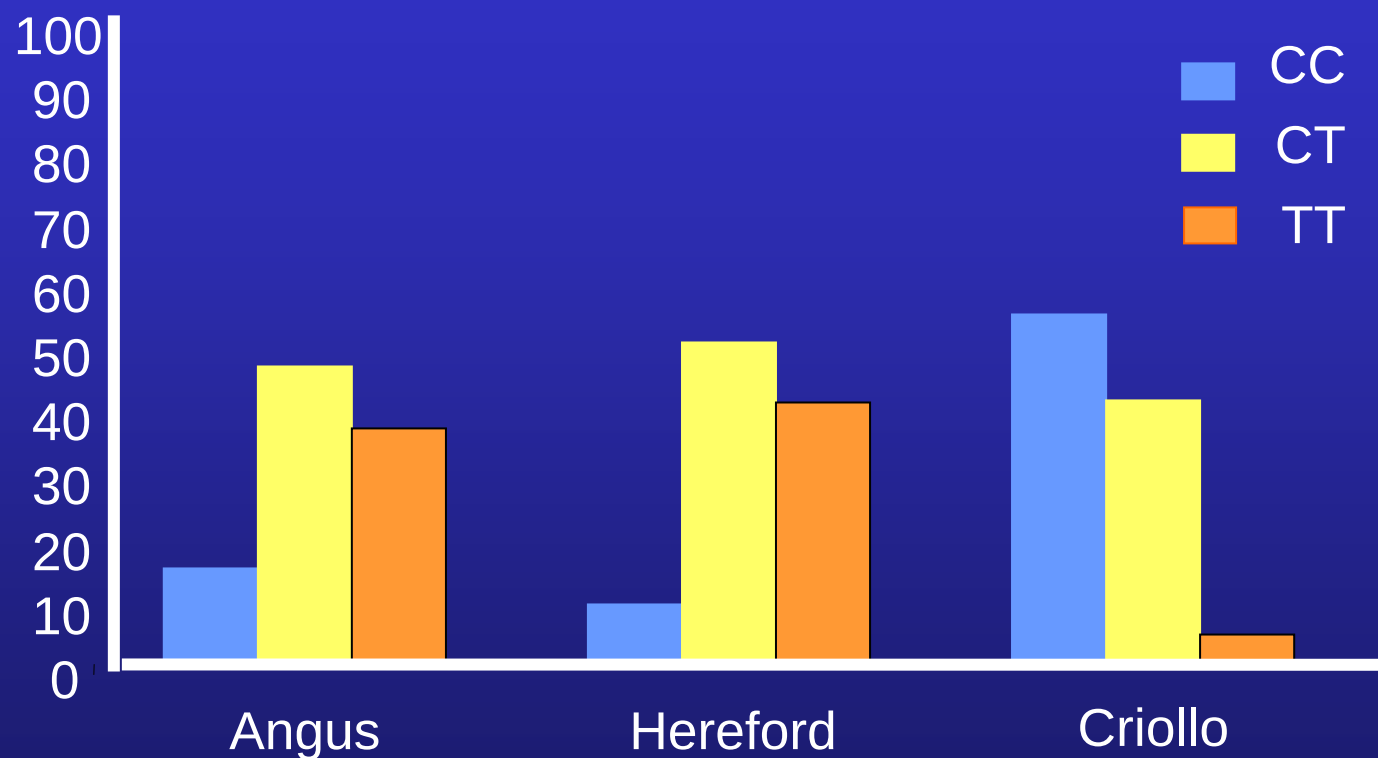
- Veteado (Marbling)
- Terneza (dos genes)
- Engrasamiento



Gen de Leptina

- Proteína en sangre
- Relacionada con control del consumo de alimento, composición corporal
- Conexión Reproducción-Nutrición?
- Una “letra cambiada”: C ó T (mejor la T?)

