

## GMA 1

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS EN RESPUESTA AL DESAFÍO ARTIFICIAL CON L3 DE PGI EN CORDEROS CORRIEDALE

Poli M.A.<sup>1</sup>, B. Cetrá<sup>2</sup>, P.D. Medus<sup>3</sup>, D.O. Maizón<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald Favret", CICVyA, INTA, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>EEA Mercedes, INTA, Corrientes, Argentina. <sup>3</sup>EEA Concepción del Uruguay, INTA, Entre Ríos, Argentina. <sup>4</sup>EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", INTA, La Pampa, Argentina. E-mail: poli.mario@inta.gob.ar

Las parasitosis gastrointestinales (PGI) causan grandes pérdidas en la producción ovina en la región noreste del país. La rápida adaptación de los parásitos a las drogas y su uso indiscriminado ha conducido a los productores a la búsqueda de nuevas herramientas para el control sostenible de los parásitos y reducir la contaminación en los alimentos. La selección de animales más resistentes es una alternativa. En este trabajo se estimaron los parámetros genéticos en corderos Corriedale en respuesta al desafío artificial con larvas (L3). Se utilizaron 422 corderos de 5 meses de edad promedio, hijos de 16 carneros y 131 ovejas. Los apareamientos fueron dirigidos entre animales preseleccionados entre susceptibles y resistentes durante 5 años en dos majadas. Se contó con registros de pedigrees completos y las variables medidas fueron: peso corporal (BW), hematocrito (PCV), índice FAMACHA© y huevos por gramo de materia fecal (FEC) a los días 0, 28, 35 y 42 post inoculación vía ruminal de 5.000 L3 (>85 % de *Haemonchus c.*). Las estimaciones se realizaron mediante modelos unicarácter de regresión aleatoria, empleando el algoritmo EM-REML del programa WOMBAT. Los efectos fijos fueron majada, sexo, y año de ensayo; como covariables el peso al día 0 y un polinomio de Legendre (grado 2) para días desde el desafío y como aleatorios el individuo y el error. Las heredabilidades estimadas fueron: BW  $0,41 \pm 0,11$ ; LNFE<sub>C</sub>  $0,20 \pm 0,08$ ; PCV  $0,42 \pm 0,08$  y FAMACHA©  $0,29 \pm 0,06$ . Las estimaciones indican que es posible seleccionar a favor de animales resistencia a parásitos gastrointestinales.

## GMA 2

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDAD EN OVINOS PAMPINTA

Gigli I.<sup>1</sup>, D.O. Maizon<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, UNLPam, Santa Rosa, La Pampa. <sup>2</sup>EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", INTA, Anguil, La Pampa. E-mail: igigli@agro.unlpam.edu.ar

La prolificidad (PLFD), número de corderos nacidos, es una de las principales características reproductivas de los ovinos Pampinta, una raza sintética producida desde animales cruza  $\frac{3}{4}$  Frisones y  $\frac{1}{4}$  Corriedale. En la cabaña de ANGUIIL, el promedio de PLFD es 1,75 con más de 60 % de partos dobles o superiores. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar desde el punto de vista genético cuantitativo, el PLFD. Para ello, se estimó la heredabilidad ( $h^2$ ) y la repetibilidad del carácter en un total de 6.479 partos, ocurridos entre los años 1993 y 2014. Se empleó un modelo animal umbral de observaciones repetidas. Para la variable PLFD se emplearon tres niveles (1, 2, 3 o + nacidos por parto). El modelo incluyó los siguientes efectos: orden de parto (1ro, ..., 5to o +); edad de la oveja al primer parto (10-15 meses, 16 a 22 meses y 23 a 30 meses); año de nacimiento de la oveja (22 niveles); año y la estación de parto (41 niveles); observación repetida por oveja (2.013 niveles) y el individuo –ovejas y padres– incluido en la matriz de relaciones aditivas (2.602 niveles). Las estimaciones se realizaron mediante el programa TM, que emplea metodología bayesiana, realizando 60.000 iteraciones de muestreo de Gibbs. Con el fin de inspeccionar las distribuciones marginales posteriores de los parámetros estimados, se descartaron las primeras 10.000 iteraciones y se tomaron muestras cada 20 ciclos. Las estimaciones de  $h^2$  y repetibilidad fueron 0,028 (DE 0,012) y 0,098 (0,026), respectivamente. En Frisones se reportó una  $h^2$  de 0,04, destacándose la influencia ambiental para PLFD.

