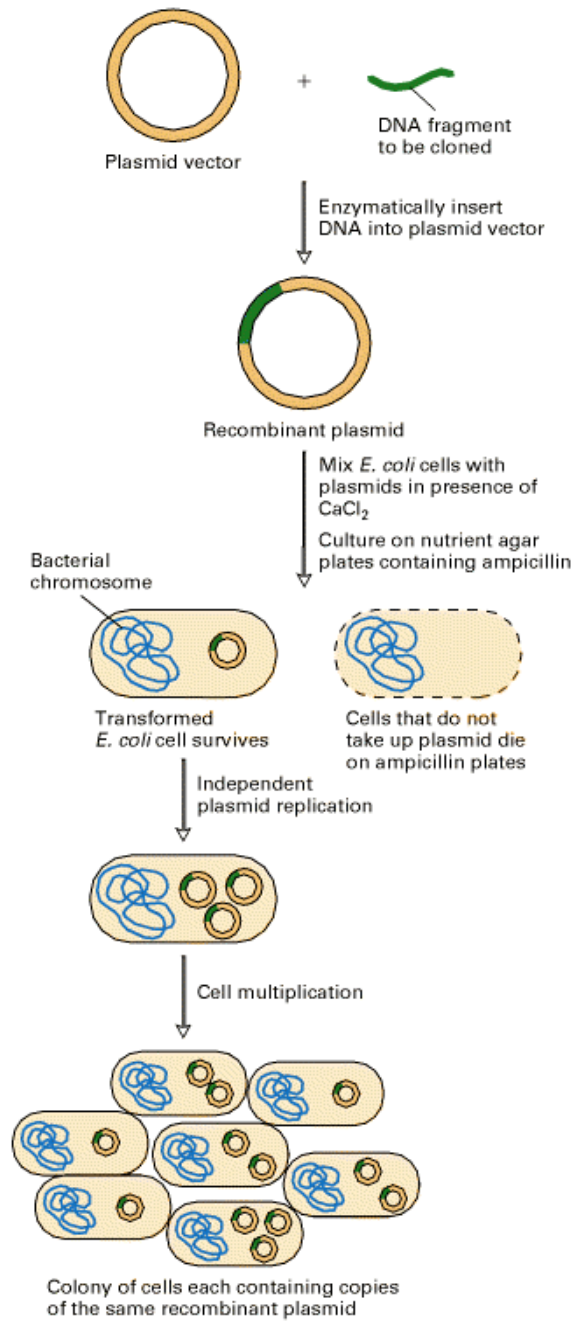


**Biotechnología y Genómica Animal**  
Soria, Liliana A; Huguet, Miguel J; Silvestro, C



**Figura 1.** Clonación de un fragmento de ADN en *E coli* utilizando un plásmido como vector (Lodish y col)

Vectores de alta capacidad empleados	Capacidad (Kb)
Cósmidos/Fósmidos	30 – 45
Vectores basados en fago P1	80 - 100
PAC (cromosoma artificial derivado del fago P1)	50 - 150
BAC (cromosomas artificiales bacterianos)	100 - 300
YAC (cromosomas artificiales de levaduras)	200 - 1000

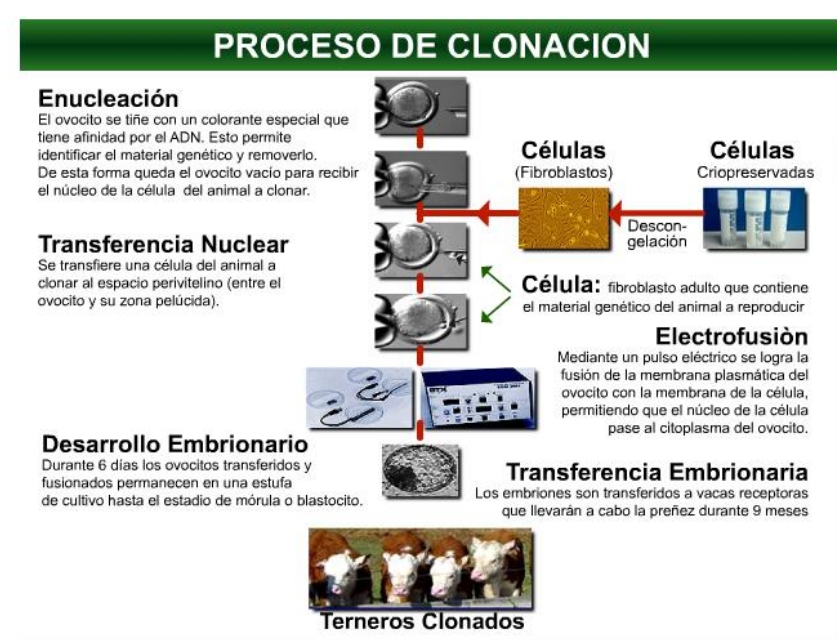


Figura 2. Esquema de la técnica de clonación de mamíferos ([www.goyaike.com.ar](http://www.goyaike.com.ar))

