

GMA 1

DIFERENCIAS EN LA RESPUESTA A *Trichinella spiralis* (TS) EN LAS FASES AGUDA Y CRÓNICA DE LA REINFECCIÓN EN DOS LÍNEAS DE RATONES SUSCEPTIBLES

Salvay I.C.¹, P.A. Indelman², A.V. Codina¹, R.J. Di Masso^{1,3}, M.D. Vasconi^{1,2}, L.I. Hinrichsen^{1,3}. ¹Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario. ²Área Parasitología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario. ³CIC - Universidad Nacional de Rosario, Argentina.
Email: lhinrich@unr.edu.ar

Las líneas de ratones CBi+ y CBi/C, clasificadas como susceptibles en la primoinfección con *Ts*, difieren en su respuesta al desafío con dosis crecientes de *Ts* ($P < 0,0001$), presentando CBi+, de mayor susceptibilidad, más cantidad de larvas musculares enquistadas. El efecto del genotipo del hospedero en la reinfección se estudió en machos y hembras adultos. Los ratones se infectaron por vía oral, con dos larvas L1 de *Ts* por g de peso corporal y se reinfectaron con igual dosis a los 33 días post-infección. A los 3, 6 y 13 días post-reinfección (p-ri) (fase intestinal) se determinó el número de parásitos adultos (nPA) y la fecundidad de la hembra *Ts* (Fh). A los 30 días p-ri (fase muscular) se estimó la carga parasitaria (CP) y se calculó el índice de capacidad reproductiva de *Ts*, $ICR = CP / \text{dosis infectiva}$. No se observaron efectos atribuibles al sexo en ninguna de las variables. nPA disminuyó significativamente a partir de los 6 días p-ri en ambos genotipos ($P < 0,001$). Los machos y hembras CBi+ presentaron en esa fecha mayor número de adultos, siendo la diferencia significativa en hembras ($P = 0,044$). Fh no mostró diferencias entre genotipos ($P > 0,05$). CP e ICR fueron superiores en CBi+, siendo significativa la diferencia en machos ($P < 0,0025$). La respuesta en la fase enteral sería, en parte, responsable de la mayor CP de CBi+, ya que a los 6 días p-ri este genotipo presenta más parásitos intestinales y, aún en ausencia de diferencias en Fh, el mayor número de hembras adultas originaría más cantidad de larvas recién nacidas capaces de enquistarse en el músculo y producir CP elevadas.

GMA 2

DETECCIÓN DE UN NUEVO SUB-HAPLOTIPO MITOCONDRIAL DE *Varroa destructor* EN COLMENAS DE *Apis mellifera* DE ARGENTINA

Muntaabski I.^{1,2}, S.B. Lanzavecchia¹, M.A. Palacio³, M.R. Russo¹, J. Merke⁴, G. Rodríguez⁵, J.L. Cladera¹, A.C. Scannapieco^{1,2}. ¹IGEAF, INTA. ²CONICET. ³UI UNMdP-INTA. ⁴EAA INTA Rafaela. ⁵EAA INTA H. Ascasubi, Argentina.
Email: scannapieco.a@inta.gob.ar

El ácaro *Varroa destructor* es uno de los patógenos más importante de las abejas melíferas. Afecta su estado nutricional e inmunológico y la fortaleza de la colmena. Mediante el análisis del gen *citocromo oxidasa I* del ADN mitocondrial se han descrito dos haplotipos del ácaro (K y J). Previamente, con dicho marcador, se detectó la presencia del haplotipo K y un bajo nivel de polimorfismo en poblaciones del centro y sur de Argentina. El objetivo de este trabajo fue caracterizar las poblaciones de *V. destructor* asociadas a colmenas de *A. mellifera* procedentes de clima subtropical y templado de Argentina, mediante el análisis de secuencia del gen *NADH 4L deshidrogenasa*. Se estudiaron muestras de ácaros de Buenos Aires, Santa Fe, Chaco, Formosa y Tucumán. Los resultados indican que las secuencias nucleotídicas analizadas corresponden al haplotipo K y muestran alta similitud con las ya publicadas, tanto de origen europeo como norteamericano. Además, las secuencias de poblaciones de clima subtropical, evidencian un cambio nucleotídico no descrito previamente. Si bien los resultados obtenidos muestran una baja variabilidad genética para las poblaciones del ácaro, el marcador usado ha permitido detectar con éxito un nuevo sub-haplotipo, que sería exclusivo de las poblaciones argentinas de clima subtropical. Nuevos estudios, incluyendo el comportamiento de estas variantes genéticas en las colmenas, nos brindarán herramientas para continuar profundizando el análisis de la genética asociada a características fenotípicas de interés para el sector apícola.

