

Análisis de secuencias del gen trofinina en bovinos holando uruguayo

S. Llambí¹, A. Iriarte¹, R. Gagliardi¹, M. Silveira¹

¹Depto. de Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria, UDELAR. C. electrónico:silvia.llambi@gmail.com

Introducción y Objetivos

La producción lechera se encuentra asociada a una buena aptitud reproductiva del rodeo, en teoría se debería lograr obtener un ternero/vaca por año con un Intervalo parto concepción (IPC) menor a los 90 días. En el Uruguay el IPC en rodeos de producción lechera es largo debido a diversos factores entre los que principalmente se destaca una pobre detección de los celos y una pérdida importante por mortalidad embrionaria (Cavestany *et al.*, 2007). En bovinos uno de los factores de origen genético asociados a mortalidad embrionaria es la inestabilidad en el cromosoma sexual X (sitios frágiles Xq24, Xq31) (Danielak-Czech y Slota., 2004). En dicha región se encuentra identificado un gen (Gen TRO) que codifica para una proteína trofinina que en humanos interviene en la unión del blastocisto al epitelio endometrial del útero durante la implantación embrionaria. Este gen en bovinos ha sido mapeado en la región de inestabilidad cromosómica del X (BTAXq25-33) (Asai., 2004). Dado el poco conocimiento a nivel molecular de este gen en bovinos, su relación con la implantación del blastocisto en humanos y su localización conservada a nivel evolutivo en el cromosoma X en regiones de fragilidad es que nos planteamos como objetivo continuar con el estudio a nivel de secuencias regiones del gen TRO en bovinos.

Materiales y Métodos

Se utilizó muestras de ADN de cinco vaquillonas Holando-Uruguayo controladas citogenéticamente (2n=60,XX) que presentaban fragilidad cromosómica X en cultivos linfocitarios inducidos. Se realizó por PCR amplificación y secuenciación de una región del gen TRO bovino (referencia GenBank AY444495) en las 5 muestras de ADN (Llambí *et al.*, 2010). Las secuencias se procesaron con el programa Bioedit (alineamiento por correspondencia secuencias aminoacídicas), base de datos Ensembl y ESTGenbank.

Resultados

El alineamiento obtenido (332bp) en bovinos Holando-Uruguayo coincide con secuencia referencia del *Bos Taurus*. Del análisis de la misma se desprende que en el linaje de los ungulados (bovinos, suinos) existe una deleción seguida de un indel (inserción/deleción) que produce un corrimiento del marco de lectura. Se observa alta conservación en las secuencias analizadas no detectándose polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) en las 5 muestras secuenciadas. La comparación con la secuencia de referencia AY444495 mostró un sitio polimorfo de tipo sinónimo (posición 255 del alineamiento)

Discusión

En nuestro trabajo las 5 secuencias obtenidas son similares a las analizadas por Asai, 2004. Dicho autor identifica una deleción de secuencia similar a la nuestra con respecto a secuencias en el humano y otros mamíferos. Este autor no encuentra SNPs entre los animales analizados (6 distintos ADN genómicos bovinos). Sin embargo en los bovinos Holando-Uruguayos encontramos un SNP con respecto a los bovinos analizados por dicho autor aunque este produce un cambio de codón sinónimo. Utilizando la base de datos EST genbank y comparando la secuencia encontramos que dicho gen es expresado en el bovino.

Referencias

- ASAI, M. 2004. Tesis Doctoral. Swiss Federal Institute of Technology Zurich, ETH n° 15838: 1-97.
CAVESTANY, D.; BETANCOUR, H.; BLANC, E.; LEMAIRE, C.; SLAVICA, J.; MOREIRA, F.; PIAGGIO, J. AND RISCO, C. 2007. Austr. Vet. J. 85: 141-147.
DANIELAK-CZECH, B.; SLOTA, E. 2004. J. Anim Feed Sci. 13: 257-267.
LLAMBI, S; GAGLIARDI, R; IRIARTE, A; MONTENEGRO, M; SILVEIRA, M. 2010. XIII Jornadas Sociedad Uruguaya Biociencias.