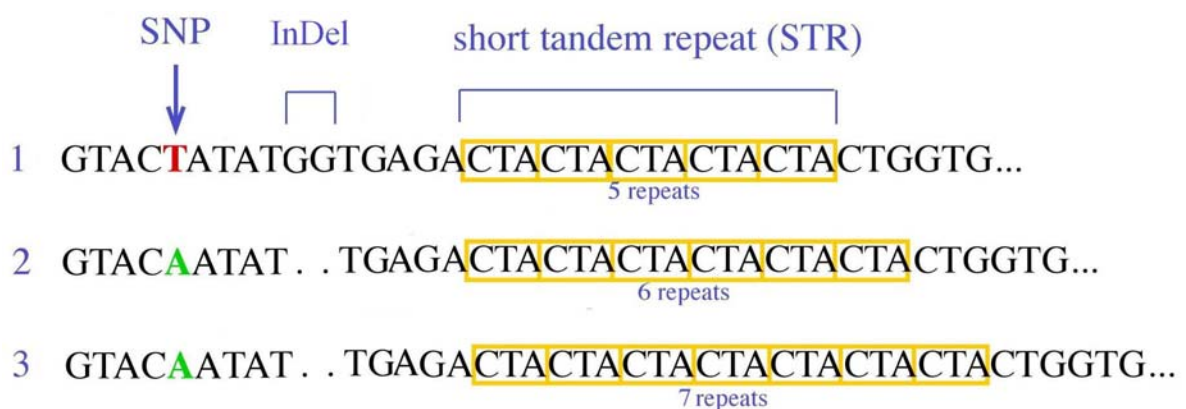
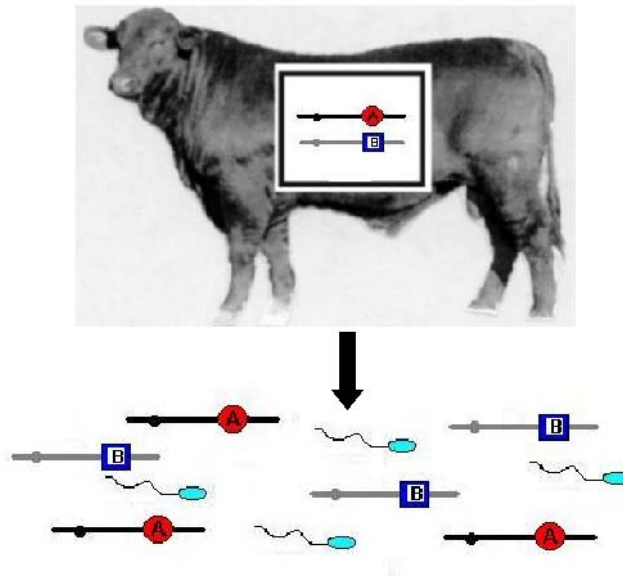
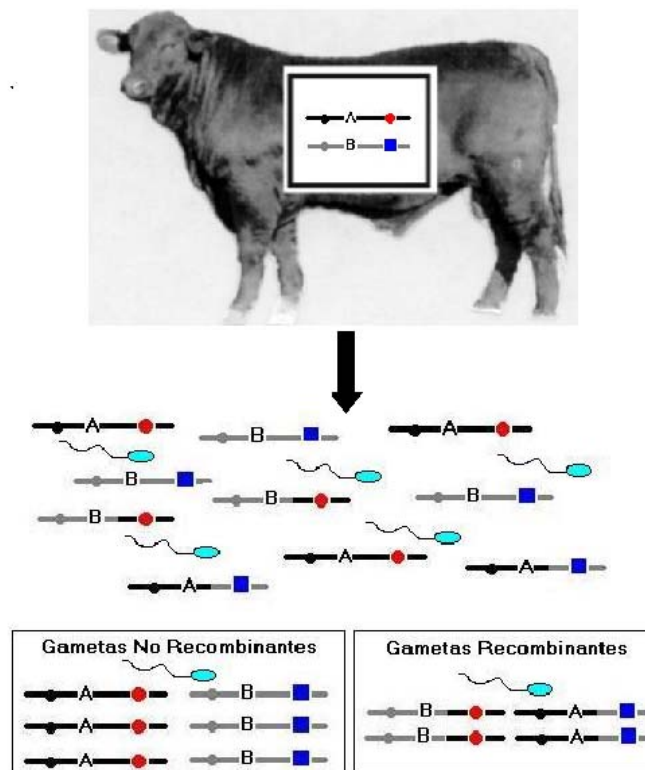


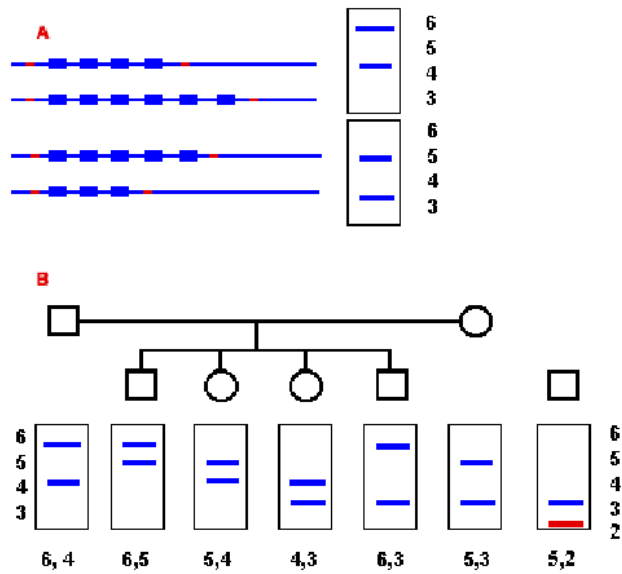
Figura 3. Tipos de polimorfismos en tres secuencias de ADN distintas, que pueden ser marcadores moleculares