GMA 3

CARACTERIZACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES *PPARG*, *CEBPA*, *LIPE*, *RXRA* Y *FABP4* ASOCIADOS A METABOLISMO LIPÍDICO EN RAZAS DE GANADO BOVINO

Goszczynski D.E. IGEVET – Instituto de Genética Veterinaria “Ing. Fernando Noel Dulout” (UNLP-CONICET LA PLATA), Facultad de Ciencias Veterinarias UNLP, La Plata, Argentina. Email: dango147@gmail.com

La calidad de la carne está determinada por cualidades como el marmoleo, la terneza y la composición, entre otras. Estas cualidades están reguladas a distintos niveles, y uno de ellos es la genética. Hoy en día se conoce buena parte de las vías metabólicas que regulan estas características, y se han propuesto varios “genes candidatos”. Los genes *PPARG*, *CEBPA*, *FABP4*, *LIPE* y *RXRA* son parte de las vías de diferenciación adipocítica y del metabolismo lipídico. El objetivo de este proyecto fue caracterizar su variabilidad genética en razas bovinas con diferente calidad carnicera. Los datos se obtuvieron por medio de técnicas moleculares (PCR, re-secuenciación) aplicadas a muestras de ADN de animales pertenecientes a diferentes razas criadas alrededor del mundo. Algunos de los polimorfismos detectados, y otros disponibles en las bases de datos públicas, fueron seleccionados para realizar estudios de validación a nivel poblacional y análisis estadísticos de asociación a caracteres de calidad carnicera en una población de ganado local. Los resultados fueron diversos: *PPARG* y *CEBPA* presentaron una variabilidad moderada, y *FABP4* y *LIPE* una variabilidad alta. Algunos de los polimorfismos sugieren una asociación con la composición lipídica de la carne y otros caracteres de engrasamiento. Las posibles explicaciones biológicas para estas asociaciones fueron analizadas con herramientas bioinformáticas, y se observaron efectos sobre los sitios de unión de factores de transcripción y proteínas de unión a ARN, y sobre la estabilidad de los transcriptos. El conocimiento de la variabilidad existente en estos genes es de importancia para complementar los métodos de selección genética tradicionales.

GMA 4

GENETIC PREDICTION IN BOVINE MEAT PRODUCTION: IS WORTH INTEGRATING BAYESIAN AND MACHINE LEARNING APPROACHES? A COMPREHENSIVE ANALYSIS

Fariello M.I.^{1,2,3}, E. Armstrong⁴, A. Fernández². ¹IMERL, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República. ²IIE, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República. ³Institut Pasteur Montevideo. ⁴Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. Email: fariello@fing.edu.uy

Molecular genetics has changed dramatically animal production research. Genome sequencing has facilitated the identification of SNPs that can be used as genetic markers in animal breeding. Such avalanche of information has increased the complexity of the analysis and classical statistical methods may not be enough. Comparisons between genomic prediction methods have been done repeatedly through the literature. Although the selected methods have inherent differences in the underlying assumptions, they show similar performances, but re-ranking of methods was observed depending on the analyzed phenotype using the same genotype. Although several works compared different approaches for genomic prediction, they use performance measures as prediction errors that are global statistical averages, which can hide the differences and complementarities between methods. These differences are what can make it worth a combination of methods. In pattern recognition, it is known that is worth to combine, when individual methods have similar performance but different behavior in different individuals. In this paper we study the behavior of a set of known approaches for genomic prediction of carcass weight in Aberdeen Angus cattle. We propose a method to choose a subset of predictors, once their performances are computed. The proposed analysis aims to provide knowledge of the specific problematic, but also give elements for a greater understanding of the similarities and differences between approaches and to know in advance if it is worthy to use an ensemble of methods.