## GMA 3

**EVALUACIÓN DEL EFECTO DE IVERMECTINA SOBRE LA EXPRESIÓN DEL TRANSPORTADOR GLICOPROTEINA-P EN EL PARÁSITO OVINO *Haemonchus contortus***

Maté L.<sup>1</sup>, M. Ballent<sup>1</sup>, L. Ceballos<sup>1</sup>, G. Virkel<sup>1</sup>, I. Alvarez<sup>1</sup>, C. Lanusse<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Farmacología, Centro de Investigación Veterinaria Tandil (CIVETAN-CONICET), FCV, UNCPBA.  
E-mail: lauramateo4@gmail.com

La Ivermectina (IVM) es una lactonamacrocíclica ampliamente utilizada en Medicina Veterinaria y Humana para el control de endo y ectoparásitos. Esta molécula es un reconocido sustrato del transportador celular glicoproteína-P (gp-P). La exposición a IVM puede resultar en la inducción de la expresión génica de este transportador celular, no sólo en los tejidos del animal tratado, sino también en los parásitos “blanco”. La sobreexpresión de gp-P es uno de los mecanismos de resistencia descrito en *Haemonchus contortus*, principal endoparásito de los ovinos. El objetivo de este trabajo fue evaluar mediante qPCR el efecto de IVM administrada por vía oral a 2 niveles de dosis única (0,2 mg/kg y 2 mg/kg) sobre la expresión génica de gp-P en *H. contortus* resistente a dicho fármaco, recuperados de ovinos tratados a los 14 días post-tratamiento. Por otro lado, se evaluó el efecto de IVM sobre la expresión de gp-P en hígado, intestino y linfocitos de sangre periférica de los ovinos tratados. Los resultados obtenidos hasta el momento no muestran ningún incremento en los niveles de ARNm de gp-P en los parásitos recuperados, ni en ninguno de los tejidos animales analizados. Estos resultados muestran que a los 14 días post-tratamiento, y cuando aún existen concentraciones de IVM en el organismo del animal tratado, la IVM a las dosis administradas no induce ningún cambio significativo en la expresión génica de este transportador celular. El efecto de IVM sobre la expresión del transportador a menores tiempos post-tratamiento, está bajo evaluación en nuestro Laboratorio.

## GMA 4

**ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA PARA EL ÍNDICE PRODAM EN HEMBRAS DE LA RAZA BRAFORD**

Borelli V.S.<sup>1</sup>, A.R. Jacquet<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA, EEA Las Breñas, Chaco.  
E-mail: borelli.valeria@inta.gob.ar

En los sistemas de producción de bovinos para carne, la longitud de la vida productiva de la vaca, el número de terneros producidos por la misma por unidad de tiempo y kilos destetados de ternero son factores de suma importancia económica. El índice de productividad media anual, PRODAM, que considera la cantidad en kg. de terneros destetados y el tiempo, en días para obtenerlos, es un indicador de productividad de las madres. El objetivo del presente trabajo fue estimar los componentes de varianza y la heredabilidad para el índice PRODAM en hembras Braford pertenecientes a la cabaña Los Chinatos (INTA EEA Las Breñas). Se contó con registros productivos de 223 hembras con 3 o + crías destetadas, nacidas entre 1989 y 2011. Previo al cálculo del PRODAM, los PD de las crías fueron ajustados a 180 días de edad, cría macho y madre de 3 años. Para el índice se empleó un modelo que incluyó la edad de la madre al primer parto, el mes-año de nacimiento de la madre y el animal, y se utilizó un pedigrí con 323 animales. Se estimó mediante MCMC y Gibbs *sampling*, las distribuciones marginales posteriores desde las cuales se obtuvieron las estimaciones. A mayor edad al primer parto las vacas presentaron menor PRODAM; mes-año de nacimiento representó el 25 % de la variación observada en PRODAM. El promedio de la distribución posterior para la heredabilidad fue de 0,092 (DE 0,068). Aunque el número de madres empleado en el análisis fue pequeño, la heredabilidad estimada indica suficiente variabilidad como para considerar PRODAM como criterio de selección.