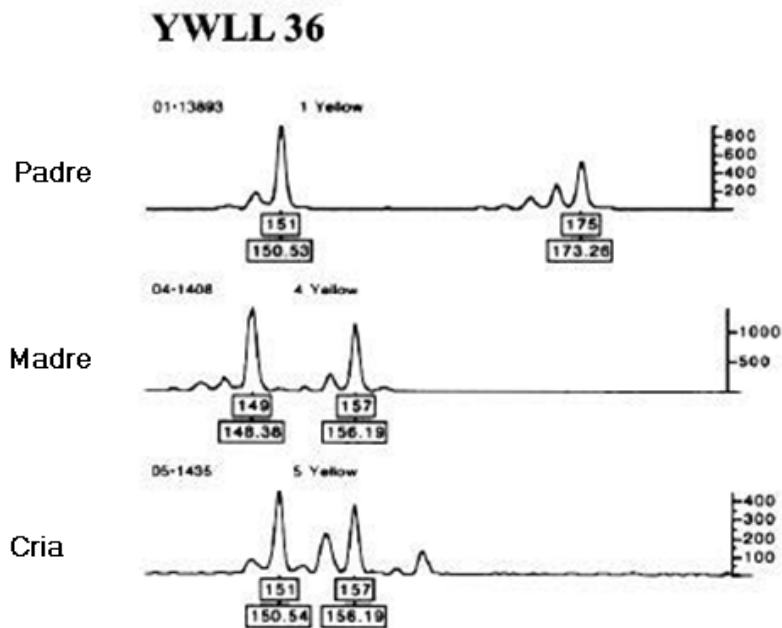
**Figura 4.** Se indica con la letra A y B a los alelos del marcador y con un círculo o un cuadrado a las variantes alélicas del gen de interés.



**Figura 5.** Se indica con la letra A y B a los alelos del marcador y con un círculo o un cuadrado a las variantes alélicas del gen de interés. La distancia que separa al gen del marcador determina el porcentaje de gametas recombinantes.



**Figura 6.** **A.** En el esquema se representan los cromosomas homólogos de dos individuos diferentes, cada uno de los cromosomas contiene distintas copias de un mismo STR. **B.** El esquema representa las bandas que se observarían en un gel cuando se analiza un mismo STR en los miembros de una familia y en un individuo no emparentado.



**Figura 7.** Análisis de paternidad en alpacas (Rodríguez y col)  
La imagen corresponde al análisis del marcador YWLL36 con el software GeneScan 2.1 y Genotyper 2.5 (ABI PRISM).

**Tabla 1.** Heterocigocidad observada (H(o), contenido de información polimórfica (PIC) y probabilidad de exclusión individual (PE) y acumulada (PEa) de microsatélites utilizados para determinar parentesco y paternidad en alpacas (Rodríguez y col)

PCR Múltiple	Microsatélites	H(o)	PIC	PE	PEa
M1	LCA 19	0.702	0.709	0.548	0.9191
	YWLL 29	0.787	0.786	0.634	
	YWLL 40	0.660	0.604	0.408	
	YWLL 46	0.383	0.307	0.174	
M2	LCA 23	0.638	0.779	0.621	0.9286
	LCA 22	0.511	0.477	0.294	
	YWLL 36	0.894	0.852	0.733	
M3	YWLL 43	0.304	0.639	0.452	0.9637
	LCA 5	0.809	0.744	0.575	
	YWLL 08	0.915	0.918	0.844	
M1+M2+M3	10 Microsatélites				0.9998

**Tabla 2.** Ejemplos de marcadores utilizados en bovinos y cerdos (Jeon y col).

Traits or Tests	Genes or Markers	References
<i>Beef cattle</i>		
Parentage test	Microsatellite markers	Heyen <i>et al.</i> (1997), Schnabel <i>et al.</i> (2000)
Individual identification	Microsatellite markers	Caja (2004), Arana <i>et al.</i> (2002)
Breed assignment	Microsatellite markers	Maudet <i>et al.</i> (2002)
Citurlinaemia	<i>ASS</i>	Dennis <i>et al.</i> (1989)
Maple syrup urine	<i>BCKDHA</i>	Dennis and Healy (1999)
Mannosidosis	<i>LAMAN, MANB</i>	Berg <i>et al.</i> (1997), Leipprandt <i>et al.</i> (1999)
Meat tenderness	<i>CAST, CAPNI</i>	Loneragan <i>et al.</i> (1995), Page <i>et al.</i> (2002)
Coat colour roan	<i>MGF</i>	Seitz <i>et al.</i> (1999)
Double muscling	<i>GDF8</i>	Grobet <i>et al.</i> (1997)
<i>Pig</i>		
Parentage test	Microsatellite markers	Nechtelberger <i>et al.</i> (2001a)
Individual identification	Microsatellite markers	Caja (2004)
Porcine stress syndrome	<i>RYS</i>	Fujii <i>et al.</i> (1991)
Litter size	<i>ESR, PRLR</i>	Rothschild <i>et al.</i> (1996), Linville <i>et al.</i> (2001)
Dominant white	<i>KIT</i>	Pielberg <i>et al.</i> (2002)
Extent of colour	<i>MC1R</i>	Kijas <i>et al.</i> (2001)
Intramuscular fat	<i>FABP3</i>	Gerbens <i>et al.</i> (2001)
Acid meat	<i>PRKAG3</i>	Milan <i>et al.</i> (2000)
Feed intake	<i>MC4R</i>	Kim <i>et al.</i> (2000)
<i>E.coli</i> F18 sensitivity	<i>FUT1, FUT2</i>	Meijerink <i>et al.</i> (1997)

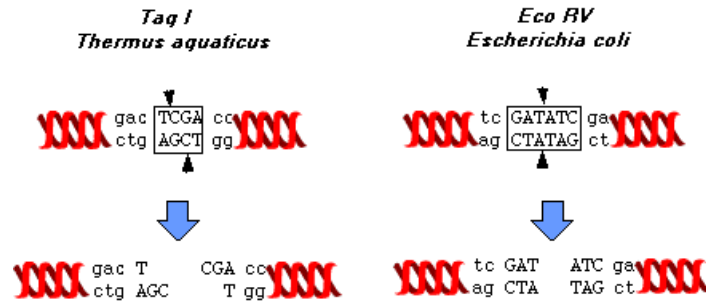
**Tabla 3.** Marcadores para calidad de carne utilizados en bovinos y cerdos (Basu y col)

