



BAG
Journal of
Basic & Applied Genetics

COMUNICACIONES LIBRES



GMA

**GENÉTICA Y
MEJORAMIENTO
ANIMAL**



GMA 1

RESPUESTA A UN DESAFÍO POR VÍA ORAL CON *Trichinella spiralis* (Ts) EN RATONES CBI-IGE Y SUS HÍBRIDOS

Codina AV^{1,4}, A Di Martino^{1,4}, G Bertorini^{2,4}, RJ Di Masso^{1,3,4}, MD Vasconi^{1,2,4}, LI Hinrichsen^{1,3,4}. ¹Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, ²Área Parasitología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, ³CIC-UNR, ⁴Universidad Nacional de Rosario.
e-mail: lhinrich@unr.edu.ar

El genotipo del hospedero juega un papel importante en el control de las infecciones parasitarias y determina la resistencia o susceptibilidad del mismo para el establecimiento de la infección. La disponibilidad de modelos animales que contribuyan a caracterizar la relación hospedero-parásito es crucial en la triquinosis, pues no existe tratamiento oportuno que la limite. Las líneas de ratones CBI+ y CBI/L (colonia CBI-IGE) difieren en la respuesta al desafío con dosis crecientes de Ts (CBI+: susceptible; CBI/L: resistente). El efecto del genotipo en la primoinfección se estudió en machos y hembras adultos CBI+, CBI/L y sus cruzamientos recíprocos (+xL) y (Lx+) a los que se infectó por vía oral con dos larvas L1 de Ts por g de peso corporal. A los 6 y 13 días post-infección (p-i) (fase intestinal) se determinó el número de parásitos adultos (**nPA**) y la fecundidad de la hembra Ts (**Fh**); a los 30 días p-i (fase muscular) se estimó la carga parasitaria (**CP**) y se calculó el índice de capacidad reproductiva de Ts, **ICR**=CP/dosis infectiva. La evolución del perfil Th1/Th2 en ese lapso se analizó midiendo la concentración sérica de INF γ , IL-2, IL-4 e IL-10. **nPA** y **Fh** disminuyeron entre los 6 y 13 días p-i en todos los grupos (P<0.001), salvo en CBI+, donde **Fh** no se modificó (P>0.05). **CP** e **ICR** fueron bajos en CBI/L, altos en CBI+ e intermedios en las F1 (P<0.001). El estudio inmunológico mostró ausencia de respuesta Th1 o Th2 "pura", lo que sugiere que Ts genera una respuesta combinada de citoquinas, independiente del genotipo del huésped.

GMA 2

PERFILES FENOTÍPICOS DE LÍNEAS ENDOCRINADAS DE RATONES CF1 SELECCIONADOS POR PESO

Bernardi SF¹, MI Oyarzabal². ¹Cátedra de Histología I y Embriología Básica. Facultad de Ciencias Veterinarias UNR, Argentina, ²Cátedra de Producción Bovinos para Carne, Facultad de Ciencias Veterinarias, CIC-UNR, Argentina.
e-mail: mioyar@gmail.com

Con el propósito de describir los perfiles fenotípicos de un par de líneas de selección divergente de peso (s: negativa; s': positiva), originadas a partir de una población testigo de ratones CF1 (t), con más de 50 generaciones de selección y endocria por limitación del número, se sintetizan los resultados obtenidos en trabajos anteriores. Se tomaron los promedios y desvíos estándar de caracteres productivos, reproductivos y de supervivencia: peso corporal (P) y testicular (Ptest), diámetro del túbulo seminífero (DTS), altura del epitelio seminífero (AES), n° de espermatozoides (ESP), n° de folículos ováricos (FOL), n° de cuerpos lúteos (CL), n° de embriones (E), n° de sitios de implantación (SI), coeficiente de fertilidad (CF: incluye tamaño de camada y días desde el ingreso al servicio hasta la parición), coeficiente de supervivencia al destete (CS), % de pariciones (%PAR), gramos producidos por pareja de reproductores (SP) y eficiencia de producción (GP). Para las líneas s y s', los promedios de estos caracteres (a excepción de DTS) difirieron significativamente (prueba de Tuckey, p<0,05). Por otro lado, los promedios de la línea t fueron intermedios entre los de las otras dos líneas para todos los caracteres, a excepción de DTS, %PAR y GP. Es decir, la respuesta a la selección produjo perfiles totalmente diferenciados para las líneas s y s', y la línea t, no seleccionada, presentó la mayor eficiencia de producción.

GMA 3

INVESTIGAÇÃO DA TRANSMISSÃO VERTICAL DE BMNPV (*Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus) EM BICHOS-DA-SEDA

Saez CRN¹, R Bepalhuk¹, TS Bignotto¹, RMC Brancalhão², VA Fassina¹, REF Munhoz¹, NC Pereira¹, LFC Ribeiro², MA Fernandez¹. ¹Universidade Estadual de Maringá - UEM, ²Universidade Estadual do Oeste do Paraná - UNIOESTE.
e-mail: cloursaez@hotmail.com

Bombyx mori nucleopolyhedrovirus, BmNPV, é um patógeno que causa prejuízos para a produção de casulos de bicho-da-seda. O BmNPV infecta através de transmissão horizontal ou vertical. Na transmissão horizontal, os patógenos são veiculados entre os indivíduos dentro de uma geração, enquanto a transmissão vertical ocorre de pais para os filhos. Este trabalho teve por objetivo investigar a transmissão vertical do BmNPV entre as gerações de *B. mori*. Lagartas foram infectadas



no terceiro instar e as sobreviventes que concluíram o ciclo de vida foram cruzadas. Os ovos obtidos dos cruzamentos foram identificados e utilizados para extrações de DNA assim como as respectivas mariposas parentais, com a finalidade de realizar-se a investigação da transmissão vertical através de ampliações individuais. Para obtenção dos fragmentos amplificados, foi desenhado um par de *primers* baseado em sequências específicas do genoma do baculovírus correspondentes à ORF 14 do BmNPV e, para controle, um par de *primers* referente a um segmento do gene da Actina A3 de *B. mori*. Como resultado, algumas mariposas e seus ovos apresentaram um fragmento amplificado correspondente ao da ORF14 do BmNPV, comprovado por sequenciamento. Os resultados deste trabalho são promissores para a identificação de contaminação por BmNPV, evitando assim a proliferação deste em gerações subsequentes.

GMA 4

ASOCIACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES EN GENES DEL METABOLISMO DE LÍPIDOS CON VARIABLES PRODUCTIVAS

Corva PM¹, A Almada², MC Baeza¹, JA Lafontaine³. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, ²MERIAL Argentina S.A., ³Cabaña Los Tigres, General Lamadrid, Buenos Aires.
e-mail: pcorva@balcarce.inta.gov.ar

Muchos de los marcadores moleculares actualmente disponibles fueron difundidos por su asociación con variables de composición corporal y calidad de carne. Como parte de su validación, estos marcadores deben ser analizados también en otras variables del ciclo de producción de carne, como por ejemplo las relacionadas al rodeo de cría. Para ello, se evaluaron 16 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) y una inserción/delección correspondientes a siete genes vinculados a balance energético y metabolismo de lípidos: LEP, NPY, DGAT1, SCD1, FABP4, TFAM y UTS2R. Se utilizó la información de 765 registros anuales de 197 vacas Angus (1 a 8 registros por vaca) de un plantel particular. Las variables analizadas fueron la Fecha de Parto en días julianos (FP), Peso al Nacer (PN), Peso al Destete (PD) y el MPPA (Habilidad de Producción Más Probable). Se utilizaron modelos que según correspondiera incluyeron los efectos fijos de categoría (Pedigree o Pura Controlada), edad, año y marcador y vaca como variable repetida. Después

de la corrección por comparaciones múltiples, sobre FP se encontraron efectos de marcadores en los genes de Leptina ($p < 0,05$) y TFAM ($p < 0,10$). Para PN fueron significativos marcadores en LEP ($p < 0,05$) y UTS2R ($p < 0,10$) mientras que para PD fueron significativos marcadores en FABP4 y UTS2R ($p < 0,05$). Los genes vinculados al balance energético y metabolismo de lípidos podrían tener efecto en la acumulación/movilización de reservas corporales y la reanudación de la actividad sexual postparto de las hembras de cría, afectando así la FP y el crecimiento de sus terneros.