## GMA 5

**IDENTIFICACIÓN DE BIOTIPOS CAPRINOS MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE MARCADORES ZOOMÉTRICOS**Cattáneo A.C.<sup>1</sup>, R.O. Arias<sup>1,2</sup>, M.S. Trigo<sup>1,2</sup>, A.G. Antonini<sup>1,2</sup>.<sup>1</sup>IGEVET, FCV, UNLP. <sup>2</sup>FCAyF, UNLP.

E-mail: cattaneo.ac@gmail.com

El objetivo del presente trabajo fue identificar poblaciones caprinas de la zona de influencia de la UNLP mediante el uso de marcadores zoométricos. Se tomaron registros de 14 medidas corporales (alzada, diámetro longitudinal y bicostal, perímetro de tórax, caña y cuello, longitud y ancho craneal y caudal de grupa, largo y ancho de cabeza, longitud del cráneo, ancho de hombros y despegue) de 120 cabras adultas pertenecientes a 3 producciones caprinas de la región, cada una de ellas con diferente biotipo (criollas cruza, Saanen y Anglo Nubian). Los animales estudiados se encuentran en explotaciones semi intensivas destinadas al ordeño y la venta de cabritos, con acceso a pastura natural, suplementados con heno de alfalfa y bebederos en los corrales y potreros. A partir de los datos obtenidos y utilizando el programa estadístico Statgraphics Centurión se realizó un análisis discriminante. Los resultados indicaron que la primer función discriminante explica el 61 % de la varianza y la segunda la variación restante, ambas significativas ( $p < 0,001$ ). El 88 % de los casos fueron asignados correctamente. El gráfico de las funciones permitió observar el agrupamiento de las poblaciones caprinas criollas cruza (destinadas a la producción de carne de cabrito y como producto secundario leche), de las poblaciones de razas Saanen y Anglo Nubian (destinadas principalmente a la producción láctea) alrededor de sus respectivos centroides. Por tanto, se podría concluir que aquellas medidas zoométricas calculadas permitirían la identificación de los distintos biotipos caprinos de la región.

## GMA 6

**PUBERTAD DE LA HEMBRA BOVINA Y SU ASOCIACIÓN CON MARCADORES DE GENES CANDIDATOS**Pardo A.M.<sup>1</sup>, J. Papaleo Mazzucco<sup>1</sup>, E.L. Villarreal<sup>1</sup>, J. Ferrario<sup>4</sup>, S. Santamaría<sup>4</sup>, O. Melucci<sup>3,4</sup>, G. Giovambattista<sup>2</sup>, L.M. Melucci<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce, Fac. Cs. Agrarias, UNMDP-INTA EEA Balcarce. <sup>2</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, UNCPBA. <sup>4</sup>Actividad Privada.

E-mail: pardo.alan@inta.gob.ar

En las hembras bovinas gran parte de la variabilidad existente en la edad de arribo a la pubertad puede explicarse por caracteres asociados al tamaño corporal y/o la deposición de grasa. Se realizó un estudio preliminar de asociación de genes candidatos con la edad (Ep), peso (PVp), condición corporal (CCp), alzada (Ap), espesor de grasa dorsal (EGDp) y lumbar (P8p), a la pubertad en 132 hembras Angus, Hereford, sus cruza, y Criollo, nacidas en 2011 y 2012. La genotipificación se realizó utilizando la plataforma Sequenom para 70 SNPs ubicados en genes candidatos intervinientes en tres vías metabólicas (reproducción, crecimiento y balance energético/lípidos). Para cada variable se obtuvieron los residuales de un modelo mixto que incluyó al año y mes de nacimiento, grupo genético y edad de la madre como efectos fijos y al padre como aleatorio. Los efectos de cada SNP se estimaron a partir de dichos residuales. Para Ep fueron significativos ( $p < 0,05$ ) marcadores en FASN, LEP, CEBPA, FABP4, GHR, SPAG11 y región intergénica en BTAX. Para PVp los marcadores significativos ( $p < 0,05$ ) estuvieron en FASN, LEP (Promotor) y SPAG11, mientras que para Ap en FABP4 y PTGER2. Los marcadores en LEP, TG y PPARG resultaron significativos ( $p < 0,05$ ) para EGDp, mientras que para P8p y CCp en PPARG y FASN, respectivamente. Después de la corrección por comparaciones múltiples, ningún marcador mantuvo significancia. Estas asociaciones preliminares sugerirían un importante efecto de genes que regulan la homeostasis energética sistémica y almacenamiento de lípidos sobre la pubertad sexual de la hembra.