Gene name (symbol)	Species	DNA variant*	Targeted trait	Reference
Acetyl coenzyme A carboxylase $\alpha$ ( <i>ACACA</i> )	Pig	c.5634T > C in exon 46 c.6681G > T in exon 54	Fatty acid desaturation	Muñoz et al., 2007
Calpastatin ( <i>CAST</i> )	Pig Cattle	Several SNPs identified Several SNPs identified	Tenderness Tenderness	Ciobanu et al., 2004 Barendse et al., 2007
Endothelial differentiation sphingolipid G-protein-coupled receptor 1 ( <i>EDG1</i> )	Cattle	c.-312A > G c.446G > A	Marbling	Yamada et al., 2008
Fatty acid synthase ( <i>FASN</i> )	Cattle	g.17924A > G (Thr > Ala)	Fatty acid composition	Morris et al., 2007
Protein kinase, AMP-activated, gamma 3 non-catalytic subunit ( <i>PRKAG3</i> )	Pig	G599A (R200Q)	Low meat pH and water holding capacity	Milan et al., 2000
Myostatin ( <i>MSTN</i> ) or growth differentiation factor 8 ( <i>GDF8</i> )	Sheep Cattle	g.6723G > A in 3' UTR 821del11 (frameshift) G938A (Cys313Try)	Muscularity Muscling/fatness Double-muscling Double-muscling	Clop et al., 2006 Kijas et al., 2007 McPherron and Lee, 1997
Stearoyl-CoA desaturase ( <i>SCD</i> )	Cattle	c.T878C (Val293Ala)	Fatty acid composition	Taniguchi et al., 2004
Thyroglobulin ( <i>TG</i> )	Cattle	C1696T	Marbling	Barendse, 1999

The information of genetic polymorphisms particularly related to meat quality traits were listed and extracted in part from Ibeagha-Awemu et al. (2008).

\*Detailed gene mutation information is available in the original article.

**ANEXO**  
**TÉCNICAS DE BIOLOGÍA MOLECULAR**



**Figura 1.** Tipos de extremos que pueden generar las enzimas de restricción

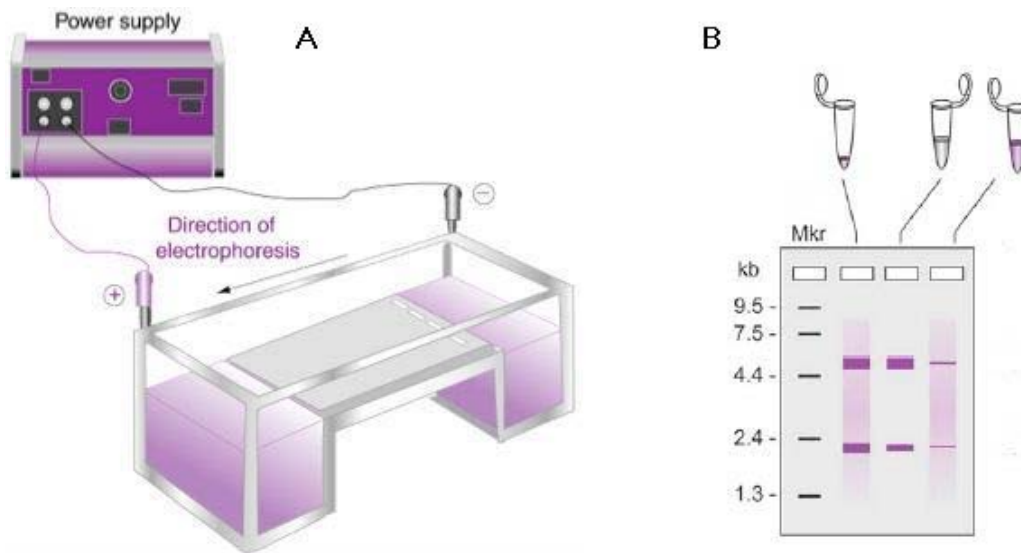
**Tabla 1.** Algunas enzimas de restricción con sus secuencias de restricción y el tipo de extremos que generan (Fitzgerald-Hayes & Reichsman).

Enzyme	Microbial Source	Sequence*
<i>AluI</i>	<i>Arthrobacter luteus</i>	$5' \text{---} \text{A} \text{---} \text{G} \text{---} \downarrow \text{C} \text{---} \text{T} \text{---} 3'$ $3' \text{---} \text{T} \text{---} \text{C} \text{---} \uparrow \text{G} \text{---} \text{A} \text{---} 5'$
<i>BamHI</i>	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> H	$5' \text{---} \text{G} \text{---} \downarrow \text{G} \text{---} \text{A} \text{---} \text{T} \text{---} \text{C} \text{---} \text{C} \text{---} 3'$ $3' \text{---} \text{C} \text{---} \text{C} \text{---} \text{T} \text{---} \text{A} \text{---} \text{G} \text{---} \uparrow \text{G} \text{---} 5'$
<i>EcoRII</i>	<i>Escherichia coli</i>	$5' \text{---} \downarrow \text{C} \text{---} \text{C} \text{---} \text{T} \text{---} \text{G} \text{---} \text{G} \text{---} 3'$ $3' \text{---} \text{G} \text{---} \text{G} \text{---} \text{A} \text{---} \text{C} \text{---} \text{C} \text{---} \uparrow 5'$
<i>HaeIII</i>	<i>Haemophilus aegyptius</i>	$5' \text{---} \text{G} \text{---} \text{G} \text{---} \downarrow \text{C} \text{---} \text{C} \text{---} 3'$ $3' \text{---} \text{C} \text{---} \text{C} \text{---} \uparrow \text{G} \text{---} \text{G} \text{---} 5'$
<i>HindIII</i>	<i>Haemophilus influenzae</i> b	$5' \text{---} \text{A} \text{---} \downarrow \text{A} \text{---} \text{G} \text{---} \text{C} \text{---} \text{T} \text{---} \text{T} \text{---} 3'$ $3' \text{---} \text{T} \text{---} \text{T} \text{---} \text{C} \text{---} \text{G} \text{---} \text{A} \text{---} \uparrow \text{A} \text{---} 5'$
<i>PstI</i>	<i>Providencia stuartii</i>	$5' \text{---} \text{C} \text{---} \text{T} \text{---} \text{G} \text{---} \text{C} \text{---} \text{A} \text{---} \downarrow \text{G} \text{---} 3'$ $3' \text{---} \text{G} \text{---} \uparrow \text{A} \text{---} \text{C} \text{---} \text{G} \text{---} \text{T} \text{---} \text{C} \text{---} 5'$