GMA 5

EVIDENCE OF EPIGENETICS ROLE ON CASTE DETERMINATION OF *Melipona stingless* BEES

Ueira-Vieira C¹, NA Borges¹, ME Beletti², BA Travençolo², AM Bonetti¹. ¹Laboratório de Genética, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, ²Laboratório de Análise de Imagens, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia.
e-mail: anabonetti@ingeb.ufu.br

Epigenetics mechanisms have crucial role for regulation of gene expression by remodeling chromatin structure. This mechanism should be involved in caste determination in stingless bees by differential genes expression by caste-specific methylation. Based on this hypothesis we investigate the heterochromatin as morphological marks for discriminate queen from worker in *M. scutellaris*, specie in which the caste determination involves genetic and environmental components. We analyzed nuclei and heterochromatin from *corpora allata* of *Melipona scutellaris* queens and workers by confocal microscopy and 3D *in silico* reconstruction and the results showed higher nuclei volume in *corpora allata* of worker than queen ($p < 0.05$, t-student). We verify also differences in chromatin spread between the castes. The heterochromatin was concentrated in perinuclear membrane in queen while it showed irregular distribution in *corpora allata* nuclei of worker. These results together with other previously obtained indicate epigenetic control caused by methylation machinery in females, with consequent difference in gene expression in the corpora allata glands, local of synthesis of Juvenile Hormone, a key endocrine signal for insect developmental mechanisms and caste determination of *Melipona* bees. Financial Support: FAPEMIG (APQ-01579-09), CNPq, CAPES, UFU.



GMA 6

DEPÓSITOS GRASOS EN *L. dorsi* EN DOS POBLACIONES DE CORDEROS CON DISTINTA PROPORCIÓN DE GENES TEXEL

Zerbarini LD¹, H Keilty², LA Picardi^{1,3}. ¹Cátedra de Genética Cs Agrarias UNR, ²Cátedra de Producción de porcinos y pequeños rumiantes Cs Veterinarias UNR, ³CIUNR.
e-mail: luchoz23@hotmail.com

En un programa de retrocruzas de la raza Ideal, descendiente de la raza Merino, hacia la Texel (T), raza reconocida por producir corderos con escaso tenor de grasa en la res, se obtuvo un nuevo genotipo adaptado a esta región denominado Magrario (M). Para verificar diferencias entre corderos M y actuales corderos cruza F1(MxT) se obtuvieron dos poblaciones. La población PM se originó de un plantel con 81 madres Magrario (M) cruzadas con machos M. La otra población, PT se originó cruzando 53 madres M (similar edad y peso que las PM) con machos de una cabaña de la raza Texel. Se seleccionaron al destete (3 meses de edad) corderos de similar peso de ambas poblaciones. Durante dos meses se los crió en confinamiento registrando semanalmente el Peso (P). Se calculó el AMDr (Aumento Medio Diaro/Pmedio en el período)(x100) como un medida de la eficiencia de conversión de alimento. Al finalizar este período se obtuvieron por ultrasonido mediciones sobre depósitos grasos en el *L. dorsi* entre ellas: Grasa Perimuscular (GP) y Grasa Subcutánea (GS). No se encontraron diferencias significativas ($p \geq 0.05$) entre ambos grupos ni para P final ni AMDr (en PM, $P=35,5 \pm 1,0$; $AMDr=0,62 \pm 0,04$ y en PT, $P=35,1 \pm 1,3$; $AMDr=0,63 \pm 0,04$). Sin embargo hubo diferencias ($p \leq 0.001$) entre ambas poblaciones para GP y GS. El aporte del 50 % de genes T en los corderos no ha modificado, para esta fase de crecimiento, ni el tamaño corporal ni la eficiencia de alimentos. Pero los corderos M resultan aún más magros que estas F1. Posiblemente el contexto genético de la raza Ideal estableció estas diferencias.

GMA 7

SELECCIÓN CONTRA FIBRAS PIGMENTADAS EN OVINOS CORRIEDALE: ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA MELANOGÉNESIS

Alonso N¹, P Zorrilla¹, F Peñagaricano², C Robello¹, J Urioste³.
¹Instituto Pasteur de Montevideo, ²University of Wisconsin -

Madison, ³Facultad de Agronomía UDELAR.
e-mail: natu.alonsorabino@gmail.com

La presencia de fibras pigmentadas (FP) en la lana blanca limita la versatilidad de la tinción y está fuertemente penalizada por el mercado, provocando importantes pérdidas económicas para los productores de lana. Se ha observado que animales que no presentaban pigmentación durante la selección fenotípica desarrollaron lunares y fibras coloreadas al año siguiente, suponiendo que el aumento de la melanina podría deberse a la radiación UV. Nuestro objetivo es estudiar la expresión relativa de genes candidatos (c-kit, Steel Factor (SF), Endotelina B (EndB) y Endotelina 3 (End3)) y su posible asociación con la melanogénesis en ovejas Corriedale, con el fin de detectar marcadores que permitan la selección molecular de animales que no desarrollen pigmentación. De cada animal se obtuvieron los 3 tejidos de interés: piel blanca sin lunares (B), piel con lunares pero sin producción de fibras pigmentadas (L) y piel con lunares con gran producción de fibras pigmentadas (F). De los mismos se extrajo ARN total mediante extracción fenólica con trizol. Posteriormente se procedió a la síntesis de ADNc, a partir del cual se realizó una amplificación y una cuantificación por *Real-time PCR*. Según los cálculos del método Pfaffl, los resultados indicarían que hay sobreexpresión de los genes c-Kit, SF y EndB en el tejido L y sobreexpresión de c-kit, EndB y End3 en el tejido F, ambos respecto al tejido Blanco. Sin embargo, la alta variabilidad de las réplicas no nos permite concluir dichos resultados. Posibles causas de variabilidad tanto biológica como técnica son motivos de discusión.

GMA 8

ESTUDIO DE ASOCIACIÓN GENÓMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE PUBERTAD SEXUAL EN TOROS

Fernandez ME¹, JP Liron¹, AJ Prando², A Rogberg Muñoz¹, A Baldo², G Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata – CONICET - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, 60 Y 118 S/N, ²Cátedra de Zootecnia Especial (II Parte), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata.
e-mail: mfernandez@fcv.unlp.edu.ar

En bovinos existen importantes diferencias intra e interraciales en la edad a la cual los toros arriban a la pubertad. El objetivo de este trabajo fue llevar



a cabo un estudio de asociación genómica usando una estrategia de tipificación selectiva de individuos extremos para identificar regiones cromosómicas asociadas a la edad de pubertad en bovinos. Se pesaron mensualmente 276 toritos de la raza Angus. Además, se midió la circunferencia escrotal (SC) en cada muestreo. Cuando los toros alcanzaron 26 cm de SC, se comenzó a medir mensualmente la concentración y la motilidad espermática durante los siguientes tres meses. En base a la calidad espermática, se seleccionaron dos grupos extremos correspondientes al 6,5% de la curva de distribución fenotípica. Las muestras de ADN se genotipificaron mediante el chip de Illumina *BovineHD Genotyping BeadChip*. El número de SNPs asociados con un valor de $p < 0.001$ fue 265 distribuidos en 20 cromosomas. Seis de estos SNPs resultaron significativos con un $p < 0.0001$. Los marcadores asociados significativamente se localizaron principalmente en cinco regiones cromosómicas: BTA3 (30.57% of associated SNPs), BTA24 (29.43%), and BTA1, 16 and 20 (23.77%). Diez cromosomas no exhibieron ningún SNP asociado a pubertad sexual. Los SNPs localizados en los cromosomas BTA3, BTA20 y BTA24 fueron validados en la población total mediante métodos de pirosecuenciación. Los resultados obtenidos en este estudio podrían ser de utilidad para el mapeo de mutaciones causales en genes involucrados en inicio de la pubertad sexual.

