

GMA 5

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL GEN *BRCA1*, RELACIONADO AL CÁNCER DE MAMA, EN UNA MUESTRA POBLACIONAL DE CANINOS DE URUGUAY

Decuadro A.¹, S. Llambí², A. Benech¹, Gagliardi R.². ¹Facultad de Veterinaria, Departamento de Pequeños Animales, UdelaR, Uruguay; ²Facultad de Veterinaria, Unidad de Genética y Mejora Animal, UdelaR, Uruguay. rgagliar@gmail.com

En caninos, particularmente en hembras no ovariectomizadas (esterilizadas), los tumores de mama son las neoplasias más frecuentes, representando cerca de la mitad de los casos oncológicos evidenciados mundialmente. Uno de los elementos que ha favorecido el aumento de la incidencia de esta patología, es la mayor expectativa de vida de estos animales. Tanto en esta especie como en humanos, el gen *BRCA1*, supresor tumoral, ha sido ampliamente estudiado. Ciertos polimorfismos de este gen pueden llevar a que la proteína que codifica pierda su función. Esto tiene como consecuencia la disminución de su expresión, lo que representa un paso crítico en el desarrollo del cáncer de mama. Por otra parte, se debe considerar las similitudes presentes entre ambas especies en lo que respecta a los tumores en sí mismos, así como en los factores que favorecen su aparición, lo que lleva a que el perro sea un buen modelo para el estudio de la enfermedad en humanos. El objetivo de este trabajo fue comparar polimorfismos presentes en el gen *BRCA1* (ENSCAFG00000014600) entre dos grupos de perras, con y sin tumores, ingresadas al Hospital de la Facultad de Veterinaria, UdelaR (Montevideo, Uruguay). Este estudio fue aprobado por el Comité de Ética y Uso de Animales (CEUA) con el número 518, y por las personas a cargo de los animales. Los polimorfismos estudiados en nuestro caso no presentaron diferencias entre las perras con y sin tumores, lo que podría haberse debido, entre otros factores, a lo heterogéneo de los grupos en estudio.

GMA 6

ESCORE DE CAPA. UNA POSIBLE EXPLICACIÓN PARA LA HUELLA DE SELECCIÓN CEBUINA LOCALIZADA EN EL CROMOSOMA BOVINO 5: (47.670.001–48.100.000 PB)

Balbi M.^{1,2}, M. Bonamy^{1,2}, M.E. Fernandez¹, P. Alvarez Cecco¹, R.J.A. Vaca², A. Rogberg Muñoz¹, P. Peral García¹, A.J. Prando², G. Giovambattista¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Producción Bovina, UNLP, Argentina; ²Facultad de Ciencias Veterinarias, IGEVET – Instituto de Genética Veterinaria “Ing. Dr. Fernando Noel Dulout”, UNLP-CONICET, Argentina. guillermogiovambattista@gmail.com

Más del 65% de la población bovina mundial se encuentra en regiones cálidas donde el estrés térmico limita la cría de razas europeas. Para incrementar la producción en estas regiones, se desarrollaron razas compuestas, como Brangus, que conservan las principales características de las razas parentales: adaptación (cebuina) y producción (taurina). La piel y sus anexos cumplen un rol central en la respuesta al estrés térmico. Estudios previos han identificado genes y regiones asociados a la resistencia al calor. El objetivo del presente trabajo consistió en determinar si el porcentaje de genes índicos está asociado al tipo de capa o si hay genes mayores segregando en Brangus. Se genotiparon 108 toros mediante *microarray* de SNPs y se evaluaron el *escore* de capa, medido con una escala de siete categorías que consideran el largo y el grosor del pelo, y el largo del pelo. La correlación entre el porcentaje cebuino y las características no resultó significativa. El GWAS evidenció que siete ventanas de SNPs en los cromosomas BTA5 y BTA4 explicaron más del 2% la varianza. El *escore* de capa en verano mostró el mayor pico en BTA5: 46.941.446–48.030.219 pb, explicando 4,65% de la varianza. Este segmento está cercano a la fijación en los cebuinos, es la mayor región bajo selección y tiene la mayor diferenciación genética entre los cebuinos y taurinos. Estos resultados sugieren que la variación en el *escore* de capa y el largo del pelo en toros Brangus estaría asociado a genes mayores más que con el porcentaje cebuino.

FONCYT-ANPCyT -2016-3033; CONICET PUE-2016 N° 22920160100004CO