GMA 5

CONFIRMACIÓN DEL ROL DE POLIMORFISMOS DEL GEN TIROGLOBULINA SOBRE LA PRECOCIDAD SEXUAL EN TOROS

Fernández M.E.¹, A.M. Loaiza Echeverri², M. Drummond², M.R.J.M. Henry², D.C. Cardoso², D.A. Andrade de Oliveira², G. Giovambattista¹, J.P. Liron¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT-La Plata CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina. ²Escuela de Veterinaria, Universidad Federal de Minas Gerais, Brasil.
Email: mefernandez@igevet.gob.ar

En bovinos, la pubertad es uno de los objetivos de los programas de mejoramiento animal por lo que la búsqueda de marcadores asociados a este carácter podría ser de utilidad en el desarrollo de estrategias de selección de toros sexualmente precoces. Guzerat es una de las razas cebuinas criadas en Brasil para producción de carne y como raza índica, poseen un desarrollo sexual tardío en comparación con las razas europeas. El objetivo del trabajo fue validar la asociación previamente reportada entre SNPs del gen tiroglobulina y la edad de pubertad en toros Angus, utilizando animales Guzerat. Se genotipificaron 4 SNPs en 159 toros Guzerat mediante la tecnología Sequenom. Uno de los SNPs (rs378215592) fue eliminado por presentar un *call rate* < 80 %, mientras que los restantes (rs110406764, rs109662686 y rs109057985) se encontraron ligados. Se detectaron 3 haplotipos (AGG, GGG y GAT) y 3 genotipos más frecuentes (AGG/AGG, AGG/GAT y GAT/GGG). Se observó una asociación significativa ($P=0,0039$) entre los haplotipos y la edad de pubertad estimada mediante medidas de motilidad espermática. La edad de pubertad para el genotipo AGG/GAT ($595,48 \pm 27$ días) fue menor que en los homocigotas AGG/AGG ($691,89 \pm 16$; $P=0,0027$), mientras que para GAT/GGG fue de $679,87 \pm 82$ días. Al comparar estos resultados con los obtenidos en Angus, se puede concluir que GAT es el alelo favorable para edad de pubertad. Además de confirmar los resultados previos, se refuerza la hipótesis de la importancia de las hormonas tiroideas en el desarrollo sexual y el arribo a la pubertad en bovinos.

GMA 6

IDENTIFICACIÓN DE GENES Y VÍAS METABÓLICAS RELACIONADOS CON EL SCORE DE CÉLULAS SOMÁTICAS EN VACAS LECHERAS

Nani J.P.¹, M.S. Raschia², L.F. Calvino¹, M.A. Poli², A.F. Amadio³. ¹INTA EEA Rafaela, Argentina. ²IGEAF, CICVyA, INTA, Argentina. ³CONICET, Argentina.
Email: nani.juan@inta.gob.ar

La mastitis bovina es una enfermedad frecuente de los rodeos lecheros y produce importantes pérdidas económicas. La identificación de animales resistentes es una alternativa al control de mastitis. Los estudios de asociación de genoma completo (GWAS) se centran en identificar marcadores genéticos asociados con una característica. Sin embargo, en caracteres poligénicos, cada marcador explica sólo una parte de la variabilidad genética. Nuestro objetivo fue identificar genes localizados en las regiones asociadas ($p < 0,05$) con tres variables calculadas a partir del *score* de células somáticas por lactancia (la media aritmética AM, el valor máximo MAX y el promedio de los tres valores más altos TOP3) a partir de los resultados de un GWAS, realizado previamente con el fin de identificar vías metabólicas representadas que aporten información sobre los mecanismos involucrados en la resistencia a mastitis. Los datos consistieron en controles lecheros de 544 vacas Holstein y HolsteinxJersey de tambos de la provincia de Santa Fe, Argentina, y genotipos de 30.104 SNPs en cada animal. Utilizando bases de datos en MySQL se tomaron las regiones flanqueantes (± 20 kb) a cada SNP y se identificaron los genes en cada región. Se recuperaron 16.848 transcritos y 12.191 genes con nombres oficiales de los cuales 2.773 están significativamente asociados con alguna de las características. Se identificaron 1.370, 1.025 y 1.265 genes asociados con AM, MAX y TOP3, respectivamente. Estas listas de genes permitieron evaluar cuáles son las vías metabólicas sobrerrepresentadas para cada característica.