GMA 9

COLOR DE LA CARNE BOVINA Y SU ASOCIACIÓN CON MARCADORES DE GENES CANDIDATOS

Rogberg Muñoz A¹, J Papaleo Mazzucco², E Villarreal², A Falomir Lokhart¹, P Peral García¹, MC Añón³, L Melucci², G Giovambattista¹. ¹IGEVET, CCT La Plata – Fac. Cs. Veterinarias, UNLP – CONICET. Calle 60 y 118 s/n - La Plata, 1900, CC 296, ²Unidad Integrada Balcarce (UIB) Fac Cs Agrarias, UNMDP – EEA (INTA) Balcarce, ³CIDCA, CCT La Plata – Fac. Cs. Exactas, UNLP – CIC - CONICET.
e-mail: arogberg@yahoo.com.ar

La calidad de la carne es un carácter difícil de definir en términos objetivos, ya que depende en gran medida de percepciones subjetivas del consumidor. Sin embargo, la decoloración de la superficie de la carne provoca una pérdida de valor del 15% de la producción. En bovinos, los efectos genéticos que influyen en el color de la carne han sido poco estudiados principalmente por la dificultad que presenta su medición en un gran número de animales, tareas que deben hacerse necesariamente

post mortem. La mioglobina y otros compuestos cromogénicos del músculo determinan el color rojizo de la carne. El grado de consumo de oxígeno *postmortem* y el estado redox afectan también el color final. Se evaluó el efecto de los marcadores mioglobina (Myo) y Glutathion S Transferasa P1 (GSTP1), sobre los parámetros colorimétricos L*, a*, b*, Hue y Croma, en 177 animales Angus, Hereford y sus cruza criados y faenados en tres años bajo similares condiciones. Para esto, los datos se incluyeron en un modelo lineal con año de faena como efecto fijo y pH como covariable. Los resultados demostraron una influencia muy importante ($P < 0,001$) del ciclo de engorde (factores *in vivo*) y del pH final (factores *post mortem*). Se demostró una asociación ($P < 0,05$) de un SNP (C/T) en el segundo intrón del gen GSTP1 con el parámetro a* y con el parámetro Croma, ambos relacionados con el grado de rojez de la carne. Si bien los resultados avalarían la inclusión de este marcador en un programa de Selección Asistida por Genes para mejorar el color de carne bovina se requiere una validación en mayor número de animales.

GMA 10

ANÁLISIS DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A UN FENOTIPO DE DILUCIÓN DE COLOR DEL PELAJE EN BOVINOS

Enrique Steinberg JH^{1,2}, MC Baeza¹, PM Corva¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, ²Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM.
e-mail: pcorva@balcarce.inta.gov.ar

El color del pelaje es una característica distintiva de las poblaciones de animales domésticos, ya que constituye un indicador de identidad y de pureza racial. El objetivo de este trabajo fue evaluar genes vinculados en la determinación del color en un rodeo bovino de base Angus-Hereford que presentaba un fenotipo de dilución con colores desde blanco hasta gris oscuro. Por sus antecedentes como factor de dilución del color, se eligió al gen PMEL17, responsable de codificar la proteína necesaria para la maduración de los melanosomas. Se obtuvieron muestras de sangre de 20 animales para la extracción de ADN. Dos exones de PMEL17 fueron amplificados y secuenciados en tres animales de fenotipo blanco y cinco controles (dos animales Simmental con y sin fenotipo de dilución respectivamente, un Charolais, un Hereford y un Angus). Los demás animales se analizaron por RFLP-PCR. Se encontró una delección



de 3 pb (TTC) en el exón 1 y una sustitución C>A en el exón 11 en dos vacas blancas homocigotas para ambas mutaciones y en Simmental con dilución. Una vaca blanca fue heterocigota para la delección. Sólo en Charolais se encontró una sustitución 64A>G en el exón 1, característica de esta raza. En Hereford y Angus no se observaron ninguno de estos polimorfismos, mientras que el Simmental sin dilución fue heterocigota para la sustitución del exón 11. A partir de estos resultados se puede concluir que en la población estudiada, la delección en el exón 1 de PMEL17, ya detectada en otras razas, sería la responsable de la dilución del color de capa observada en este rodeo.

GMA 11

LONGEVITY IN PAMPINTA SHEEP BASED ON PARITY USING A SURVIVAL ANALYSIS

Maizon DO¹, G Mészáros², MR Buseti¹, J Sölkner². ¹INTA, EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", Anguil, La Pampa, Argentina, ²BOKU, University of Natural Resources and Applied Life Sciences, Vienna, Austria.
e-mail: dmaizon@anguil.inta.gov.ar

The objectives of this research were to estimate the effects of age at first lambing (AFL), number of born and weaned lambs (B&W), being milked (MK), and inbreeding (F) on the longevity in Pampinta ewes that were not selected based on these traits, and to estimate genetic parameters. A dataset comprising pedigree, reproduction and production records of Pampinta ewes lambing at EEA Anguil was used. Longevity was defined as the number of parities from first parity to the end of productive live. For the analysis, a grouped data approach was pursued. Only ewes having their first lambing between 1994 and 2009, the follow-up period, and being 1- or 2-year-old at first lambing entered in the analysis. Besides, ewes with more than seven parities in the follow-up period were censored at parity seven, and left truncated records were not considered. After these editing, 1819 ewes remained in the study group, and 10.8% of them were right censored. The statistical analysis was performed with the Survival Kit v6; and the model included AFL and F as fixed and time-independent covariates; B&W and MK as fixed and time-dependent covariates; year-season as a random and time-dependent covariate and ewe (animal effect) as a random and time-independent covariate. MK and F did not have a significant effect on longevity; in contrast, AFL ($p < 0.01$) and B&W ($p < 0.05$) had significant effects on longevity. The

proportion of variation explained by year-season effect was 0.303 (SD 0.076) and by ewe 0.056 (SD 0.03). The estimate of heritability for longevity was low and not significant.

GMA 12

ANÁLISIS DE PEDIGREE EN OVINOS PAMPINTA PERTENECIENTES A LA CABAÑA EEA ANGUIL

Roselló PL, MR Buseti, DO Maizon. EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", Ruta Nac. Nro 5, km 580 (6326) Anguil, La Pampa.
e-mail: pauros_03@hotmail.com

Para caracterizar la variabilidad genética del núcleo cerrado de ovinos Pampinta de la EEA Anguil (INTA), se realizó un análisis de pedigree, para los nacimientos, de machos y de hembras, de cada año entre 1993 y 2011. Para el análisis, se utilizó el software PEDIG, estimando los siguientes parámetros: número total de fundadores (f), número efectivo de fundadores (fe), número efectivo de ancestros (fa), número efectivo de fundadores genómicos remanentes (Ng), y la consanguinidad individual. Los resultados fueron equivalentes en ambos sexos, con promedios de 92 individuos para fe, 42 para fa y 27 para Ng. Luego de un período de crecimiento, fa y Ng comenzaron un leve descenso, propio de poblaciones cerradas; en 2006, fa presentó un abrupto descenso indicando la presencia de un cuello de botella (CB). El cociente fe/fa tuvo un pico máximo (aproximadamente 6) en 2008, demostrando pérdida de variabilidad alélica y el CB. Este último sería el resultado del empleo de un número muy bajo de reproductores, en particular de machos. A su vez, si bien Ng se redujo levemente a lo largo de las generaciones, evidenciando pérdida aleatoria de variabilidad genética, esto no se reflejó en la consanguinidad promedio, ya que la misma estuvo entre 1-1,7% en los últimos 5 años. Aunque se tomaron medidas para atenuar el efecto del CB, el fa actual es la mitad del valor anterior al inicio del CB, en tanto que el Ng es un tercio. Esto indicaría la necesidad de abrir el núcleo para recuperar la variabilidad genética perdida.

