

## ASOCIACIÓN DE CAMBIOS AMINOACÍDICOS DEL GEN DRB<sub>3</sub> Y MASTITIS MEDIANTE CONTEO DE CÉLULAS SOMÁTICAS

Baltian LR<sup>1</sup>, Ripoli MV<sup>2</sup>, G Giovambattista<sup>2</sup>. <sup>1</sup>FCV, UNLPam. <sup>2</sup>IGEVEV-CONICET, FCV, UNLP.

e-mail: lbaltian@yahoo.com.ar

Se ha estudiado la asociación entre la estructura proteica de las moléculas del MHC, el reconocimiento y la presentación de antígenos. La intensidad de la respuesta inmune es regulada por los motivos aminoacídicos de los sitios de reconocimiento a antígenos (ARS). Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue estudiar la asociación entre dichos motivos y la resistencia/susceptibilidad a mastitis medida mediante el número de células somáticas en leche de ganado Holstein de la provincia de La Pampa. La población se dividió en: 1) grupo caso, con altos conteo de células somáticas (CCS) y presencia de mastitis (susceptible) y 2) grupo control con bajo (resistente). De 128 animales, 40 fueron tipificados para el segundo exón del gen BoLA-DRB3 mediante la técnica de secuenciación directa. De cada grupo se tomaron 20 animales. Este análisis permitió detectar 24 alelos en nuestra población. Se calcularon las frecuencias génicas de los motivos aminoacídicos de los cinco bolsillos (1, 4, 6, 7 y 9) del ARS en los dos grupos de animales. El estudio de asociación no mostró diferencias significativas entre los motivos aminoacídicos de los bolsillos 1, 4, 7 y 9 entre los grupos con alto y bajo CCS. Sin embargo, el motivo T<sup>11</sup>Y<sup>30</sup> del bolsillo 6 (presente en los alelos BoLA-DRB3 \*0601, \*0901 y \*4401) evidenció un valor significativo de OR= 0,11 (p=0,03). Esto sugiere una asociación entre dicho motivo con un menor riesgo a desarrollar mastitis. El rol del motivo aminoacídico T<sup>11</sup>Y<sup>30</sup> en la respuesta inmune de los animales que lo poseen deberá ser validado en poblaciones independientes.

## SNPS DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A PRODUCCIÓN DE LECHE EN BOVINOS HOLANDO Y CRUZAS HOLANDO X JERSEY

Raschia MA<sup>1</sup>, EL Nicolazzi<sup>2</sup>, DO Maizon<sup>3</sup>, MJ Beribe<sup>1</sup>, HA Carignano<sup>1</sup>, JP Nani<sup>4</sup>, AF Amadio<sup>4,5</sup>, MA Poli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEAF, INTA Castelar, Argentina.

<sup>2</sup>Fondazione Parco Tecnologico Padano, Via Einstein, Loc. Cascina Codazza, Lodi, Italia. <sup>3</sup>INTA, EEA Anguil, Argentina. <sup>4</sup>INTA, EEA Rafaela, Argentina. <sup>5</sup>CONICET.