**Tabla 2.** Rango de separación de fragmentos de ADN en geles de agarosa y de poliacrilamida

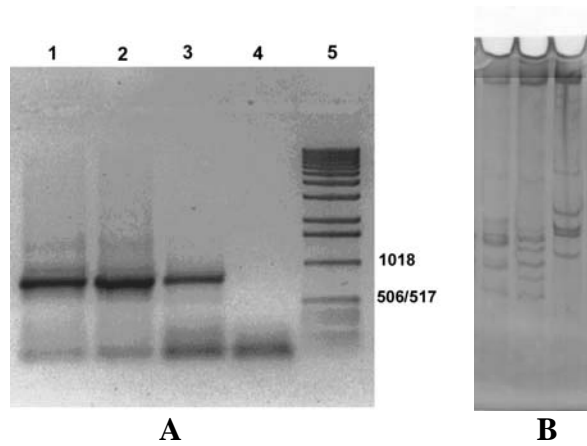
Tipo de Gel	Porcentaje (%)	Rango de Separación (en pb)
Agarosa	0.6	1.000-20.000
	0.8	800-10.000
	1	400-8.000
	1.2	300-7.000
	1.5	200-4.000
Acrilamida	2	100-3.000
	3.5	100-1.000
	5	80-500
	8	60-400
	12	40-200

Ref.: pb = pares de bases

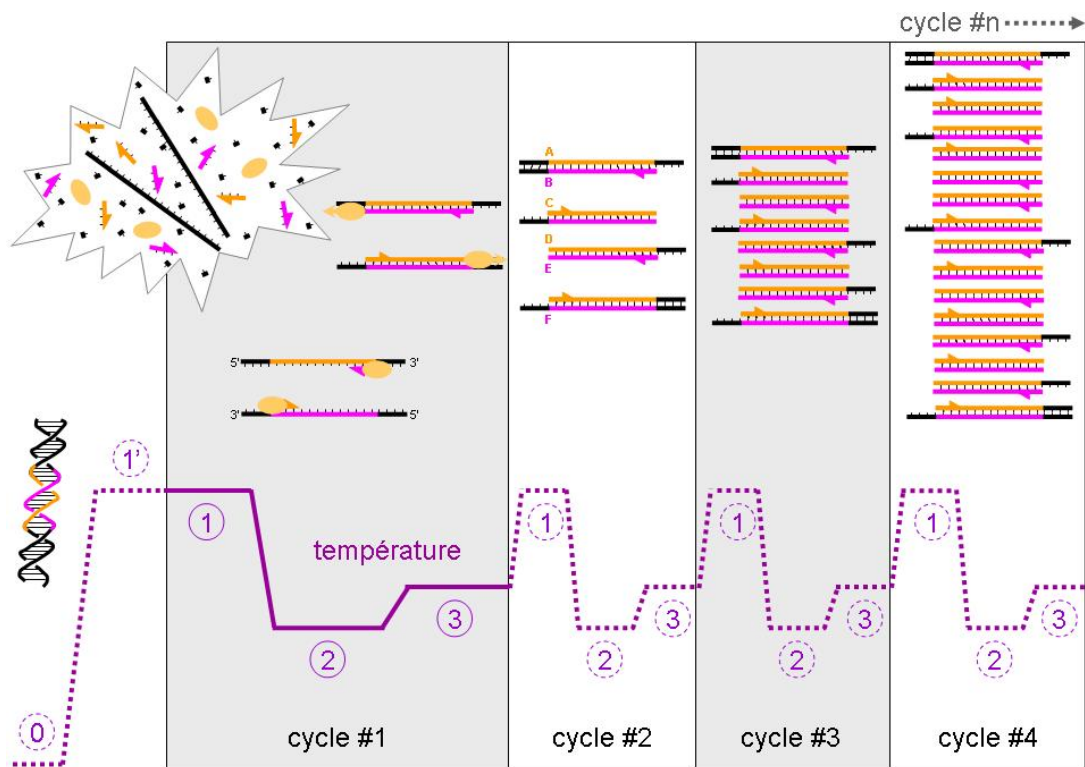


**Figura 2.** A. Equipamiento utilizado para electroforesis horizontal. B Esquema de una gel (Mkr = Marcador de peso molecular)