Frecuencias de genotipos de Leptina



(Toros XI Prueba a campo, Balcarce 2003/4)

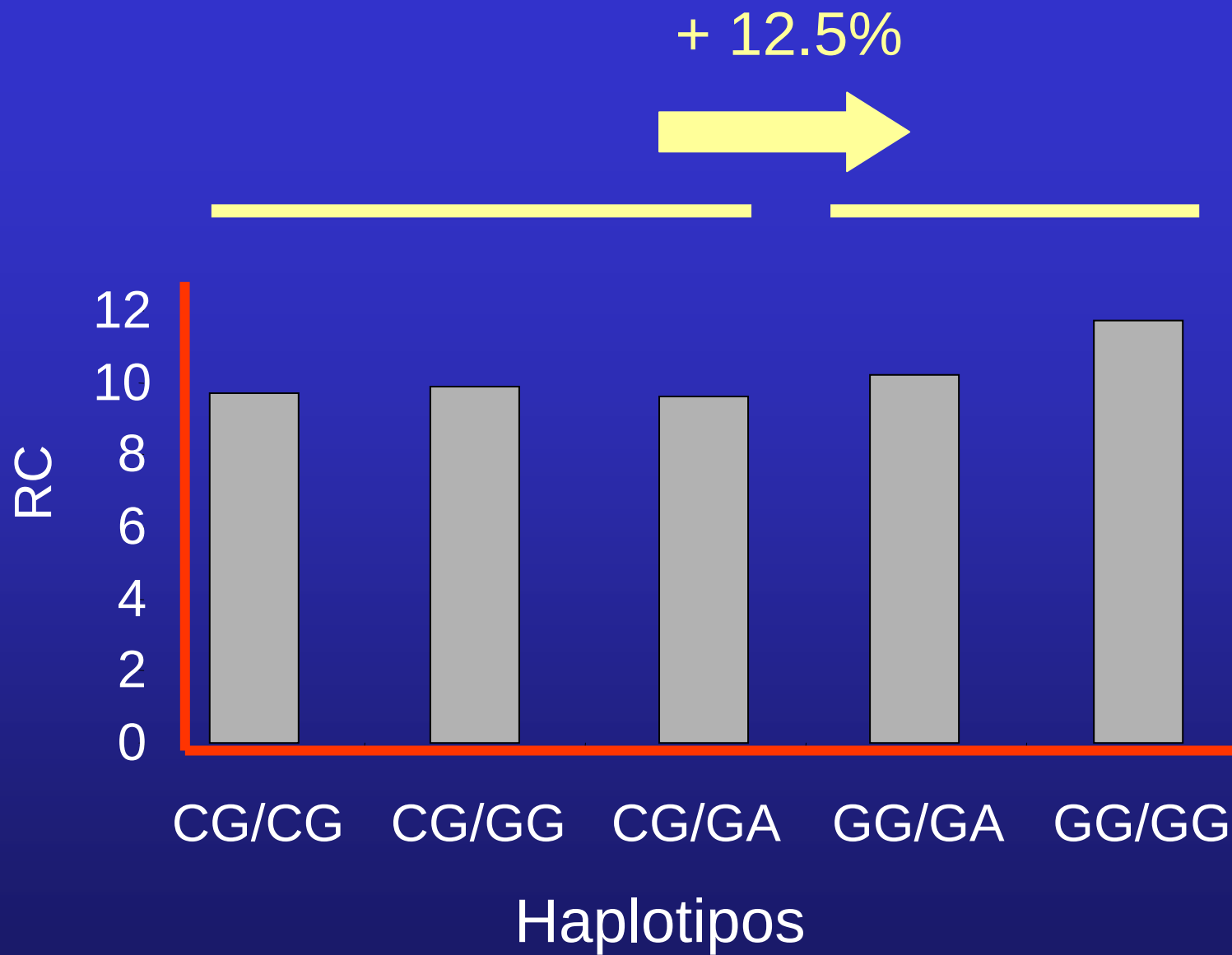
Gen de Calpaína

- Enzima del músculo
- Relacionada con maduración de la carne
- Beneficia la ternera
- Dos “letras cambiadas”: C ó G (mejor la C)
G ó A (mejor la G?)