e-mail: raschia.maria@inta.gob.ar

Los estudios de asociación sobre regiones/genes candidatos se basan en una hipótesis previa que sugiere un potencial rol de la región/gen en un fenotipo particular. El objetivo de este trabajo fue identificar asociaciones entre SNPs en regiones y de genes candidatos y valores de cría predichos a partir de la estimación de la producción de leche acumulada a 305 días durante la primera lactancia de bovinos Holando (H) y Holando x Jersey (HxJ). Los valores de cría se obtuvieron con el programa WOMBAT, utilizando un modelo lineal mixto considerando como efectos fijos a la raza, año de nacimiento, tambo, estación y año de inicio de lactancia y al valor genético aditivo de los animales como efecto aleatorio. El análisis de asociación se realizó mediante la estrategia FASTA del paquete GenABEL de R, utilizando la matriz de relaciones genómicas y teniendo en cuenta la estructura poblacional (animales emparentados y raza -H y HxJ). Fueron evaluados 821 animales y 10.227 SNPs (15 bloques). Doce SNPs en cuatro cromosomas se asociaron a la producción de leche ( $1,10^{-5} < \text{valores } p \text{ corregidos} < 1,0^{-4}$ ). Considerando 100 kb a ambos lados de cada uno de los SNPs significativos y utilizando el programa *Ingenuity Pathway Analysis*, seis genes cercanos a estos SNPs fueron agrupados por poseer funciones comunes. Estos resultados permitirán limitar las regiones a analizar en la búsqueda de variantes alélicas responsables de la variabilidad genética de este rasgo y la conexión funcional establecida entre los genes implicados ayudará a interpretar la interacción biológica existente entre ellos.

## FRECUENCIAS ALÉLICAS DE POLIMORFISMOS DE CALPAÍNA Y CALPASTATINA EN TERNEROS CRUZA ANGUS DEL NEA

De Biasio MB, GL Sandoval, EC Almirón, LR Jara, FA Jastrzebski.  
Servicio Veterinario de Biología Molecular. Cátedra de Bioquímica.  
e-mail: leandro\_yet@hotmail.com

En la tiernización de la carne *post-mortem* participan dos enzimas calpaína y calpastatina (CAPN y CAST). Las CAPN más activas confieren mayor terneza, mientras que las CAST con mayor actividad inhiben más a las CAPN. La detección de polimorfismos en los genes de dichas enzimas permitiría identificar animales con diferente predisposición para producir carne más tierna. Se extrajo ADN genómico (CTAB) a partir de sangre anticoagulada de 37 bovinos Brangus 7/8 de un establecimiento ganadero chaqueño. Se analizaron mediante PCR-RFLP regiones polimórficas de interés de los genes de CAPN2 (dominio de unión a Ca<sup>++</sup>) y de CAST (sustitución G → C en región exónica), produciendo fragmentos de 1800 pb y 624 pb, que fueron digeridos por las enzimas HhaI y AluI respectivamente. Los productos obtenidos fueron separados en agarosa/bromuro de etidio y visualizados por transiluminación UV. La frecuencia del alelo que favorece la terneza en el gen de CAPN en los terneros Brangus fue de 0,31; con un 8,82% de homocigosis (ho) y 47,06% de heterocigosis (he). Los respectivos datos de CAST (alelo menos favorable) fueron: frecuencia de 0,69, ho= 44,12 y he=50%. Estos datos de CAPN2 concuerdan con los del Instituto de Promoción de la Carne Vacuna Argentina para polimorfismos del mismo gen en la Raza Aberdeen Angus. En cambio, la frecuencia alélica de CAST fue inferior, con ho menor y he mayor.

## ESTUDIO DE ASOCIACIÓN GÉNICA PARA CARACTERÍSTICAS DE PUBERTAD SEXUAL EN TOROS GUZERAT

Fernandez ME<sup>1</sup>, M Drumond<sup>2</sup>, JP Liron<sup>1</sup>, AM Loaiza Echeverri<sup>2</sup>, DE Goszczynski<sup>1</sup>, AH Falomir Lockhart<sup>1</sup>, A Rogberg Muñoz<sup>1</sup>, MRJM Henry<sup>2</sup>, DA Andrade de Oliveira<sup>2</sup>, G Giovambattista<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata-CONICET-Facultad de Ciencias Veterinarias. <sup>2</sup>Escuela de Veterinaria, Universidad Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil.  
e-mail: guillermogiovambattista@gmail.com