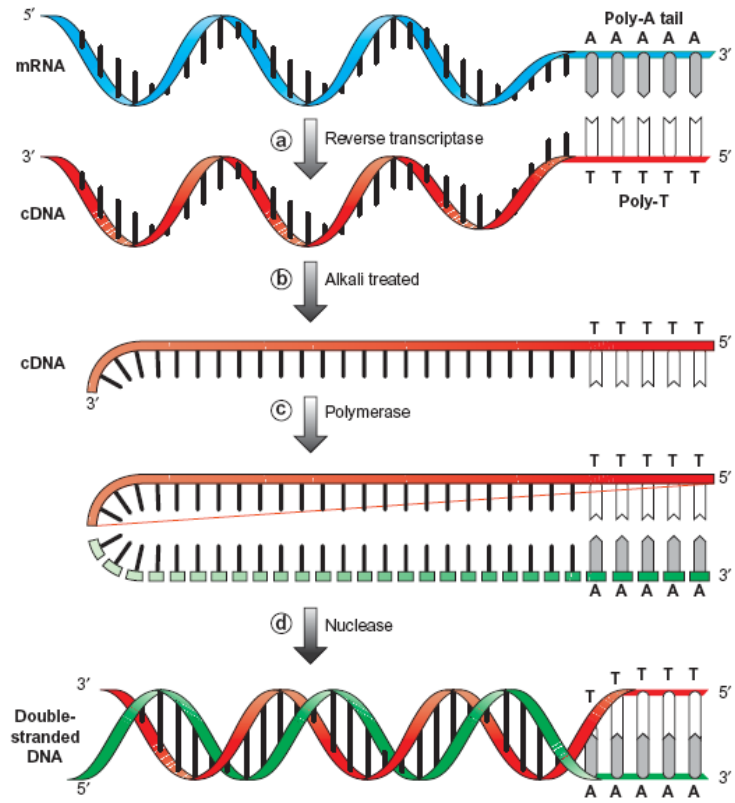




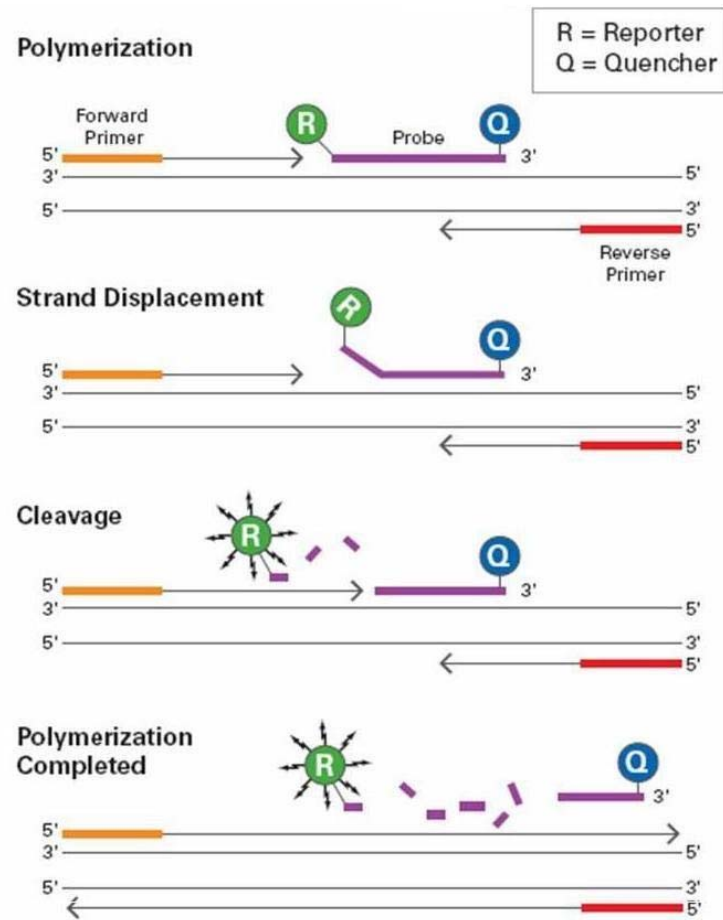
**Figura 3. A.** Fotografía de un gel de agarosa teñido con Bromuro de etidio donde se observa un fragmento de aproximadamente 975 pb en las calles 1, 2 y 3 y un marcador de peso molecular en la calle 5 (y a la derecha se indican los tamaños de dos fragmentos del marcador, en pares de bases). **B.** Fotografía de un gel de poliacrilamida teñido con plata donde se observan el patrón de migración de un *SSCP*.



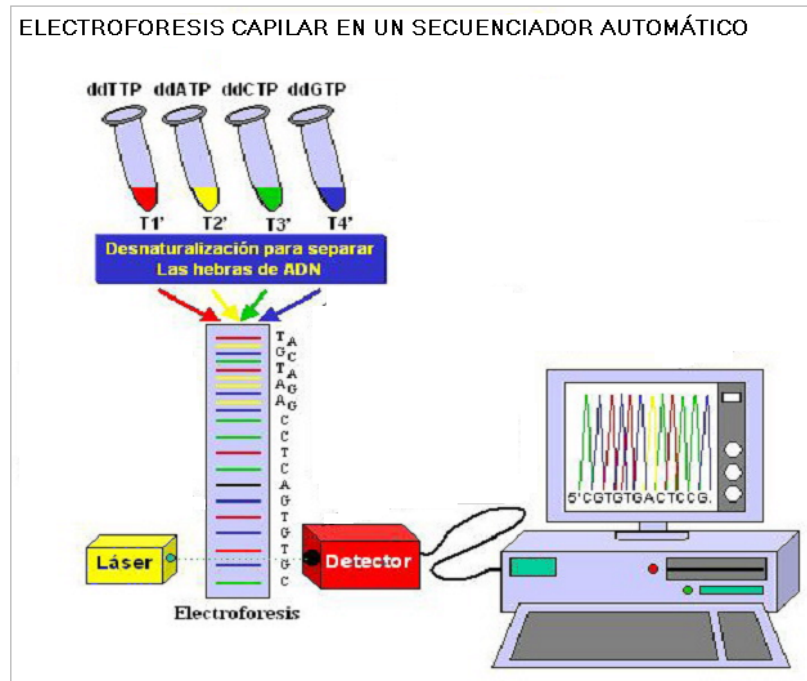
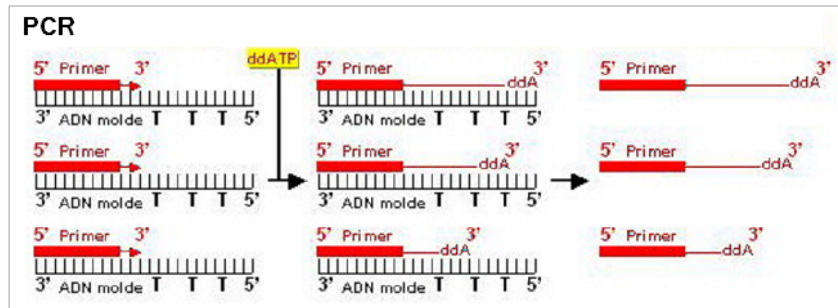
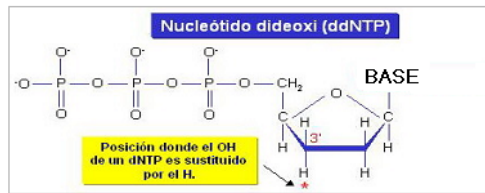
**Figura 4.** Reacción de PCR (<http://thuvienkhoahoc.com>)