## GMA 7

### ASOCIACIÓN DE SNPs CON CARACTERES DE CRECIMIENTO Y CALIDAD DE CARNE EN NOVILLOS PUROS Y CRUZAS

Papaleo Mazzucco J.<sup>1</sup>, L.M. Melucci<sup>1</sup>, D.E. Goszczynski<sup>2,3</sup>, M.V. Ripoli<sup>2</sup>, A. Rogberg-Muñoz<sup>2,3</sup>, A. Pardo<sup>1</sup>, C.A. Mezzadra<sup>1</sup>, G. Giovambattista<sup>2</sup>, E.L. Villarreal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Área de Investigación en Producción Animal, Unidad Integrada INTA Balcarce-FCA, UNMdP. <sup>2</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata CONICET, FCV, UNLP. <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).  
E-mail: papaleo.juliana@inta.gob.ar

Se estudió la asociación entre SNPs de genes relacionados al crecimiento y regulación del metabolismo lipídico, con caracteres de crecimiento y calidad de carne. En 260 novillos puros y cruzas nacidos entre 2006 y 2009 se midió peso final, espesor de grasa dorsal (EGD) y área de ojo de bife ecográficos finales, sus tasas mensuales, peso de res y proporción de grasa de riñonada (PGR) a la faena, pérdidas por descongelación (PDESC), pérdidas por cocción y resistencia al corte (RC) en la carne. Los residuales, luego del ajuste por biotipo y grupo contemporáneo (año nacimiento y fecha de faena), se utilizaron para estimar el efecto de 12 SNPs. El modelo resultó significativo para FABP4-E2 (rs110757796) con EGD, FABP4 (rs41729173) con tasa de EGD, promotor de IGF1 (rs134527338) con PGR, GHRHR-E6 (rs109390134) con PDESC, promotor de LEP (rs109406937), GHR-E7 (rs135304055) y GHRHR-E6 con RC. Sin embargo, ninguna de las asociaciones mantuvo la significancia luego de ajustar el valor p por múltiples comparaciones. No se encontró asociación entre las variables evaluadas y los SNPs GH-E8 (rs41923484), LEP (rs29004488), FABP4-E3 (rs110652478), FABP4-E3 (rs110383592), FABP4-I3 (rs111014258) y promotor de GHRL (rs108987641). A pesar de la falta de significancia, la tendencia observada en los SNPs del FABP4 y del GH, los sugiere como marcadores candidatos del contenido de grasa dorsal y de la calidad de la carne, respectivamente, aunque sería necesario incrementar la cantidad de animales para poder confirmar las asociaciones.

## GMA 8

### ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA Y TENDENCIA GENÉTICA PARA PRODUCTIVIDAD MEDIA ANUAL EN BOVINOS PARA CARNE

Pardo A.M.<sup>1</sup>, L.M. Melucci<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce, Fac. Cs. Agrarias, UNMDP-INTA EEA Balcarce.  
E-mail: pardo.alan@inta.gob.ar