En bovinos existen importantes diferencias intra e interraciales en la edad a la cual los toros arriban a la pubertad. Guzerá constituye una de las principales razas criadas en Brasil. El objetivo de este trabajo fue llevar a cabo un estudio de asociación de genes candidatos con la edad de inicio de la pubertad. Se seleccionaron 107 toros de tres establecimientos con fenotipos extremos para esta variable fenotípica. Se tomaron medidas repetidas de la circunferencia escrotal (CE), Motilidad espermática (M) y peso (P). Las muestras de ADN se genotificaron mediante la técnica de MALDI-TOF con la plataforma SEQUEOm para 81 SNPs ubicados en genes candidatos para pubertad sexual. Del total de genes analizados, 45 fueron polimórficos en esta raza. Para evaluar las asociaciones genéticas se utilizó la rutina *PROC MIXED* del paquete estadístico SAS incluyendo en el modelo el establecimiento y el genotipo como factores fijos, el padre como efecto aleatorio y el peso a los 360 días como covariable. El gen Tiroglubulina (TG) fue asociado significativamente con la edad estimada mediante M y CE. Además, los genes Folistatina (FST) y el Receptor de la Prostaglandina E2 (PTGER2) fueron asociados con la edad estimada por CE, mientras que los genes Sintetasa de Ácidos Grasos (FASN) y Glutación S-Transferasa P1 (GSTP1) a la edad estimada por M. Cabe destacar que los genes FST y TG fueron previamente asociados con pubertad sexual en la raza Angus.

## MAPEO FINO DE QTL QUE AFECTAN CARACTERES DE MOHAIR EN EL CHI5 EN UNA POBLACIÓN DE CAPRINOS ANGORA

Rodriguez D<sup>1</sup>, P Ragone<sup>1</sup>, EM Cano<sup>1</sup>, M Abad<sup>2</sup>, HR Taddeo<sup>2</sup>, MA Poli<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald Favret", CICVyA INTA, CC 25, B1712WAA, Castelar Argentina. <sup>2</sup>INTA EEA Bariloche, CC 277, R8403DVZ, Bariloche, Argentina.  
e-mail: canopereira.ema@inta.gob.ar

El objetivo del presente estudio fue realizar un mapeo fino en la región centromérica del cromosoma caprino (CHI) 5 con el fin de identificar las mutaciones causales asociadas a caracteres de calidad y cantidad del vellón en una población de cabras de raza Angora. Con este fin, 634 hijos pertenecientes a 14 familias de medio-hermanos paternos fueron analizados. A la edad de 4 y 11 meses, nueve medidas fenotípicas de calidad y cantidad de vellón fueron registradas. A partir de la reciente disponibilidad de la secuencia completa del genoma caprino, fueron desarrollados 13 marcadores moleculares del tipo microsatélites. En esta primer etapa, seis marcadores informativos y distribuidos en 13 cM de la región centromérica del CHI5 (INTA957, INTA177, INTA246, INTA824, FCB005, LSCV25) fueron genotipados en la población objeto de estudio. El intervalo promedio entre marcadores fue de 3,6 cM. Un análisis de ligamiento fue realizado bajo el modelo de medio-hermanos mediante el programa GridQTL (<http://sce-bio-c03269.bio.ed.ac.uk/>). El análisis permitió identificar un nuevo QTL afectando el coeficiente de variación del diámetro promedio de fibra (CVAFD) a los 4 meses de edad, ligado al marcador INTA824 próximo al gen de queratina KRT80. El valor estimado de la varianza explicada por el QTL fue de 6,76 % y el efecto del QTL expresado en desvíos estándar fenotípico, fue de 0,88. Asimismo, este estudio permitió confirmar los QTL afectando fibras meduladas kemp y peso de vellón sucio (PVS), a los 4 y 11 meses de edad respectivamente.