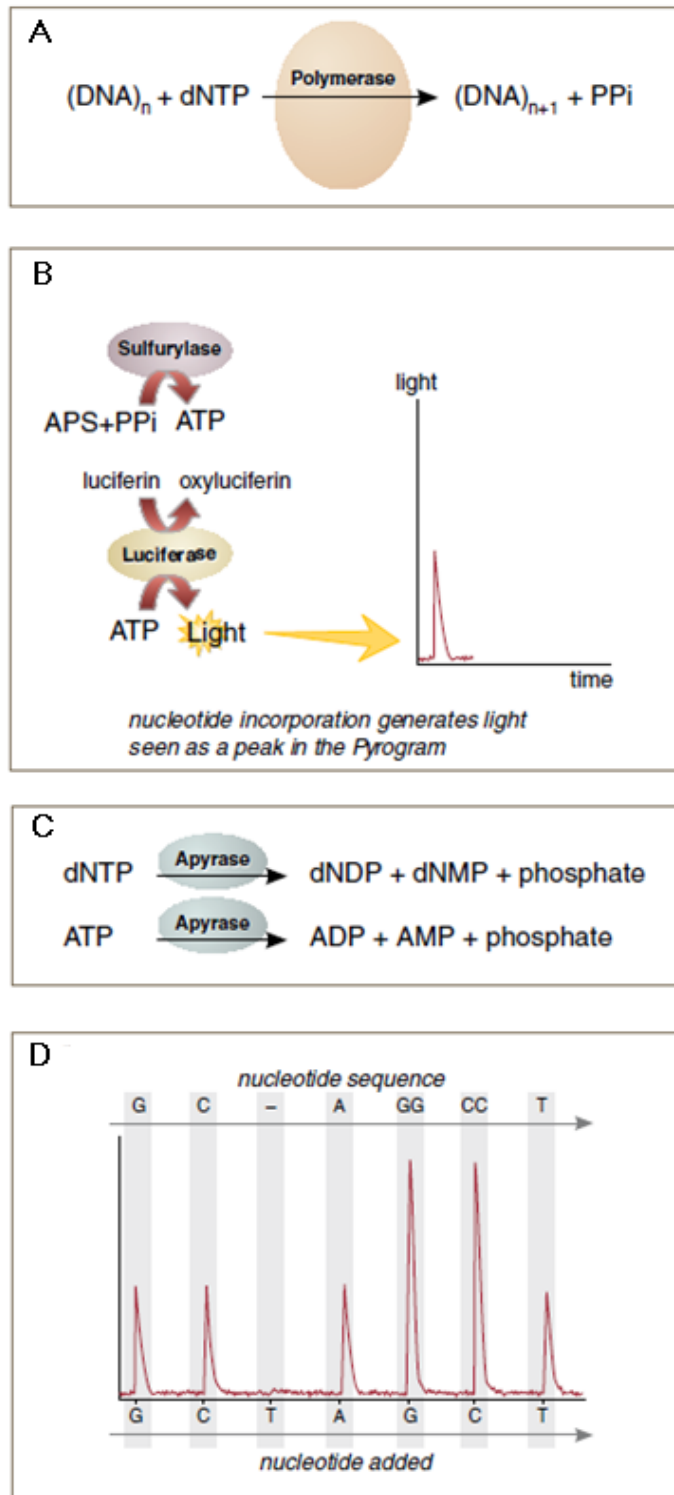
**Figura 5.** Síntesis de ADNc (Fitzgerald-Hayes & Reichsman)