En la eficiencia productiva de bovinos de cría, la vida productiva de una vaca, el número de terneros por vaca por unidad de tiempo y los kilogramos de terneros destetados son componentes de suma importancia económica. Con el objetivo potencial de emplearlos en programas de mejora, se estimaron los componentes de varianza y la tendencia genética para la productividad media anual (PRODAM) empleando registros productivos de 760 vacas Angus, Hereford y sus cruzas recíprocas, y un pedigrí con 1.238 animales, pertenecientes a un rodeo experimental de la EEA INTA Balcarce, en el período 2000-2009. Las estimaciones se realizaron mediante el algoritmo EM-REML con el programa WOMBAT. El modelo ajustado contempló el efecto fijo de grupo genético, las covariables edad al primer parto y heterosis, y los efectos aleatorios año-mes de nacimiento y animal. La tendencia genética se estimó por regresión de los valores de cría individuales sobre las generaciones. La heredabilidad ( $h^2$ ) estimada para PRODAM fue  $0,14 \pm 0,05$ . La tendencia generacional fue de  $0,89 \pm 0,06$  kg ( $p < 0,0001$ ). La estimación de  $h^2$  obtenida es coincidente con las estimaciones publicadas en la literatura. Los resultados anteriores sugieren que: 1- PRODAM respondería a la selección y 2- aunque la población analizada no estuvo bajo selección direccional a favor de dicha variable, los cambios genéticos generacionales resultaron positivos debido, probablemente, a una presión de selección en caracteres que componen PRODAM, como el peso al destete y la vida productiva.

## GMA 9

## METODOLOGÍA PARA IDENTIFICAR HUELLAS DE SELECCIÓN EN RAZAS BOVINAS MEDIANTE EL LOGARITMO DE VEROSIMILITUD COMPUESTA

Macor L.<sup>1</sup>, M.G. Monterubbianesi<sup>2</sup>, P. Corva<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.  
E-mail: laura.macor@gmail.com

La selección dentro de poblaciones modifica la frecuencia de loci asociados al fenotipo seleccionado, así como la de aquellos que se encuentran en su proximidad. De esta manera se generan regiones en el genoma conocidas como huellas de selección, detectables al comparar frecuencias alélicas entre poblaciones. Existen diferentes métodos para su detección, entre ellos la estimación de un logaritmo de verosimilitud compuesta (CLL, “*composite log likelihood*”) para las frecuencias alélicas observadas en “ventanas” de loci adyacentes. Para determinar la significancia del CLL obtenido en cada una, se realiza una prueba de permutación basada en 50.000 permutaciones. El objetivo de este trabajo fue implementar y validar esta metodología en un entorno de programación en R. Se realizó la búsqueda de huellas de selección asociadas a genes conocidos de color de capa en los cromosomas bovinos 5 y 18: PMEL17 (localizado entre 57.669.835 y 57.677.941 pb) y MC1R (localizado entre los 13.776.489 y 13.778.486 pb) respectivamente. Se utilizaron datos provenientes del proyecto HapMap Bovino. El valor de CLL para cada ventana se estimó en base a la probabilidad, nivel de significancia observado, obtenida en la prueba exacta de Fisher para la diferencia entre frecuencias alélicas de las subpoblaciones seleccionadas en cada caso. En la región adyacente a ambos genes evaluados se observaron los mayores valores de CLL. De esta manera puede inferirse que la aproximación propuesta puede usarse exitosamente en la identificación de huellas de selección.

## GMA 10

## DETECCIÓN DE DELECCIONES CAUSANTES DE ENFERMEDADES GENÉTICAS EN BOVINOS MEDIANTE ARREGLOS DE SNPS

Rogberg Muñoz A.<sup>1,2</sup>, A.H. Falomir Lockhart<sup>1</sup>, E.E. Villegas Castagnaso<sup>1</sup>, L.H. Olivera<sup>1</sup>, S. Munilla Leguizamón<sup>2</sup>, J.P. Lirón<sup>1</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEVET - Instituto de Genética Veterinaria (UNLP-CONICET LA PLATA), Facultad de Cs. Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina. <sup>2</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina.  
E-mail: arogberg@fev.unlp.edu.ar