## QTL RELACIONADOS CON FIBRAS CAPRINAS EN EL CHI2 DE UNA RETROCRUZA ANGORA X CRIOLLO NEUQUINO

Debenedetti S<sup>1</sup>, EM Cano<sup>2</sup>, MA Poli<sup>2</sup>, HR Taddeo<sup>3</sup>.<sup>1</sup>Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación, CC142 (8430) El Bolsón, Río Negro. <sup>2</sup>INTA-CNIA-Instituto de Genética Ewald Favret, Castelar, Buenos Aires. <sup>3</sup>INTA, EEA Greenville Morris, Bariloche, Río Negro.  
e-mail: sdebenedetti@elbolson.com

La producción de fibras caprinas es una actividad primaria relevante en la Patagonia Argentina. Tanto la cantidad como la calidad de las fibras, son caracteres complejos afectados por las interacciones entre el medio ambiente, las hormonas, factores de crecimiento y sus receptores a nivel celular. Los genes de las queratinas KRT y KAP han sido sugeridos como determinantes genéticos para su producción. El principal objetivo de este estudio fue realizar un mapeo de QTL relacionados con rasgos de Mohair y Cashmere, para detectar loci implicados en caracteres productivos. El material de estudio fue una población experimental retrocruza Angora x Criollo Neuquino de 513 individuos agrupados en cinco cohortes consecutivos. Se registró la genealogía y datos genotípicos, junto a registros productivos para la progenie a los 5 meses de edad. Se evaluaron 19 variables de fibra mediante *tests* de laboratorio estandarizados y 5 variables histológicas de piel mediante microscopía. Se utilizó un mapa de ligamiento basado en marcadores SSR para los cromosomas 1, 2, 5, 13 y 19. El análisis se realizó mediante regresión, utilizando un mapeo por intervalo compuesto. Se informan únicamente los resultados del cromosoma 2, detectándose dos QTL en dos regiones diferentes, que afectan a las variables rinde al lavado (RL) y largo de mecha (LM). LM se relaciona con una investigación anterior en una población Angora. No se han encontrado evidencias anteriores para RL. Se dará continuidad a estas evidencias mediante mapeo fino utilizando chips de SNP.

## ANÁLISIS DE CARACTERES FANERÓPTICOS Y ZOOMÉTRICOS EN CABRA CRIOLLA DE LA PAMPA DEPRIMIDA BONAERENSE

Cattaneo AC<sup>1</sup>, P Arroyo<sup>1</sup>, MS Trigo<sup>1,2</sup>, AG Antonini<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), FCV, UNLP. <sup>2</sup>Curso de Introducción a la Producción Animal, FCAyF, UNLP.

e-mail: cattaneo.ac@gmail.com

La producción caprina en la Provincia de Buenos Aires se desarrolla como un modelo de doble propósito, destinado a la producción de carne y leche, con un biotipo particular de animales logrado a partir de la cruce de individuos de raza criolla con reproductores de razas lecheras como la Saanen y Nubian. El objetivo del presente trabajo fue analizar caracteres fanerópticos y zoométricos en una población de cabras de la Pampa Deprimida bonaerense. Para ello se registraron 10 variables fanerópticas, tales como color de capa, presencia de mamelas y cuernos, etc. y se tomaron 14 medidas corporales de 59 individuos del hato caprino perteneciente a la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la UNLP. A partir de estos datos se calcularon 9 índices zoométricos. Con estos datos, utilizando el Análisis de Varianza del programa estadístico *STATGRAPHICS* Centurión, se pudo establecer que el resultado fenotípico es significativamente diferente para el índice Corporal (ICO) según presenten o no mamelas, siendo aquellos animales que presentan mamelas los que tienen un ICO más bajo. Asimismo, se realizó un análisis discriminante que evidenció la diferente distribución de los animales dentro de la población según la presencia/ausencia de mamelas y los índices corporal y pelviano (IPE). Aquellos animales con mamelas tienen un mayor ICO y menor valor de IPE, que estaría asociado a un menor rendimiento al momento de la faena.