**Figura 6.** Reacción de PCR en tiempo real con sondas alelo específicas (<http://pazuset.net76.net>)



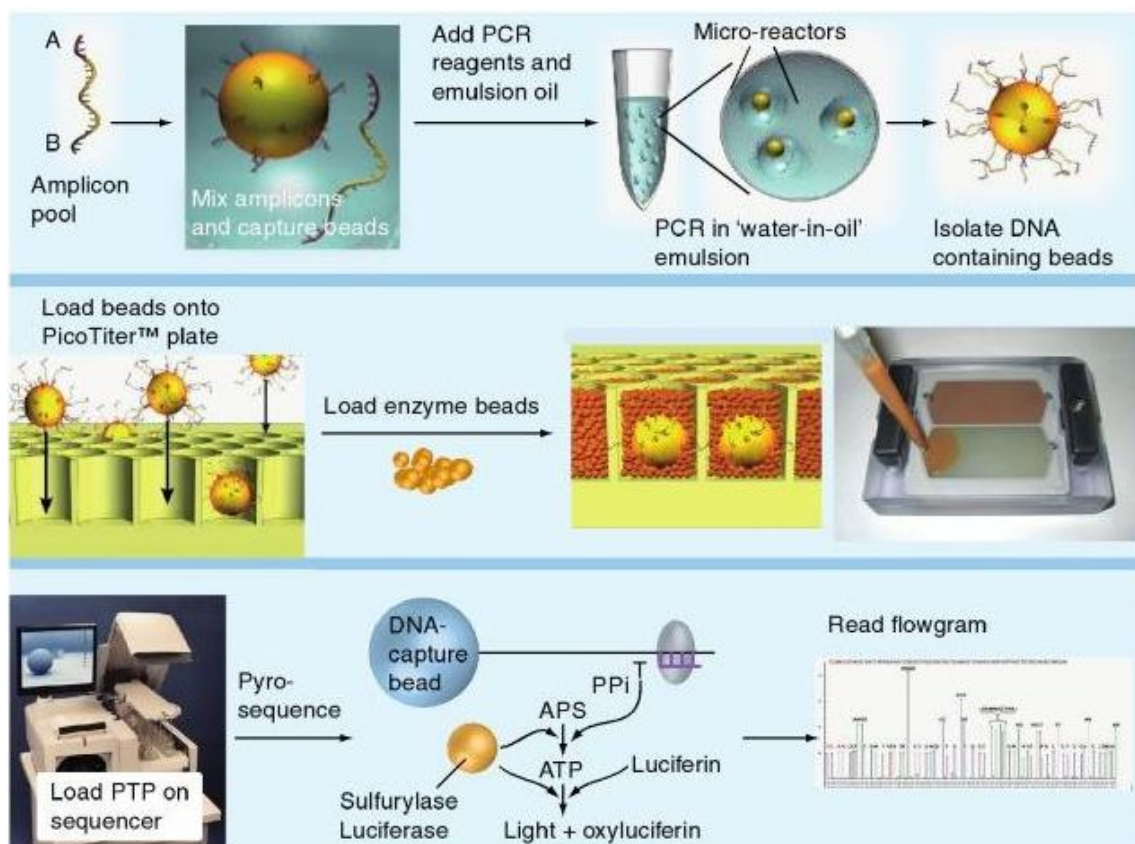
**Figura 7.** Secuenciación automática de ADN por el método de Sanger (<http://www.ucm.es/info/genetica/AVG/practicas/secuencia/Secuencia.htm>)



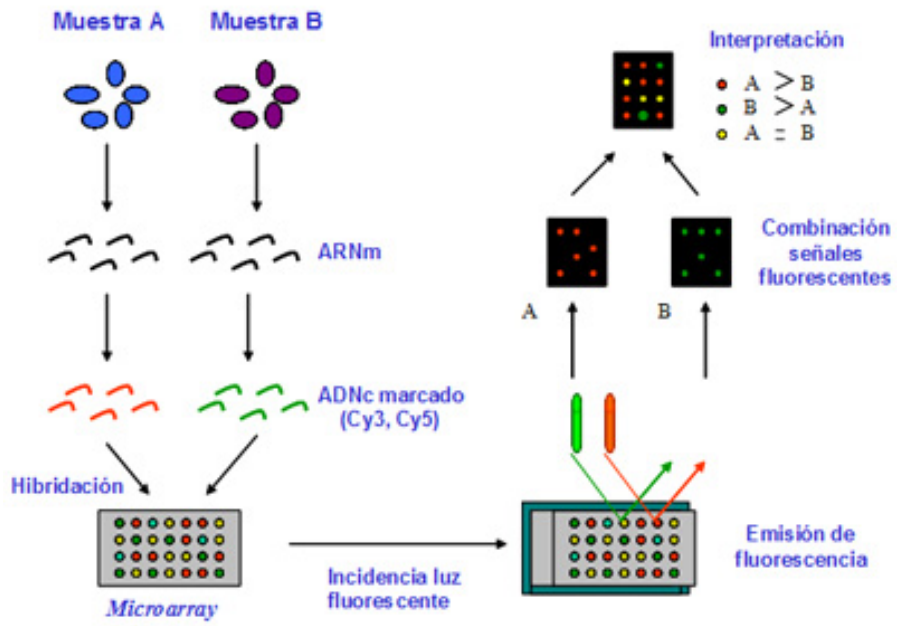
**Figura 8.** Pirosecuenciación de ADN (<http://www.adelaide.edu.au/saef/new/whatis/>)

**Tabla 3.** Equipos disponibles en el mercado para secuenciación de ADN de alto rendimiento

	Feature generation	Sequencing by synthesis
454	Emulsion PCR	Polymerase (pyrosequencing)
Solexa	Bridge PCR	Polymerase (reversible terminators)
SOLiD	Emulsion PCR	Ligase (octamers with two-base encoding)
Polonator	Emulsion PCR	Ligase (nonamers)
HeliScope	Single molecule	Polymerase (asynchronous extensions)



**Figura 9.** Etapas de la secuenciación de ADN en un equipo Roche/454 FLX Pyrosequencer (<http://medscape.com>)



**Figura 10.** Comparación de la expresión génica de dos muestras a través de análisis de microarrrayas ([http://www.institutoroche.es/Biotecnologia\\_genomica\\_aplicada/V52.html](http://www.institutoroche.es/Biotecnologia_genomica_aplicada/V52.html))