Frecuencias genotípicas para SNP316 y SNP530 en el gen de Calpaína en 217 novillos

		Raza/Cruza						
	Genotipo	Total	A	H	AH	3/4A	3/4H	LX
SNP316	CC	34	26	-	5	1	-	2
	CG	110	66	6	13	9	6	10
	GG	73	25	7	11	8	7	15
SNP530	AA	3	2	-	-	1	-	-
	AG	47	31	1	2	-	1	12
	GG	167	84	12	27	17	12	15

Soria et al, 2005



Soria et al, 2005

Conclusión:

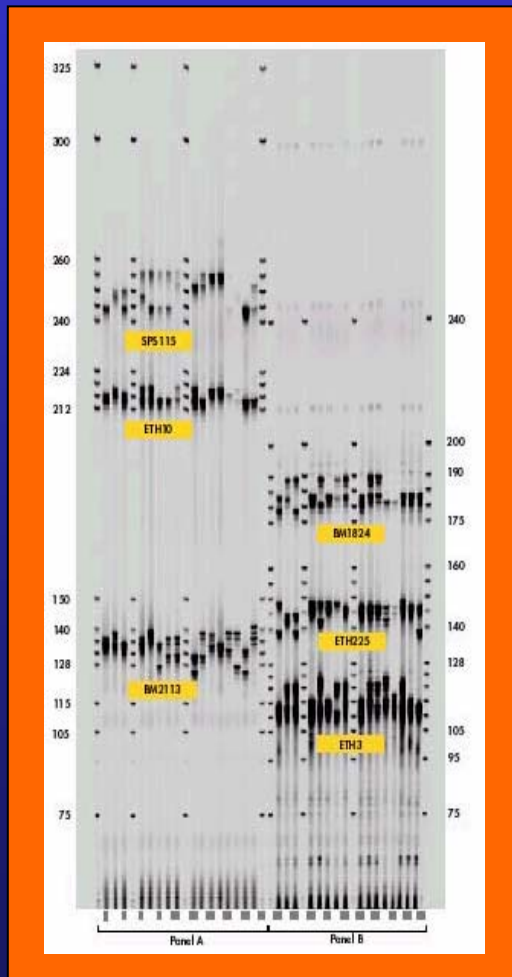
Si tuviera que elegir reproductores
para una mayor terneza de la carne,
me conviene que sean CC en la
posición 316



Aplicaciones de la genética molecular

- Detección de portadores de genes favorables o desfavorables
- Selección asistida por marcadores (SAM)
- Análisis de paternidad y seguimiento de productos (*“traceability”*)

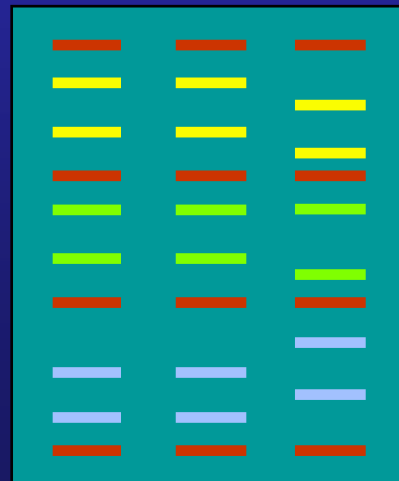
El ADN puede proveernos la “huella dactilar” de un animal