En bovinos se han reportado más de 450 enfermedades de origen genéticos, entre ellas las delecciones que involucran varios Kb son de las causas más comunes, siendo la Aracnodactilia Contractural (CA) una de las más frecuentemente encontradas en bovinos. En los últimos años ha aumentado el interés por la detección y control de estas enfermedades. En el presente estudio se evaluó la utilidad de los chips de SNPs en la detección de delecciones de varias Kb. Mediante la tecnología Axiom se tipificaron 45 bovinos de la raza Angus que incluía animales sanos, portadores y enfermos para CA. Se seleccionaron los genotipos de 87 SNPs localizados en una región cromosómica de 360 Kb (BTA21) de la cual se conocía la existencia de una delección de 58 Kb asociada a CA. Se estimaron los valores de *callrate* (promedio=99,90; mín.=97,80; máx.=100), heterocigosidad (promedio=0,24; mín.=0; máx.=0,5), distribución de los genotipos homocigotas y heterocigotas (frecuencia del alelo menor promedio=0,18; mín.=0; máx.=0,5). El análisis de LD permitió identificar 10 bloques de ligamiento con un tamaño promedio de 28,164 Kb (mín.=2,178; máx.=85,865 Kb), siendo la distancia promedio entre marcadores de 4,205 Kb. Sobre la base de dicha información se pudo descartar la presencia de homocigotas deleccionados y la mayoría de los animales portadores. Los resultados permiten concluir que la estrategia utilizada permitiría la detección de las principales delecciones presentes en bovinos, y se podría utilizar como método de *screening* para detectar nuevas delecciones causales de un fenotipo patológico.

## GMA 11

**INTERACCIONES GENOTIPO-MANEJO DE LA ALIMENTACIÓN SOBRE CARACTERES DE INTERÉS PRODUCTIVO EN POLLOS CAMPEROS**

Dottavio A.M.<sup>1,2</sup>, Z.E. Canet<sup>1,3</sup>, B.M. Romera<sup>1</sup>, R.J. Di Masso<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNR.  
<sup>2</sup>CIC-UNR. <sup>3</sup>EEA INTA Pergamino.  
E-mail: anadottavio@hotmail.com

Los cambios en el comportamiento de los genotipos evaluados en ambientes diferentes (interacción genotipo-ambiente) se deben a variaciones relativas en las contribuciones individuales o niveles de expresión de los genes involucrados en la determinación de un carácter. El pollo campero es un ave de carne de crecimiento lento destinada a sistemas semi-intensivos. Se evaluaron machos de dos grupos genéticos [Campero Casilda (CC- cruzamiento experimental de tres vías entre la sintética paterna AH' y gallinas producto del cruzamiento entre las sintéticas ES y A) y Campero INTA (CI- cruzamiento entre machos de la sintética AS y hembras de la sintética E)] bajo dos manejos de la alimentación [tradicional (MT) tres alimentos: iniciador, crecimiento y terminador) y alternativo (MA) dos alimentos: iniciador y terminador y reemplazo del alimento crecimiento por una mezcla de los otros dos]. El efecto de la interacción genotipo-ambiente sobre las variables respuesta (estimadores de los parámetros de la curva de crecimiento, uniformidad en peso corporal, conversión alimenticia, conformación corporal y caracteres a la faena) se evaluó con un análisis de la variancia correspondiente a un experimento factorial 2x2. Se constataron interacciones significativas ( $P < 0,05$ ) sobre la uniformidad (mayor en CI y con MA) y sobre algunas medidas lineales de conformación corporal pero no sobre los principales caracteres de interés productivo (el peso asintótico, la tasa de maduración para peso corporal, la eficiencia, las proporciones de pechuga, pata-muslo y grasa abdominal y el rendimiento).

## GMA 12

**TENDENCIAS GENÉTICAS PARA CRECIMIENTO EN OVINOS DE LA RAZA TEXEL**

Giovannini N.<sup>1</sup>, E. Colatto<sup>2</sup>, A.M. Pardo<sup>2</sup>, J. Papaleo Mazzucco<sup>2</sup>, L.M. Melucci<sup>2</sup>, J.P. Mueller<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Bariloche. <sup>2</sup>Unidad Integrada Balcarce, Fac. Cs. Agrarias, UNMDP- INTA EEA Balcarce.  
E-mail: melucci.lilia@inta.gob.ar