GMA 13

PARÂMETROS HEMATOLÓGICOS E ESTRESSE OXIDATIVO NA ADAPTAÇÃO DE *P. geoffroanus* A AMBIENTE ANTROPIZADO

Bonini-Domingos CR, T Lucena da Silva, TL Coltro, MI Silva,



VA Moschetta, NRA Costa, VLO Cardoso, JB Bacchi, LPR Venancio. CEQ/UNESP.
e-mail: claudiabonini@sjrp.unesp.br

Com o objetivo de inferir a adaptação a condições ambientais, avaliamos o perfil hematológico e de estresse oxidativo em 20 espécimes de área urbana contaminada e 20 de área sem contaminação (controle). O Hemograma com diferencial de leucócitos reflete a resposta fisiológica do animal frente a estressores, e a dosagem de TBARS, a integridade de membranas, inferindo o estresse oxidativo. Os valores de glóbulos vermelhos, hemoglobina e hematócrito dos espécimes do ambiente urbano estavam menores ($p < 0,005$) que os do controle, resultando em déficit no suprimento de oxigênio e agravos fisiológicos. A leucocitose nos animais de área urbana indica resposta a microrganismos e poluentes existentes em esgoto não tratado. Em relação à análise de TBARS foi estabelecido o intervalo de normalidade para a espécie de $265,64 \pm 36,78$ ng/mL, e observou-se concentração duas vezes mais elevada para os espécimes de área urbana ($p < 0,0001$). O aumento progressivo de TBARS indica maior dano oxidativo por desequilíbrio entre a produção e inativação dos radicais livres. Os resultados sugerem susceptibilidade às variações ambientais, com função imunitária diminuída e possíveis lesões ao DNA e outros componentes celulares. Os cárgados constituem potencial indicador de contaminação ambiental, por sua ampla distribuição geográfica em grande variedade de habitat. No entanto, são encontrados em alta densidade populacional, mostrando-se adaptados a essas condições adversas. Os resultados obtidos possibilitarão comparação com outras espécies e permitirão estabelecer estratégias de monitoramento ambiental.

GMA 14

INMUNOEDICIÓN DE UN ADENOCARCINOMA DE MAMA EN TRES LÍNEAS ENDOCRINADAS DE RATÓN

Pagura L¹, JM Cáceres¹, MJ Rico¹, OG Scharovsky^{1,2}, RJ Di Masso^{1,2}, VR Rozados¹. ¹Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario, ²CIC-UNR.
e-mail: lucpag@hotmail.com

La inmunoedición tumoral consta de tres fases: eliminación (*EL*), equilibrio (*EQ*) y escape (*ES*). El adenocarcinoma de mama M-406 surgió

espontáneamente en la línea de ratones CBi, línea de la que derivan por selección divergente por conformación corporal, CBi- y CBi/L. Cuando ratones pertenecientes a estas líneas son desafiadas con M-406 s.c. las tres muestran 100% de toma, con 0% de regresión en CBi y 100% en CBi-. En CBi/L los tumores entran en *EL*, *EQ* y *ES*. El objetivo de este trabajo fue profundizar los conocimientos sobre la interacción entre M-406 y las líneas de ratón mencionadas. *ES* se presentó en el 100% de CBi y en el 51,3% de CBi/L; el tiempo de duplicación tumoral (TDup) y la supervivencia fueron mayores ($P < 0,01$) en CBi/L que en CBi. *EQ* se presentó sólo en CBi/L (18,7 % de los animales). *EL* se observó en CBi- (100%) y en CBi/L (30%); el volumen máximo alcanzado fue menor y el tiempo de portación tumoral mayor ($P < 0,01$) en CBi/L que en CBi-. Se concluye que: 1) en CBi/L los procesos de *ES* y de *EL* son más lentos que en CBi y CBi-, respectivamente; 2) en ambas condiciones las células tumorales interaccionarían con el sistema inmune dependiendo de la línea de ratón; 3) la línea CBi/L en *ES* presentaría algún mecanismo inmunológico que retardaría el crecimiento tumoral, en comparación con la línea CBi, pero sería insuficiente para evitar el crecimiento tumoral, 4) la interacción entre las células tumorales y el sistema inmune en la línea CBi/L en *EL*, sería más débil que aquella generada en la línea CBi-, aunque efectiva para el rechazo tumoral.

GMA 15

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LAS PRINCIPALES PROTEÍNAS DE LA LECHE EN OVEJAS PAMPINTA

Figli I¹, MF Stazionati², MR Busetti², DO Maizon². ¹UNLPam, Facultad de Agronomía, La Pampa, ²INTA, EEA Anguil ³Ing. Agr. Guillermo Covas³, La Pampa.
e-mail: igigli@agro.unlpam.edu.ar

Como primera caracterización molecular en la raza Pampinta (3/4 Frisona del Este y 1/4 Corriedale), se estudió el polimorfismo de genes asociados a producción de leche y mastitis en una población con pedigrí conocido. En una muestra de 68 ovejas Pampinta, en control lechero, de la EEA Anguil, fueron estimadas las frecuencias alélicas y genotípicas de alfa S1 caseína (CSN1S1); beta caseína (CSN2); kappa caseína (CSN3); lactoglobulina (BLG) y defensina (SBD2) y las asociaciones de estas últimas con características de producción de leche, proteínas, grasa y mastitis



en lactancias estandarizadas a 150 días. Mientras CSN2 y SBD2 estuvieron en equilibrio Hardy-Weinberg; CSN1S1, CSN3 y LGB no lo estuvieron, presentando un exceso de heterocigotas con respecto al valor esperado. El haplotipo TAC, para los SNP de CSN1S1-CSN2-CSN3, se observó con una frecuencia de 0,45. Esto último está en concordancia con las frecuencias reportadas en las razas Comisana, Sarda y Sopravissana para el haplotipo CSN1S1-CSN2. En cambio, el genotipo BLG se encontró con mayor frecuencia de heterocigotas en la raza Pampinta (0,72) en relación a lo reportado para la Frisona del Este. El SNP T tanto en CSN1S1 como en CSN3 mostró un efecto positivo para la producción de leche, grasa total y proteína total. Estos resultados contribuirán al mejoramiento genético de la raza Pampinta.

GMA 16

EVALUACIÓN DE UN SET DE 32 SNPS PARA LA TRAZABILIDAD DE CARNE BOVINA EN EL CONTEXTO DEL INTERCAMBIO COMERCIAL CHINO-ARGENTINO

Rogberg-Muñoz A¹, S Wei², MV Ripoli¹, BL Guo², MH Carino¹, DE Goszczynski¹, L Melucci³, EL Villareal³, JP Lirón¹, JA Crespi¹, P Peral García¹, YM Wei², G Giovambattista G.¹
¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata – CONICET - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, 60 Y 118 S/N, 1900, La Plata, Argentina, ²Key Laboratory of Agro-Products Processing and Quality Control, Ministry of Agriculture, Institute of Agro—products Processing Science and Technology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, ³Unidad Integrada Balcarce (Estación Experimental Agropecuaria, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria / Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata).
 e-mail: ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

La trazabilidad genética se basa en la identificación de animales y sus productos, permitiendo la identificación individual, racial o de especie. Estas metodologías son útiles para detectar fraudes y valorizar producciones locales. El objetivo del presente trabajo consistió en evaluar 32 SNPs en 337 animales correspondientes a 4 poblaciones chinas y 10 razas criadas en la Argentina en el contexto del comercio de carne entre Argentina y China. El PCA mostró que el primer PC explicaba el 43% de la variación total, y diferenció claramente las razas cebuinas y taurinas, mientras que las razas mezcla presentaban una posición intermedia. El segundo PC explicó el 12% de la variación y diferenció las razas Wagyu del resto de las razas taurinas. El valor de F_{ST} mostró diferencias significativas entre las

poblaciones ($F_{ST} = 0,12$). El análisis de AMOVA evidenció que las diferencias entre y dentro de las poblaciones explicaron el 12,28% y el 87,72% de la varianza, respectivamente. Cuando las razas fueron agrupadas de acuerdo a su origen, AMOVA mostró que las diferencias entre grupos fue del 5,01%, mientras que la varianza entre poblaciones dentro de cada grupo explicó el 8,66%. La varianza dentro de los individuos explicó el 86,33%. El test de asignación racial solo diferenció claramente las razas cebuinas y la raza japonesa wagyu. Los resultados obtenidos serán de utilidad para desarrollar un método que permita diferenciar la carne Argentina de alta calidad de aquellas que se producen en China, así como también de la carne de razas cebuinas y cruza.