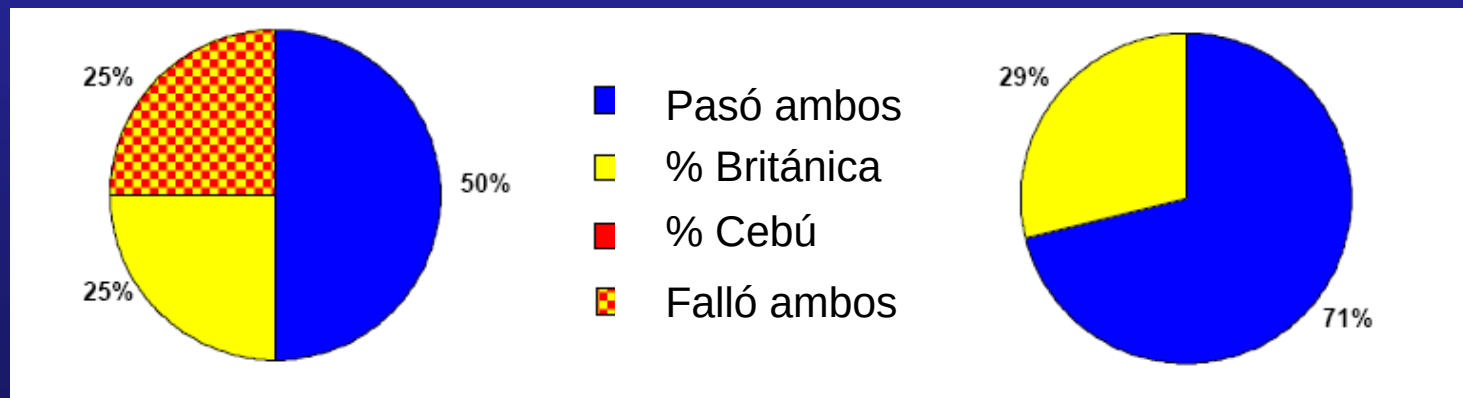
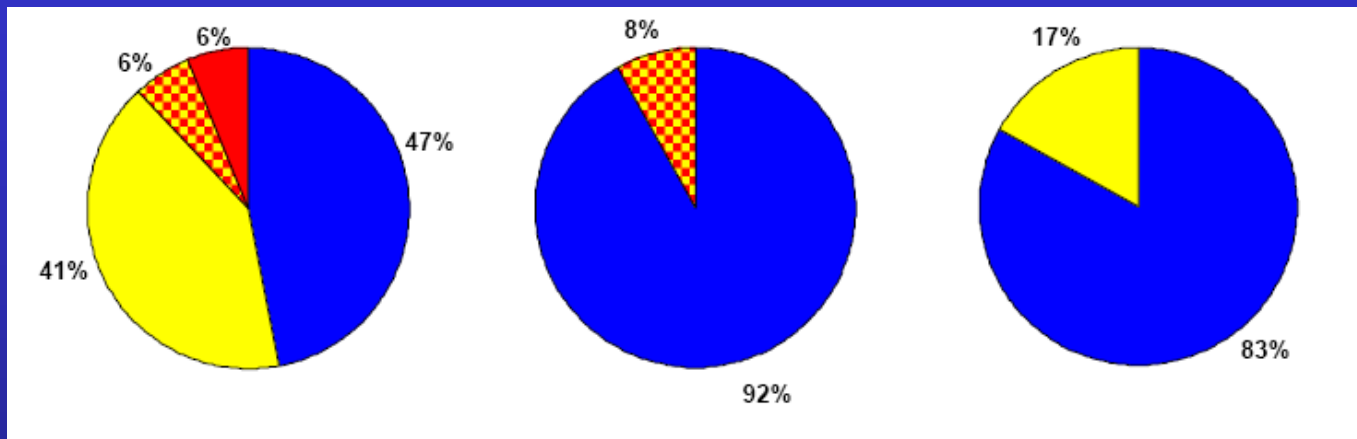
Identificación y paternidad:

- Servicio a campo con varios toros
- Errores en el Pedigree
- Rastreabilidad (Traceability)
- Problemas legales

“Trazabilidad” de animales y carnes



Verificación de identidad racial



Hemos presentado a los marcadores moleculares como una tecnología con futuro...

Pero estemos atentos...

Muy pronto podría ser la tecnología del Presente.

Muchas gracias
por su atención !
¿Hay preguntas?



Prevención del abigeato:

El Poder Judicial P.B.A. acepta como prueba la coincidencia del patrón del ADN entre la carne incautada y restos dejados en el campo

Giovambattista et al, 2001.

J. Forensic Sci.

Caravanas para trazabilidad



Frecuencias y medias de RC para cada haplotipo.

Haplotipo	A	H	AH	3/4A	3/4H	LX	Sub total	RC $\pm$ EE (Kg)
CG/GA	20	-	-	-	-	3	23	9.6 $\pm$ 0.8 ^a
CG/CG	25	-	5	1	-	2	33	9.7 $\pm$ 0.7 ^a
CG/GG	47	6	13	9	6	7	88	9.9 $\pm$ 0.4 ^a
GA/GA	2	-	-	1	-	-	3	-
GG/GA	11	1	2	-	1	9	24	10.2 $\pm$ 0.8 ^{ab}
GG/GG	12	6	9	7	6	6	46	11.7 $\pm$ 0.6 ^b
Subtotal	117	13	29	18	13	27		

Soria et al, 2005



“Doble Músculo”



Pelaje



Cuernos