El núcleo Texel de INTA EEA Balcarce participa desde 2009 de la Evaluación Genética Poblacional de esta raza utilizando Pro-Ovino Avanzado. Como parte de esa valoración los animales fueron clasificados anualmente en base a su mérito genético, expresado en valores de cría (VC), para cuatro características de interés: Peso corporal al nacimiento, a los 50, 100 y 240 días de edad (PCN, PC50, PC100 y PC240, respectivamente). Los machos con mejor desempeño productivo y pureza racial fueron seleccionados como carneros de reemplazo del plantel. Cada año se reemplazó aproximadamente el 50 % de los mismos. Con el objetivo de analizar los cambios genéticos en la majada entre 2009 y 2014, se estimaron los diferenciales de selección para los caracteres evaluados como la diferencia entre los promedios de los VC de los reproductores seleccionados y del grupo de contemporáneos. Además, se calcularon las tendencias genéticas mediante la regresión lineal del mérito genético de cada animal en el año de nacimiento. En todos los caracteres, los diferenciales de selección resultaron positivos. Las tendencias genéticas resultaron:  $0,02 \pm 0,00$ ;  $0,10 \pm 0,01$ ;  $0,13 \pm 0,02$  y  $0,15 \pm 0,03$  kg/año ( $P < 0,01$ ) para PCN, PC50, PC100 y PC240, respectivamente. Salvo para PCN que tiende a permanecer estable, los resultados indican un progreso genético positivo en las características evaluadas. Mantener el PCN es deseable para minimizar la posible ocurrencia de partos distócicos. Por otro lado, el incremento en los pesos corporales permite obtener animales de mayor desarrollo corporal a las edades tempranas.

## GMA 13

### IDENTIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN A/G EN EL EXÓN/INTRÓN 37 DEL GEN LRP4 ASOCIADA A SINDACTILIA EN UN TERNERO ABERDEEN ANGUS EN URUGUAY (PRIMER REPORTE)

Romero Velázquez A.<sup>1</sup>, A. Romero Benavente<sup>2</sup>, M. Montenegro<sup>1</sup>, R. Artigas<sup>1</sup>, C. Briano<sup>2</sup>, F. Dutra<sup>2</sup>, M.V. Arruga<sup>3</sup>, S. Llambi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Área Genética-FVET-UdelaR-Uruguay. <sup>2</sup>DILAVE-MGAP-Treinta y Tres-Uruguay. <sup>3</sup>Laboratorio Citogenética y Genética Molecular-FVET-UNIZAR-España.  
E-mail: silvia.llambi@gmail.com

La sindactilia o “pie de mula” en bovinos es una patología hereditaria autosómica recesiva con penetrancia incompleta y expresividad variable (OMIA-000963-9913). Ha sido identificada en varias razas bovinas. En los últimos años se han encontrado asociadas a esta patología distintos tipos de mutaciones en intrones y exones en el gen LRP4. En este trabajo se realiza el análisis molecular de ADN a un ternero Aberdeen Angus con sindactilia en los 4 miembros en rodeo de 400 vacas en Cerro Largo, Uruguay. Se extrajo ADN a partir de sangre extraída en tubos con EDTA y utilizando el kit ZR Genomic DNA. Se realizó la amplificación por PCR de la región del gen LRP4 Ex-In 37 utilizando un programa convencional de 35 ciclos y 57° C de hibridización. El amplicón obtenido (500 pb) se secuenció (ambas cadenas) en Servicio de Secuenciación de la UNIZAR. Se analizó la información obtenida con la base de datos assembly Btau\_4.6.1, mediante la herramienta Blast (*Basic Local Alignment Search Tool*) y la herramienta *ClustalIW multiple alignment* del *software BioEdit sequence alignment editor* disponibles *on line*. En la región secuenciada se identificó la mutación puntual de cambio de base A/G en forma homocigota (A/A, región Ex-In 37 AGAGATG). Dicha mutación se corresponde con la reportada en la literatura para esta raza. En nuestro país es la primera vez que se describe en Aberdeen Angus por lo que se recomienda realizar un estudio en los progenitores de este rodeo para evitar la propagación de dicha patología a través de reproductores portadores de la misma.