## ESTUDIO PRELIMINAR DEL ORIGEN MATERNO DE OVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA

Peña S<sup>1</sup>, G López<sup>1</sup>, R Martínez<sup>1</sup>, D Posik<sup>2</sup>, G Giovambattista<sup>2</sup>, E Villegas Castagnasso<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora. <sup>2</sup>IGEVEV-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias-UNLP.

e-mail: sabpo3@yahoo.com.ar

Los ovinos fueron introducidos por los españoles durante la colonia, a partir del año 1525, transportados como animales de consumo en los buques desde los puertos de Sevilla, Cádiz y las Islas Canarias. Así, ingresaron a las islas del Caribe y posteriormente al continente Americano. Con el propósito de conocer los orígenes genéticos de los ovinos criollos argentinos, se muestrearon 4 poblaciones de nuestro país: Buenos Aires (BA), Corrientes (CO), Santiago del Estero (SE) y Salta (SA). Estos grupos fueron seleccionados por presentar características representativas de la raza. Las muestras analizadas corresponden a hembras adultas, tomadas al azar de cada población (nBA=20), (nCO=20), (nSE=20) y (nSA=24). Para el análisis de los matrilineajes se utilizó la región control del D-Loop mitocondrial. La extracción de ADN se realizó por método orgánico y el amplicón se obtuvo utilizando los cebadores reportados Pro y Phe. Para poder secuenciar la región control se emplearon los cebadores internos BGD y H3C. Las secuencias de ADN obtenidas se editaron utilizando el programa *ChromasPro*. El análisis de similitud se realizó mediante los programas *CLUSTALW2* y *ARLEQUIN*, incluyendo en este análisis los haplogrupos nodales ovinos (A, B y C). En contraste con lo que sucede con los bovinos, los haplogrupos ovinos tienen una mayor correlación con el sitio geográfico de origen; así este análisis preliminar permite evidenciar que las ovejas criollas presentan haplotipos que pueden incluirse en el haplogrupo B (linaje europeo), siendo concordante con el origen histórico de esta raza.

## INTERACCIÓN HUÉSPED-PARÁSITO Y RESPUESTA INMUNE EN RATONES INFECTADOS CON *Trichinella spiralis*

Codina AV<sup>1</sup>, MD Vasconi<sup>1,2</sup>, P Indelman<sup>2</sup>, A Di Martino<sup>1</sup>, RJ Di Masso<sup>1,3</sup>, LI Hinrichsen<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, UNR. <sup>2</sup>Área Parasitología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR. <sup>3</sup>CIC-UNR  
e-mail: lhinrich@unr.edu.ar

Las infecciones parasitarias son enfermedades de difícil erradicación. Se caracterizan por su cronicidad y son generalmente endémicas debido a un proceso dinámico de reinfecciones repetidas. La infección por *Trichinella spiralis* induce en el huésped una respuesta inmune local a nivel intestinal que luego se vuelve sistémica. Esta suele ser, sin embargo, insuficiente para evitar el implante de larvas infectantes. El estudio de la carga parasitaria muscular (CPr: larvas/g tejido) en el día 30 pos-infección (p-i) puso de manifiesto la susceptibilidad de la línea CBi+ (CPr=982), la resistencia de la línea CBi/L (CPr=147) y un comportamiento intermedio (CPr=371) de los cruzamientos recíprocos entre ellas. Independientemente del huésped, el estudio de las interleuquinas IL-2, IL-4, IL-10 e IFN $\gamma$  en los días 6, 13 y 30 p-i mostró un patrón combinado Th1/Th2. Con el objetivo de profundizar en los eventos inmuno-reguladores que conducen al rechazo del parásito, se estudió el comportamiento de las mismas IL en ratones (n=8) de los grupos genéticos mencionados en el comienzo de la infección (día 3 p-i). Se observaron efectos heteróticos positivos y significativos para IL-2 e IL-10 (H=79 y 87% respectivamente, P<0,01) y negativos y significativos para IFN $\gamma$  (H=67%, P<0,01). Los resultados sugieren que la F<sub>1</sub> inicia una fuerte respuesta inmune protectora temprana (perfil Th2) con el fin de lograr la expulsión parasitaria. Sin embargo, esta respuesta es rápidamente modulada en intensidad y eficacia por el parásito, favoreciendo de esta manera su establecimiento en el huésped.

## MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN GENÉTICA DE CYP3A EN CORTES LAMINARES HEPÁTICOS DE RATAS Y BOVINOS

Maté ML<sup>1</sup>, M Ballent<sup>1</sup>, Lifschitz<sup>1</sup>, K Larsen<sup>1</sup>, C Lanusse<sup>1</sup>, G Virkel<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Farmacología, Centro de Investigación Veterinaria Tandil (CIVETAN-CONICET), FCV-UNCPBA, Campus Universitario (7000) Tandil.  
e-mail: mlmate@vet.unicen.edu.ar

Numerosos estudios demostraron la utilidad de los cortes laminares de tejido hepático (*slices*) para el estudio de la modulación de la expresión de enzimas pertenecientes al sistema citocromo P450 (CYP). La dexametasona (DEX) es un conocido agente inductor de la expresión genética de la subfamilia CYP3A. El objetivo del presente trabajo fue valorar el efecto de la DEX sobre la expresión y la función de CYP3A23 de rata y CYP3A28 de bovino. Se prepararon *slices* hepáticos utilizando un micrótomo Brendel/Vitron®. Los cortes laminares se incubaron (12 h) en ausencia (controles) y en presencia de DEX 100  $\mu$ M en el medio de Williams E dentro de un incubador dinámico bajo una atmósfera de O<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub>. Se determinó la viabilidad del tejido hepático por histopatología y cuantificando la actividad lactato deshidrogenasa en el medio de cultivo. En *slices* hepáticos de rata, la DEX incrementó significativamente (controles=1,0  $\pm$  0,2; tratados=3,2  $\pm$  0,9) la expresión genética de CYP3A23 (p<0,028) y una actividad enzimática dependiente de CYP3A. Sin embargo, no hubo cambios en los niveles de ARNm de los factores de transcripción que modulan la expresión de CYP3A23. Por otra parte, en los *slices* hepáticos bovinos el tratamiento con DEX no produjo cambios en la expresión de CYP3A28 ni de los factores de transcripción que modulan su expresión. Los resultados observados en el presente trabajo constituyen un aporte a la comprensión de las diferencias entre especies con respecto a la respuesta a un mismo agente modulador de las enzimas involucradas en el metabolismo hepático de xenobióticos.

## ANÁLISIS MULTIVARIADO Y FUENTES DE VARIANCIAS PARA CARACTERES PRODUCTIVOS EN POLLOS CAMPEROS

Dottavio AM<sup>1,2</sup>, SA Advínculo<sup>1</sup>, A Martínez<sup>1</sup>, JE Librera<sup>1,3</sup>, ZE Canet<sup>1,3</sup>, R Fernández<sup>1</sup>, RJ Di Masso<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias. <sup>2</sup>CIC-UNR, Universidad Nacional de Rosario. <sup>3</sup>INTA Pergamino.