GMA 17

PARÁMETROS GENÉTICOS OBTENIDOS MEDIANTE EL USO DE MODELOS DEL DÍA DE CONTROL PARA BOVINO DE LECHE

Magnago MD, MV Vera, L Franco. INTA Rafaela.
 e-mail: marcosmagnago@gmail.com

Se analizaron 3168 lactancias con el objetivo de obtener parámetros genéticos. Se ajustó un modelo de regresión aleatoria usando muestreo de Gibbs. Los valores máximos de varianza aditiva (VA) de leche, para las tres lactancias, se presentaron al inicio (1-40 días) y al final (270-305 días). La segunda lactancia (2) presentó el mayor promedio (c) (c=5,13) siendo la primera (1) y tercera (3) iguales (c=3,69). Los valores de heredabilidad (H), de la 1 lactancia aumentaron desde el día 1 a 305 (c=0,18); los de la 2 lactancia fueron constantes en los 305 días (c=0,17) y la 3 fueron las más bajas (c=0,10). El ambiente permanente (AP) fue constante en las lactancias 1 (c=9,21) y 2 (c=14,06), y en la 3, en la cual fue mayor (c=19,66). Las curvas de las VA de la proteína fueron similares en las tres lactancias (c=0,02; 0,02 y 0,03), se mantuvieron constantes hasta el día 200, después aumentaron levemente. Con el AP ocurrió algo similar, se observó un aumento un poco más pronunciado para las lactancias 2 y 3 (c=0,02 y 0,03). En la H se observaron valores cercanos al 10% al inicio para las tres lactancias. En la 1 se observó un aumento gradual hasta llegar a valores de 30% al final. La 2 aumentó a 20% hacia la mitad de esta y posteriormente disminuyó a los valores iniciales. La 3 aumentó hasta 30% desde la mitad hasta el final. Estos modelos permiten caracterizar los cambios de la variabilidad genética en el tiempo.



Es una posible herramienta para alterar patrones de comportamiento productivos por selección.

GMA 18

IDENTIFICACIÓN DE QTL ASOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE LA PIEL EN UNA RETROCRUZA ANGORA X CRIOLLO

Debenedetti S¹, EM Cano², MR Lanari³, MA Poli², HR Taddeo³.
¹Subsecretaría de Agricultura Familiar de la Nación, Mármol 1950, R8430GDF, El Bolsón, Argentina, ²Instituto de Genética "Ewald Favret" CICVyA-INTA CC 25, B1712WAA, Castelar, Argentina., ³EEA Bariloche INTA, CC 277, R8403DVZ, Bariloche, Argentina.
 e-mail: mpoli@cnia.inta.gov.ar

Las cabras de Angora son las principales productoras de fibra en la Argentina. Estas poseen una única capa de pelo de alto valor económico llamado mohair producida por los folículos secundarios. Las cabras Criollas, mayoritariamente utilizadas para la producción de carne, presentan una doble capa de pelo, una capa inferior o *down* producido por folículos secundarios y una capa superior (pelos protectores) producidos por folículos primarios. El objetivo de este trabajo fue la identificación de QTL (*quantitative trait loci*) en el cromosoma 1 (CHI1) asociados a características de la piel en una población retrocrusa Angora x Criollo (BC). Fueron utilizados 353 crías BC pertenecientes a 5 familias con registros genealógicos completos. A los 5 meses de edad se tomó una muestra de piel y por métodos de histología clásica se analizó la densidad folicular por unidad de superficie, el % de superficie ocupada, el número de folículos primarios (P) y secundarios (S) por grupo y se estableció la relación entre folículos (SP). El total de los animales del diseño BC (n=513) fueron genotipados usando 9 marcadores tipo microsatélites distribuidos en el CHI1. Un análisis por intervalos fue realizado usando el programa GridQTL. Los efectos fijos incluidos fueron: tipo de BC (2), sexo (2), tipo de parto (2) y año (3). Los resultados muestran un probable QTL ($p < 0,05$) posicionado a 76cM del centrómero del CHI1 asociado a SP. El efecto aditivo del QTL expresado en unidades de desvíos estándar fenotípicas fue de -0,35. La proporción de la varianza total de carácter explicada por el QTL fue de 1,95%.

GMA 19

VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL RODEO DE BOVINOS CRIOLLOS DEL BANCO

ACTIVO DE INTA LEALES

Holgado FD¹, LM Melucci². ¹IIACS INTA Leales - Tucumán, ²Unidad Integrada Balcarce (Fac. Cs. Agrarias UNMDP-EEA INTA Balcarce.
 e-mail: fholgado@correo.inta.gov.ar

El Banco Activo de Bovinos Criollos de INTA Leales se formó en 1959, con animales procedentes del Chaco Salteño. Posteriormente, se realizaron nuevas incorporaciones de Jujuy, Tucumán, Santiago y Formosa. Se analiza aquí la estructura de pedigrí y evolución de la consanguinidad. Se dispuso de información genealógica, de nacimiento y sexo de 995 animales nacidos hasta 2010 y un pedigrí de 1068 animales. Para cada animal se estimó el coeficiente de consanguinidad, parentesco promedio y generación. Sobre la población de referencia, animales con ambos padres conocidos, se estimaron: a) fe: número efectivo de fundadores, fundadores que producirían igual diversidad genética que la de la población de referencia si contribuyeran igualmente, b) fa: número efectivo de ancestros, número mínimo de ancestros que explican esa diversidad genética; c) intervalo generacional y d) evolución de la consanguinidad. Para el análisis se utilizó el programa ENDOG v4.8. La variabilidad genética fue explicada por 143 ancestros, de los cuales solo 11 explicaron el 50%. El intervalo generacional fue de 6.07 años y el incremento de la consanguinidad por generación fue 1,06%. En la quinta generación todos los animales fueron consanguíneos, con promedio del 11,75%. Si bien la bibliografía indica efectos adversos de la consanguinidad, cuando el incremento es acompañado por estrategias de selección por caracteres productivos las frecuencias de alelos deletéreos pueden disminuirse y los efectos adversos de la consanguinidad pueden no ser relevantes, aspecto que será estudiado posteriormente.

GMA 20

EVALUACIÓN DE CINCO SINTÉTICAS MATERNAS DE POLLO CAMPERO POR EL DESEMPEÑO DE SUS PROGENIES HÍBRIDAS

Dottavio AM^{1,2}, ZE Canet^{1,3}, RJ Di Masso^{1,2}. ¹Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, ²CIC-UNR, ³INTA Pergamino.
 e-mail: quiyen78@hotmail.com

Cinco poblaciones sintéticas (A, E, CE, DE y ES), utilizadas como madres en la producción de pollos camperos, se evaluaron a través del



comportamiento de sus progenies (Campero α , ϵ , β , δ y ω , respectivamente; $n = 40$ machos por grupo) producidas por cruzamiento con una sintética paterna mejorada (AH⁺), en comparación con Campero INTA como grupo de referencia. Se incluyeron caracteres de crecimiento (asíntota y tasa de maduración para peso corporal y longitud de la caña), conformación (cuatro índices que relacionan medidas corporales lineales) y composición a la faena (% pechuga, pata-muslo y grasa abdominal). El análisis de componentes principales no mostró agrupamientos significativos pero permitió identificar fuentes de variancia independientes para desarrollo esquelético (PC1), biomasa sustentada (PC2), % muslo (PC3), volumen corporal (PC5). El análisis discriminante mostró un error de clasificación del 42% (de 30% para Campero ϵ al 53% para Campero β). Las dos primeras componentes canónicas explicaron 77% de la variancia. La 1^a discriminó a Campero INTA y Campero ϵ (grasa abdominal < 2,5%) del resto (> 3 %). La 2^a discriminó a Campero δ y ω (menor peso corporal asíntótico y mayor longitud asíntótica de la caña) de Campero α y β . Se concluye que si bien por su velocidad de crecimiento todas las combinaciones ensayadas cumplen con las exigencias del protocolo de producción de pollos camperos, indicando que las cinco sintéticas maternas evaluadas son aptas para la producción de este tipo de aves para carne, sus progenies presentan particularidades que las diferencian.