## GMA 14

### MATERIA FECAL CANINA COMO EVIDENCIA EN LA RESOLUCIÓN DE UN CASO DE HOMICIDIO

Barrientos L.S.<sup>1</sup>, J.A. Crespi<sup>1</sup>, A. Fameli<sup>2</sup>, D.M. Posik<sup>1</sup>, P. Peral García<sup>3</sup>, G. Giovambattista<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata-CONICET-Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. <sup>2</sup>Grupo de Genética y Ecología en Conservación y Biodiversidad (GECOB) del Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”. <sup>3</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICBA), La Plata, Argentina.  
E-mail: lbarrientos@fev.unlp.edu.ar

La determinación del perfil genético de materiales biológicos de animales domésticos ha sido utilizada para conectar a las víctimas o a los delincuentes con la escena del crimen. Se recibieron dos muestras de materia fecal canina, una obtenida de la casa de las víctimas de homicidio (referencia) y otra de las zapatillas del sospechoso (evidencia). Con el objetivo de conectar al sospechoso con la escena del crimen se extrajo ADN utilizando dos métodos comerciales. Los ADNs se tipificaron con un panel de 15 STRs, sin obtener resultados positivos. Posteriormente, se amplificaron dos secuencias pertenecientes a D-loop del ADN mitocondrial, una de 800 pb y otra de 145 pb. Debido al alto grado de degradación del ADN sólo se pudo obtener secuencias del fragmento más corto. La comparación de los resultados obtenidos a partir de las muestras (evidencia y referencia) con las secuencias reportadas confirmó que ambas pertenecían al haplotipo 5 de la especie *Canis familiaris*. Las frecuencias de los haplotipos del D-loop canino se determinaron utilizando el *software* Phyloclass, considerando las razas más frecuentes en la región. El poder de exclusión del sistema se calculó como uno menos la sumatoria de las frecuencias haplotípicas al cuadrado. Dicho cálculo evidenció un valor de 0,604, siendo la probabilidad que dos individuos tomados al azar tengan el haplotipo 5 en la población analizada de 0,00015. Los resultados obtenidos evidencian la utilidad de las muestras de animales domésticos, como la materia fecal, para la resolución de casos judiciales humanos.

## GMA 15

**ESTUDIO DE LA CONSANGUINIDAD EN LA POBLACIÓN HOLANDO ARGENTINO**

Rubio N.E.<sup>1</sup>, D.E. Casanova<sup>1</sup>, E.M. Rodríguez<sup>1</sup>, I. Aguilar<sup>2</sup>, C.I. Andere<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>INIA, Uruguay.  
E-mail: rubionat@vet.unicen.edu.ar

Los objetivos fueron estimar el coeficiente de consanguinidad (F) de la población bovinos de leche Holando Argentino con registro genealógico y analizar el comportamiento genético de los animales para características de producción. La población comprendió 422.563 animales con ancestros conocidos, argentinos y nacidos entre 1990 y 2009 con habilidad de transmisión predicha (HTP) para Kg de leche, Kg de grasa y Kg de proteína del Control Lechero Oficial de la Asociación Criadores de Holando Argentino. Los F se obtuvieron utilizando un algoritmo recursivo modificado. Se estimaron regresiones polinómicas de segundo grado para los HTP de producción, como una función del F de los machos y hembras, con ancestros conocidos, argentinos y nacidos entre 2000 y 2009. La F promedio para los 422.563 animales fue de 3,37 %. La tendencia del F para la población fue de 0,134 %/año (IC 95 %: 0,124-0,143 %). La F promedio para las 22.174 hembras de Registro de Pedigrí (P) fue de 4 %; 3,3 % para las 394.239 hembras del Registro de Crías (RC) y 3,9 % para los 6.150 machos. A partir de las regresiones cuadráticas ajustadas se estimó la HTP máxima para cada variable. En la curva correspondiente para Kg de leche en machos, el máximo HTP fue 95,9 para una F de 9,1 % y en hembras fue 89,9 para F de 13,4 %. Los valores de F de machos y hembras P son superiores al de hembras RC. La F promedio para las hembras de la población (3,37 %) es menor a la observada en poblaciones Holstein de otros países. Sin embargo, se sugiere considerar estrategias para controlar su incremento.