e-mail: anadottavio@hotmail.com

El efecto del grupo genético (GG: Campero Casilda, Campero Pergamino y Campero INTA), del manejo de la alimentación (M: dos o tres raciones) y de la interacción (GG x M) sobre cuatro caracteres productivos (A: peso asintótico, P: proporción de pechuga, G: proporción de grasa abdominal y R: rendimiento) se evaluó con un ANOVA correspondiente a un experimento factorial 3x2. No se observaron efectos significativos sobre ninguno de los caracteres a excepción del efecto GG sobre la G ( $P=0,04$ ) lo que permite considerar a los tres genotipos como alternativas equivalentes para la producción de pollos camperos en ambas situaciones de manejo. El análisis en componentes principales (PCA) no mostró agrupamientos significativos coincidentes con los grupos evaluados. De las componentes generadas, la tercera (PC3) explicó el 24% de la variancia total, se correlacionó positivamente con P ( $r=0,69$ ;  $P<0,0001$ ) y R ( $r=0,68$ ;  $P<0,0001$ ) y no mostró asociación con A ( $r=-0,04$ ;  $P=0,737$ ) ni con G ( $r=0,02$ ;  $P=0,823$ ). La cuarta componente (PC4) explicó el 20% de la variancia total, se correlacionó negativamente con A ( $r=-0,59$ ;  $P<0,0001$ ) y positivamente con G ( $r=0,63$ ;  $P<0,0001$ ) y no mostró asociación con P ( $r=0,11$ ;  $P=0,329$ ) ni con R ( $r=-0,15$ ;  $P=0,151$ ). PCA ha sido propuesto como estrategia para generar índices biológicos de selección. La combinación de PC3 y PC4 podría utilizarse en estas aves camperas en tanto aquellas con altos valores de PC3 y bajos valores de PC4 ( $21/88=24\%$ ) presentan una combinación óptima de los cuatro caracteres ( $> P, > R, < A$  y  $< G$ ).

## MUTACIONES ASOCIADAS A RESISTENCIA A CUMAFÓS Y PIRETROIDES EN VARROA DESTRUCTOR

Quintana S<sup>1,2</sup>, G Mitton<sup>2,4</sup>, S Medici<sup>1,2</sup>, F De Piano<sup>4,5</sup>, I Pagnuco<sup>6</sup>, M Eguaras<sup>2,3</sup>, M Maggi<sup>2,3</sup>, S Ruffinengo<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular de Fares Taie, Instituto de Análisis, Rivadavia 3343, Mar del Plata, Argentina. <sup>2</sup>Centro de investigación en Abejas Sociales (CIAS), Laboratorio de Artrópodos, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. UNMdP. <sup>3</sup>CONICET, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. <sup>4</sup>Comisión de Investigaciones Científicas (CIC). <sup>5</sup>Apicultura, Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP. <sup>6</sup>Grupo de Procesamiento Digital de Imágenes, Fac. de Ingeniería, UNMdP. e-mail: biologiamolecular@farestaie.com.ar

La constante aplicación de acaricidas de síntesis para el control de *Varroa destructor*, ha ocasionado la aparición de poblaciones de ácaros resistentes a los mismos. En esta especie, se ha descrito la existencia de la mutación L925V en el gen del canal de sodio vinculada a la resistencia a piretroides, mientras que en otras especies de ácaros, se ha observado la presencia de mutaciones en el gen de la enzima acetilcolinesterasa 1 (AChE1) en relación a la resistencia al cumafós. El objetivo de este estudio, fue desarrollar una metodología de PCR en tiempo real y análisis por *High Resolution Melting* (HRM), para la detección de mutaciones en estos genes, de *V. destructor*. Se extrajo ADN de diferentes poblaciones de ácaros y las reacciones de PCR se realizaron con el intercalante *EvaGreen*. Luego de la amplificación, se efectuó una curva de HRM de 72 a 95° C. Se desarrolló una metodología de PCR en tiempo real y análisis por HRM, para la detección de la mutación L925V asociada a resistencia a piretroides y la detección de mutaciones en los diferentes exones del gen de AChE1 en muestras de ADN de *V. destructor*. En las poblaciones estudiadas, no se encontraron mutaciones. No obstante, las metodologías desarrolladas permitirán estudiar diferentes poblaciones de *V. destructor* y determinar la base genética de la resistencia a los piretroides y al cumafós. Estas nuevas herramientas, podrán ser utilizadas en futuros monitoreos de la susceptibilidad a estos acaricidas, con el fin de mejorar significativamente los planes sanitarios para el control de la varroosis en la Argentina.