GMA 21

EXPRESIÓN GENÉTICA DEL CITOCROMO P450 3A28 Y DE LA GLICOPROTEÍNA P EN EL HÍGADO Y EN LA MUCOSA INTESTINAL DE OVINOS

Maté L, M Ballent, A Lifschitz, C Lanusse, G Virke. Laboratorio de Farmacología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNCPBA. Campus Unive.
e-mail: mlmate@vet.unicen.edu.ar

Las enzimas del sistema citocromo P450 (CYP) y las proteínas transportadoras como la glicoproteína P (gp-P), limitan la absorción y facilitan la eliminación de xenobióticos. La dexametasona (DEX) es utilizada para estudiar diferentes mecanismos de expresión de genes que codifican proteínas involucradas en la excreción de xenobióticos. El objetivo del presente trabajo fue estudiar el efecto de la administración de DEX (7 días, 3 mg/kg/día) sobre la expresión genética de CYP3A28 y de la gp-P

en el hígado y en el intestino de ovinos. El nivel de expresión genética se determinó por PCR en tiempo real. Se prepararon microsomas para cuantificar las actividades metabólicas y el contenido de proteína se determinó por inmunoblotting. El tratamiento con DEX causó a nivel hepático un incremento de los niveles de expresión del ARNm (2,67 veces, $p < 0,01$) de CYP3A28, y aumentó la expresión de la proteína (1,34 veces, $p < 0,05$) y su actividad metabólica (+210%, $p < 0,01$). A nivel intestinal no se observó un efecto marcado sobre la expresión genética de la CYP3A28 luego de la administración del glucocorticoide. Se observó un aumento (2,1 veces, $p < 0,001$) en la expresión del factor de transcripción receptor X del ácido retinoico (RXR). El tratamiento con DEX no produjo cambios significativos en los niveles de expresión ni en la actividad de la gp-P a nivel intestinal. Estos resultados constituyen un aporte al conocimiento de los factores que pueden afectar la expresión y la actividad de las enzimas y proteínas de transporte celular que participan en la eliminación de xenobióticos.

GMA 22

A NUCLEUS HERD FOR THE GENETIC IMPROVEMENT OF DAIRY CATTLE OF COOPERATIVE ARGENTINE DAIRY FARMERS

Roberto Gagliardi RG¹, NLV Nicolas Lopez-Villalobos².
¹Cooperativa Tambara Nueva Alpina Ltda., Santiago del Estero, Argentina, ²Institute of Veterinary, Animal and Biomedical Sciences, Massey University, Palmerston North, New Zealand.
e-mail: roberto.gagliardi@cotana.com.ar

A group of cooperative dairy farmers from the North of Argentina started a breeding program for the genetic improvement of their dairy cattle in 2003. The breeding goal was to improve the genetic ability of the cow to convert dry matter into farm profit. A system of genetic evaluation was implemented to produce estimated breeding values for lactation yields of milk, fat, protein, cow live weight and days open. The selection scheme was based on the selection of the best cows ranked on an economic selection called MEGEL (Merito Genetico Economico Lechero) which is calculated as $MEGEL = Ar\$0.081 \times EBV_{milk} + Ar\$1.238 \times EBV_{fat} + Ar\$1.950 \times EBV_{protein} - Ar\$0.048 \times EBV_{liveweight} - Ar\$0.105 \times EBV_{daysopen}$. MEGEL is an estimate of a cow's genetic merit for farm profit per 1 ton of DM. In 2012 a nucleus herd was implemented with 70 cows selected based on MEGEL. The nucleus



herd will produce young bulls to be used in the commercial cow population. The genetic superiority of the nucleus herd cows compared to the population cows was \$AR60 of MEGEL, 419 kg milk, 5.6 kg fat, 9.5 kg protein, 7.0 kg liveweight and 0.5 days open. Respective phenotypic superiorities were 1,158 kg milk (5,655 vs 4,497), 31.7 kg fat (186.9 vs 155.2), 21.0 kg protein (180.2 vs 159.2), -11.1 kg liveweight (502.8 vs 513.9) and 3.0 days open (141.7 vs 138.7).

producida.

GMA 24

GMA 23

COMPONENTES GENÉTICOS DE CARACTERES DE CRECIMIENTO, FAENA Y CARNE DE CRUZAMIENTOS ENTRE ANGUS, HEREFORD Y LIMOUSIN

Papaleo Mazzucco J, EL Villarreal, LM Melucci, CA Mezzadra. Unidad Integrada Balcarce (INTA EEA Balcarce-Facultad de Cs. Agrarias, UNMDP).
e-mail: jpapaleo@balcarce.inta.gov.ar

Se evaluaron los componentes genéticos de caracteres de crecimiento, faena y carne de 659 novillos, nacidos entre 2000 y 2009, de las razas Angus (A), Hereford (H), sus cruizas (AH, HA, $\frac{3}{4}$ A y $\frac{3}{4}$ H) y las cruizas de madres F1 con padres Limousin (LF1). Los caracteres de crecimiento medidos previos a la faena fueron peso (Pf) y espesor de grasa dorsal (EGDf) y área del músculo *Longissimus dorsi* (ALDf) ecográficos. A la faena se registró peso de la res caliente (PRC), rendimiento (REND) y espesor de grasa dorsal (EGDb) y área del músculo *L. dorsi* (ALDb) a la altura de la 12^a-13^a costilla. En la carne se determinaron las coordenadas de color $L^*a^*b^*$, la fuerza de corte (FC) y el contenido de extracto etéreo (EE) del *L. dorsi*. El modelo de análisis incluyó los efectos fijos de grupo genético (GG), año de nacimiento (AN), tratamiento de invernada dentro de AN, momento de faena dentro de AN y el efecto aleatorio padre dentro de GG. Se consideró la edad a la faena como covariable. La heterosis fue de 8,3%, 12,9%, 10,1%, 9,9%, 1,5% y 9,0% ($p < 0,05$) para Pf, EGDf, ALDf, PRC, REND, ALDb, respectivamente. Los efectos directos para EGDf, REND, ALDb y EE fueron favorables a A ($p < 0,05$). Las LF1 mostraron mayor Pf, PRC, ALDf, ALDb, REND y menor EGDf, EGDb y EE que las retrocruizas ($p < 0,05$). Estos resultados indican que el cruzamiento industrial entre A y H mejora las características de crecimiento y faena sin modificar la calidad de la carne. El cruzamiento terminal con Limousin mejora la cantidad y calidad de la carne

ASOCIACIÓN ENTRE SNPs DE GENES CANDIDATOS Y RECuento LEUCOCITARIO EN BOVINOS INFECTADOS POR BLV

Carignano H¹, M Beribe¹, M Raschia¹, G Gutierrez², I Alvarez², A Amadio³, D Roldán¹, D Maizón⁴, K Trono², M Miretti⁴, M Poli¹. ¹Instituto de Genética, CICVyA-INTA, ²Instituto de Virología, CICVyA-INTA, ³EEA INTA Rafaela, ⁴EEA INTA Anguil, ⁵GIGA, FCEQyN, Universidad Nacional de Misiones.
e-mail: hcarignano@cnia.inta.gov.ar

Los animales infectados con el virus de la leucosis bovina (BLV) exhiben variación inter-individual en la dinámica de la infección. Aproximadamente, el 30% de los animales infectados desarrolla linfocitosis persistente (LP), mientras que el 70% de los animales permanece asintomático y un 10% desarrolla tumores linfoides. El objetivo de este trabajo fue la búsqueda de asociación entre variaciones de nucleótido simple (SNP) en genes candidatos y su relación con el nivel infección por BLV. Se analizaron 32 SNPs en 212 animales infectados con BLV, con datos de Recuento Leucocitario Total (RLT) como marcador indirecto del nivel de infección. La genotipificación se realizó mediante la metodología SNPlex™. Para los análisis de asociación entre los SNPs y RLT se empleó el modelo animal unicarácter considerando efectos fijos a nro. de lactancias, tambo y % de Holando; como efecto aleatorio al animal y genotipo del SNP como covariable regresora lineal. El alelo T de un SNP intrónico correspondiente al gen *SERPINA5* (Bta 21) resultó significativo ($p=0,0322$) para su efecto positivo sobre el RLT. *Serpina5* es una sutil inhibidora de cascadas catalizadas por proteasas como la inflamación y la apoptosis y se ha demostrado su función como supresor tumoral. El SNP en *SERPINA5* podría favorecer la desregulación de la proliferación de células B, y en consecuencia la manifestación de linfocitosis persistente, la acumulación de cambios en ADN y/o la transformación neoplásica, en forma independiente o sinérgica con proteínas virales nativas.

