

IDENTIFICACION DEL PROYECTO
1.1. Acrónimo: IPARGENBOV-SEC2007005
1.2. Título del proyecto: Investigación de marcadores de resistencia genética a paratuberculosis en ganado bovino
1.3. Financiadores: DAPA, CICYT (AGL2006-14315-C02-01)
1.4. Entidades participantes: Universidad del País Vasco y Aberekin, S.A.
DATOS DE NEIKER
1.5. Investigador principal: Joseba Garrido (jgarrido@neiker.net)
Equipo investigador: Ramón Juste, Iker Sevilla, Mariví Geijo, Marta Alonso y Patricia Vázquez.
1.6. Fecha de inicio: ENERO 2007
1.7. Fecha de terminación: DICIEMBRE 2009

Resumen:

Las infecciones bacterianas intracelulares crónicas de los animales constituyen un grave problema productivo y en el caso de las de carácter zoonótico, un riesgo para la salud pública. Su control se basa en el saneamiento mediante programas obligatorios ampliamente consensuados, en el caso de la tuberculosis y la brucelosis, o en distintas estrategias de prevención y saneamiento de carácter voluntario cuyo éxito varía mucho en función de las características epidemiológicas de la enfermedad de que se trate y de sus implicaciones productivas y sanitarias. En el caso de la paratuberculosis, no se dispone de ninguna estrategia universalmente aceptada para su control, si bien parece haberse comenzado a asumir que el aumento de la resistencia de las poblaciones sensibles puede ser el abordaje más eficiente mientras no se disponga de otros medios. En este sentido, además de mejorar y extender la vacunación, parece oportuno buscar los medios de identificar y extender en la población los caracteres de resistencia a este tipo de infecciones que se han identificado en otras especies. Así, en este proyecto se investiga la variabilidad en la especie bovina de una serie de genes candidatos: (*Nramp1* ("natural resistance-associated macrophage protein 1"), *nod2/card15* ("nucleotide oligomerisation domain" / "caspase recruitment domain"), *TLR2* ("Toll-like receptor 2"), *TLR4* ("Toll-like receptor 4") e *lpr1* ("intracellular pathogen resistance 1") y su relación con las distintas formas de la infección paratuberculosa, así como desarrollar métodos de genotipado eficientes. La elección del modelo de paratuberculosis obedece a varias razones tales como la experiencia del grupo coordinador en la misma, la necesidad de encontrar nuevas estrategias para su control, su potencial zoonótico y el interés que su carácter espectral puede tener para afinar en las posibles asociaciones con el componente genético.

A nivel práctico se tomarán muestras en matadero de 1000 animales de raza frisona seleccionados al azar que se calificarán fenotípicamente frente a paratuberculosis en base a técnicas serológicas, microbiológicas, de biología molecular y anatomopatológicas, y cuya sangre se utilizará para los estudios genéticos en base a los genes mencionados anteriormente y que serán llevados a cabo por el Dpto. de Genética de la UPV.

Resultados:

Se han recogido muestras de 636 animales de raza frisona. El número de muestras procesada con cada una de las técnicas no es igual debido a la necesidad de procesados individualizados como en el caso de los análisis histopatológicos, o al largo periodo de incubación que requieren los cultivos. Hasta el momento se ha observado en el estudio en paralelo de los resultados obtenidos con cada una de las técnicas una prevalencia del 34,30 %. Este dato, teniendo en cuenta que las muestras se seleccionan al azar en dos mataderos distintos confirma la amplia distribución de la infección en explotaciones de ganado lechero.

Por otra parte, a partir de muestras fenotipadas por NEIKER-Tecnalia el grupo de la UPV-EHU ha puesto a punto el procedimiento de tipificación de la variación nucleotídica de los genes *Nramp1* y *NOD2/CARD15* y se está trabajando en la misma línea con el gen *Ipr1*. En lo que respecta a los genes *TLR2* y *TLR4* también incluidos en el estudio se ha revisado la bibliografía ya que hay trabajos en los que se describen las variaciones en estos genes y se ha realizado una selección preliminar de los SNPs de interés.

Impacto:

La consecución de este proyecto, permitirá determinar perfiles de resistencia genética a paratuberculosis en los sementales e incluir el parámetro de resistencia genética en el programa de mejora genética de la CAPV. Esto repercutirá en una mejora en la genética que beneficiará al sector. Además de los beneficios económicos para el sector se generarán beneficios de carácter social al mejorar el bienestar animal.