GMA 25

POLIMORFISMOS NO GENE DA KAPPA CASEÍNA EM BUFALOS MURRAH NO ESTADO DO PARÁ, BRASIL: RESULTADOS



PRELIMINARES

Gusmão MTA¹, LCS Chaves¹, AS Schierholt¹, MA Paula de Sousa³, ER Daher Santos², MR Costa⁵, ACR Fortes⁴. ¹Professor Adjunto da Universidade Federal Rural da Amazônia, UFRA, Brasil. ²Mestrando em Saúde e Produção Animal na Amazônia – Universidade Federal Rural da Amazônia, UFRA, Brasil. ³Graduando em Zootecnia da Universidade Federal Rural da Amazônia, UFRA, Brasil. Bolsista PROEX. ⁴Graduando em Agronomia da Universidade Federal Rural da Amazônia, UFRA, Brasil. Bolsista FAPESPA. ⁵Pesquisadora II da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA, Brasil. e-mail: monica.gusmao@ufrs.edu.br

Objetivou-se buscar a possível existência de polimorfismo no gene da kappa-caseína em bubalinos, avaliando-se dois rebanhos formados da raça Murrah e mestiços com predominância Murrah. O DNA foi extraído do sangue, utilizando o kit de extração PureLink Genome da Invitrogen, conforme protocolo especificado pela empresa. Estudou-se o exon IV do gene da kappa-caseína. Para a amplificação do fragmento utilizou-se os primers com as sequências: primer forward K1 (5'-CACGTCACCCACACCCACATTTATC-3') e primer reverse K2 (5'-TAATTAGCCCATTTTCGCCTTCTCTGT-3'). A técnica de PCR amplificou um fragmento de 379 pares de base. O sequenciamento de DNA do fragmento amplificado revelou um polimorfismo no códon 135 (ACC -> ATC, codificando Treonina (Thr) e Isoleucina (Ile), respectivamente, com frequências alélicas estimadas em 0,78 para o alelo Thr e 0,22 para o alelo Ile. Este polimorfismo de sítio único já havia sido relatado anteriormente em rebanhos bubalinos na Itália. Outro polimorfismo foi evidenciado no códon 136, mas, o mesmo não gerou mudança na sequência de aminoácidos da proteína. Observou-se também a existência de polimorfismo ainda não relatado no códon 151. Foram identificadas duas variantes nunca antes depositadas no Genebank, GAC e GAT (ambas codificando o aminoácido Ácido aspartico) e a variante já observada em outros sequenciamentos da kappa-caseína em bubalinos, GAA (codificando Ácido glutâmico), cujas frequências alélicas foram estimadas em 0,01 para as variantes GAC e GAT e 0,98 para GAA. Palavras-chave: aminoácidos, búfalos, DNA, primers.

Fassa V¹, T Carden³, L Soria¹, P Goenaga², G Marrube¹, M Lloveras². ¹Facultad de Cs. Veterinarias UBA Cátedra de Genética, ²EEA INTA Pergamino, Sección Mejoramiento Porcino, ³Facultad de Cs Exactas y Naturales UBA. e-mail: cardencarden@hotmail.com

La sustitución en el intron3 (G3072A) del gen IGF2 altera un sitio de unión de un represor nuclear causando un aumento en la expresión del ARNm de este gen en el músculo esquelético durante el crecimiento postnatal cuando el alelo Apat es heredado del progenitor masculino (“imprinting”). El objetivo del estudio fue analizar el efecto del alelo Apat en una población Landrace. Los apareamientos fueron diseñados a partir de progenitores genotipados para conocer con precisión el origen paterno del alelo A, debido a la herencia no mendeliana del mismo. Un total de 60 cerdos fueron distribuidos en boxes por genotipo (Apat, Gpat) y género (hembras y machos castrados) y alimentados a voluntad con una ración estándar hasta los 90 KG de peso vivo. Durante la prueba se registraron la velocidad de crecimiento, el espesor de grasa dorsal medido con equipo Renco y la conversión alimenticia. Los cerdos fueron faenados registrándose el peso de las canales, el porcentaje de tejido magro, el espesor de grasa dorsal y la profundidad del músculo *longuissimus dorsi* con sonda óptica Hennessy Grading Probe. Los cerdos de genotipo Apat exhibieron menor espesor de grasa dorsal: 12.7mm vs. 14.9 mm ($p= 0.001$); mejor conversión alimenticia: 3.6 vs.3.9; ($p= 0.05$) y las canales arrojaron mayor contenido de tejido magro:43% vs. 45%; ($p=0.008$) que los cerdos de genotipo Gpat. Los resultados obtenidos indicarían que el alelo Apat del gen IGF2 produce un aumento del tejido magro por reducción del depósito de grasa. Esto lo convertiría en un gen ideal para ser utilizado en selección asistida por genotipos.

GMA 27

HAPLOTIPOS EN LOS PROMOTORES DEL GEN DE LA CALPASTATINA BOVINA

Motter MM¹, G Marrube¹, PM Corva², LA Soria¹. ¹Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad de Buenos Aires, ²Mejoramiento Genético Animal. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Mar del Plata. e-mail: Isoria@fvvet.uba.ar

La calpastatina es el inhibidor específico de las calpaínas, principales enzimas proteolíticas del músculo. Tiene cuatro isoformas diferentes debido a la existencia de cuatro promotores en el gen CAST, tres de los cuales se expresan en músculo (I, II y III).

GMA 26

EFFECTO DEL SNP G3702A DEL GEN IGF2 SOBRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y DE CANAL EN CERDOS DE RAZA LANDRACE



La magnitud de la proteólisis *postmortem* contribuye a determinar la terneza de la carne y la variación de este proceso está asociado a la raza del animal. La carne de animales *B. indicus* generalmente posee menor terneza que la obtenida de animales *B. taurus*. Mediante resecuenciación comparativa se analizaron tres promotores de CAST en toros de raza Angus y Brahman, para buscar mutaciones con implicancias en la expresión de dicho gen. Productos de PCR de los promotores I (743 pb, 98348786-98349528 de NC_007305, Btau 4.6), II (933 pb, 98349582-98350514 de NC_007305, Btau 4.6) y III (1067 pb, 98397659-98398725 de NC_007305, Btau 4.6) de 7 toros no relacionados de cada raza fueron secuenciados y analizados *in silico*. El promotor III no presentó variabilidad entre razas. En el promotor I se hallaron los haplotipos CTCCA en Angus y GCTGG en Brahman, para los SNP # rs 110033820, 134789056, 133635365, 134974904 y 136105887 (dbSNP, GenBank). En el promotor II se confirmó el SNP: 98349754 (# rs 137189823), y dos nuevos en 98350269 y 98350317. Los haplotipos hallados fueron: CCG y GTC en Angus y Brahman respectivamente. El análisis mediante el programa *TFSearch* (versión 1.3, score 90) reveló que la mutación C/T (posición 98350269) elimina un sitio SP1, este resultado justificaría estudiar su efecto sobre la expresión de CAST.

GMA 28

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE POBLACIONES DE PEJERREY (*Odontesthes spp.*) PARA SU CULTIVO EN URUGUAY

Ríos N¹, V Gutiérrez¹, C Da Silva¹, J Guerra², C Bouza Fernández², B Gómez Pardo², P Martínez Portela², G García¹.
¹Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Montevideo, Uruguay, ²Dpto. Xenética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela, Campus de Lugo, España.
 e-mail: Graciela.Garciagraciela@gmail.com

La inexistencia de una evaluación genética representa un obstáculo importante para el desarrollo sostenible del cultivo de algunas especies autóctonas como el pejerrey (*Odontesthes spp.*) en Uruguay. En el presente trabajo se propone analizar la variabilidad genética en poblaciones naturales que podrían ser utilizadas para formar núcleos fundadores en proyectos acuícolas. Una muestra de 120 ejemplares capturados en diferentes cuencas de Uruguay fue analizada con dos tipos de marcadores moleculares poblacionales: gen de la citocromo oxidasa I mitocondrial (COI) y 5 loci microsátélites.

Los análisis filogenéticos y poblacionales basados en secuencias del COI muestran la existencia de dos clados con alta probabilidad de ocurrencia: un clado menor agrupando una muestra de la costa oceánica con la secuencia de GenBank de *O. incisa* y un clado mayor representado por una politomía basal incluyendo la mayor parte de las muestras procedentes de todas la cuencas de Uruguay junto a secuencias de GenBank de *O. argentinensis* y de *O. bonariensis*. El análisis con marcadores microsátélites indica que la estructura más probable para el “set” de datos, está representada por 2 poblaciones (K= 2). Todos los resultados podrían sugerir la posible existencia de poblaciones híbridas entre poblaciones nativas de Uruguay (*O. argentinensis*) con poblaciones introducidas (*O. bonariensis*) desde Argentina, encontradas en varios de los ambientes estudiados. Nuevos análisis incluyendo más marcadores nucleares son necesarios para clarificar la existencia y el sentido de la introgresión en estas poblaciones.

GMA 29

ESTRUTURA POPULACIONAL DE CAPRINOS DA RAÇA ANGLONUBIANA NO CENTRO NORTE DO PIAUÍ, BRASIL

Silvestre EA¹, PO Silva², MM Bajay², MI Zucchi⁴, JEG Campelo², FB Britto². ¹Universidade Estadual de Campinas, ²Universidade Federal do Piauí, ³Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, ⁴Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios.
 e-mail: ellidaguiar@gmail.com

Os caprinos da raça Anglonubiana são animais resistentes e adaptados às regiões de clima tropical. São indicados para cruzamentos com cabras mestiças, visando melhorar a produção de leite e carne. No entanto, estudos de caracterização da raça no Nordeste do Brasil são praticamente inexistentes. Assim, o presente estudo teve como objetivo estudar a estruturação populacional da raça Anglonubiana em rebanhos no Centro Norte do Estado do Piauí. Foram coletadas 96 amostras de pelos de animais provenientes de quatro localidades (Angical, José de Freitas, Teresina e Campo Maior). Análises moleculares foram realizadas com a utilização de oito marcadores microsátélites sugeridos pela FAO (ILSTS11, ETH225, McM527, INRA23, ETH10, OarfCB304, OarfCB48 e MAF209). Apesar do baixo número de alelos obtido por loco (3,88), as estimativas de heterozigosidade esperada (0,516) mostraram potencial para o uso dos marcadores. O coeficiente de diferenciação genética G_{st} , mostrou



que 11,9% da variação genética está distribuída entre populações e 88,1% dentro delas. Apesar disto, o valor de G_{is} (0,279) indicou deficiência de heterozigotos. Com os dados obtidos pelo programa STRUCTURE foi possível estimar a existência de três grupos genéticos ($\Delta K=3$) entre os rebanhos das quatro localidades, porém a diferença entre os mesmos ainda é incipiente. Assim, os rebanhos analisados estão pouco estruturados e apresentam baixa diversidade. Este fato pode ser decorrente da endogamia entre os indivíduos amostrados, causada pela escolha de um número reduzido de reprodutores específicos na região.

estimaciones resultaron dentro del rango encontrado en bibliografía y por lo tanto, se espera obtener una buena respuesta a la selección.

GMA 31

CALIDAD DE LA GENOTIPIFICACIÓN POR EL BOVINE SNP50 BEADCHIP® EN BOVINOS HOLANDO Y HOLANDO X JERSEY

Raschia MA¹, AF Amadio², JP Nani², HA Carignano¹, MJ Beribe¹, MA Poli¹. ¹Instituto de Genética, INTA Castelar, ²INTA, EEA Rafaela.

e-mail: mraschia@cni.inta.gov.ar

GMA 30

COMPARACIÓN DE POLINOMIOS DE LEGENDRE PARA AJUSTAR LA CURVA DE LACTANCIA EN OVINOS PAMPINTA

Stazionati MF¹, MR Busetti¹, I Gigli², DO Maizon¹. ¹INTA, EEA Anguil "Ing.Agr. Guillermo Covas", La Pampa, ²UNLPam, Facultad de Agronomía, La Pampa.

e-mail: mstazionati@anguil.inta.gov.ar

En la EEA Anguil se está desarrollando un programa de mejora genética para Pampinta, una de las razas empleadas en producción de leche ovina en Argentina. El objetivo del presente trabajo fue ajustar distintos polinomios de Legendre (PLeg) para los efectos permanentes y aditivos, elegir un modelo en función del Criterio de Información Akaike (AIC) y en base a este último realizar estimaciones de parámetros genéticos. Se trabajó con 788 lactancias producidas por igual número de ovejas Pampinta entre 1995 y 2011 con un promedio aproximado de 7 controles lecheros por animal. El pedigrí se armó con las ovejas que produjeron los registros más 743 progenitores que conectaron dos ó más individuos con registros ó progenitores de éstos. Se ajustó, en el modelos base, como efectos fijos: edad de la oveja (1 a 6), tipo de parto (1, 2, 3+) y un PLeg de grado 3 para días en lactación; como efectos aleatorios: año-estación-cohorte de manejo, componente permanente por observaciones repetidas dentro de lactación y animal. Para estos dos últimos efectos, se ajustaron PLeg de grados: 3, 4, 5, y sus combinaciones. Las estimaciones fueron realizadas con el programa WOMBAT. En base al AIC, el mejor ajuste se obtuvo con el modelo PLeg de grado 3 para los componentes permanente y animal. Las heredabilidades para producción de leche a 120; 150; 180; 210 y 240 días resultaron 0,177; 0,190; 0,198; 0,200 y 0,198, respectivamente. Estas

La genotipificación de alta densidad en el ganado vacuno y los estudios de asociación a nivel de genoma completo brindan la posibilidad de incluir información genética en los programas de selección de reproductores. El objetivo de este trabajo fue describir las características de calidad de la genotipificación mediante el Bovine SNP50 BeadChip de Illumina de un rodeo comercial de razas Holando y HolandoXJersey (HxJ) y seleccionar los polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) a usar en estudios posteriores. El ADN utilizado se extrajo de muestras de sangre fresca obtenidas a partir de 1039 animales de raza Holando (n=774) y cruza HolandoXJersey (n=265). El chip evalúa 54609 SNPs uniformemente distribuidos en el genoma vacuno. Con los resultados se diseñó una base de datos en MySQL, para un manejo más adecuado de los datos. Se evaluó la cantidad de muestras y de SNPs que superaban criterios de calidad previamente establecidos (una tasa de genotipificación del 90% y frecuencias alélicas mínimas mayores al 1%) utilizando el programa PLINK. Un total de 754 animales de raza Holando y 44162 SNPs genotipificados en los mismos superaron los valores umbrales mencionados. Por otro lado, 263 animales HxJ y 45326 SNPs superaron dichos criterios de calidad. Los resultados obtenidos permitieron seleccionar los SNPs a utilizar en futuros estudios para animales Holando y HxJ (el 81% y el 83% del total de los SNPs analizados, respectivamente).

GMA 32

EFEITO DO SILENCIAMENTO DE TRÊS PROTEÍNAS LEA NA VIABILIDADE DE PANAGROLAIMUS SUPERBUS

Borges G¹, CCS Evangelista¹, A Burnell², A Tunnacliffe³, TC



Pereira¹. ¹Lab. de Genética Molecular da Anidrobiose, Depto de Biologia, FFCLRP – USP, Brasil, ²Dept of Biology, National University of Ireland, Maynooth, Ireland, ³Dept of Chemical Engineering and Biotechnology, University of Cambridge, United Kingdom.

e-mail: gustavo_borges_47@hotmail.com

Anidrobiose (vida sem água) é um estado de organização biológica altamente estável que é alcançado por várias espécies distribuídas nos diferentes reinos biológicos. Uma nova área de pesquisa vem sendo desenvolvida, com o intuito de tornar materiais biológicos resistentes à dessecação extrema. Isto traria um enorme avanço para a medicina, como a conservação de órgãos a seco. Este trabalho visa avaliar o efeito do silenciamento dos genes LEA (*Late Embryogenesis Abundant*) e sua importância no processo de anidrobiose. As proteínas LEA são extremamente hidrofílicas e sua acumulação intracelular está intimamente relacionada com a aquisição da tolerância à dessecação. Demonstrou-se que tais proteínas possuem a capacidade de estabilizar outras proteínas e também membranas durante a dessecação. Os vermes *P. superbus* foram cultivados em placas contendo IPTG e bactérias HT115 expressando dsRNA contra três proteínas LEA-1, LEA-4 e LEA-12; GFP foi usado como controle negativo. Após 17 dias do início da alimentação, os vermes foram coletados e preparados para o ensaio de viabilidade, utilizando Erythrosin-B como indicador de mortalidade. Nenhuma das três proteínas LEA foi letal para o verme, uma vez que as taxas de sobrevivência após o silenciamento foram semelhantes ao controle negativo (cerca de 94%). Contudo, ensaios de RNAi seguidos de dessecação (umidade relativa 10%) levaram a uma drástica redução na viabilidade em relação ao controle, evidenciando que estes genes estão relacionados à anidrobiose. Em especial, o *knockdown* de LEA-12 levou a uma queda de 70% na viabilidade.