GMA 7

DETECTION OF SELECTION SIGNATURES FOR GASTROINTESTINAL HELMINTHS RESISTANCE IN MERINO AND CORRIEDALE SHEEP

Frioni N.^{1,2}, M.I. Fariello^{1,3}, T. Fernández-Calero¹, N. Grasso⁴, G. Ciappesoni⁴. ¹Unidad de Bioinformática, Institut Pasteur de Montevideo. ²Facultad de Agronomía, Universidad de la República. ³Facultad de Ingeniería, Universidad de la República. ⁴Las Brujas, Insituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay.
Email: nfrioni@pasteur.edu.uy

Sheep flocks in Uruguay experience production and reproduction losses due to gastrointestinal parasites (GIP). Genetic selection to enhance the natural resistance require phenotypic records of fecal worm egg count (FEC), though its records are difficult to measure. An alternative is to select parents through genetic markers. This study aimed to identify potential genome regions accounting for frequency differences of haplotypes, associated with GIP resistance. We analyzed contrasting individuals for GIP (resistant or susceptible), 98 Merino (Mer) a fine wool breed, 90 Corriedale (Cor) a dual purpose breed which has been bred selectively for resistance/susceptible to GIP since 1998, 10 sires of each, and 10 Creole (Cr) a breed with no selection. Cor were chosen to have contrasting individuals, resistant or susceptible. The analysis was performed using de hapFLK statistic. Significant regions were obtained, distributed in chromosomes 6, 7, 8 and 14. Within the detected regions, we found the genes MMP2 (chr:14) and TICAM2 (chr:7) which are related to the immune response. Being involved in pathways related to NF-kappa B signaling, Toll-like receptor signaling, Leukocyte transendothelial migration, Cytokine-cytokine receptor interaction, etc. In the regions of chromosomes 6 and 8 we did not find any gene related with immune response, but the selected genes in these regions could be related to other selected traits of agronomical interest, as wool quality or weight gain. Further research has to be done in order to validate MMP2 and TICAM2 as responsible for low GIP.

GMA 8

GENETIC PARAMETERS OF DAYS OPEN, MILK, FAT AND PROTEIN YIELD OF URUGUAYAN HOLSTEIN ON PASTURE SYSTEMS

Frioni N.¹, J.I. Urioste¹, I. Aguilar², G. Rovere¹. ¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República. ²Las Brujas, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay.
Email: nfrioni@fagro.edu.uy

Failures in reproductive performance represent the first culling factor in many dairy systems. The main cause is the antagonistic genetic correlation with production. Given this, many countries have added reproduction traits into selection indexes with successful results. In Uruguay, the inclusion of a reproduction trait with a significant economic value in a breeding objective and corresponding selection index requires the estimation of additive genetic correlations with other traits. The aims of this study were to estimate heritabilities and additive genetic correlations between days open (DO), milk yield (MY), fat yield (FY) and protein yield (PY). The database used contained information of 634, 161 and 127 thousand observations of 1st, 2nd and 3rd lactation, respectively. We run a tetra-variated repeatability model with fixed (herd-year-season and lactation-age) and random (animal and permanent) effects. The software Gibbs2f90 was run as a single chain of 200,000 samples, discarding the first 100,000 samples with a sampling interval of 10. Convergence diagnostic and statistical analysis was done with CODA package of the R language/environment. Heritabilities found were 0.05, 0.23, 0.21 and 0.21 for DO, MY, FY and PY, respectively. Additive genetic correlations between DO and production traits were between 0.44 and 0.55. The values obtained were consistent with the literature revised, confirming an unfavorable association between production and reproduction. Thus, both fertility and yield traits should be considered in genetic selection programs.

GMA 9

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE OVINOS CRIOLLOS COLOMBIANOS USANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Ocampo R.J.¹, J.F. Martínez¹, R.A. Martínez¹. ¹CORPOICA, Colombia.

Email: ricardo.ocampo23@gmail.com

Los estudios de diversidad genética en los animales domésticos tienen por objeto evaluar la variabilidad genética dentro y entre las razas, principalmente con fines de conservación. Sin embargo, debido al cruce indiscriminado con razas foráneas y a la falta de control en la reproducción las poblaciones de ovinos criollos en Colombia han aumentado los niveles de consanguinidad, y por ende la pérdida de la productividad, lo que supone un riesgo para la conservación de los recursos genéticos colombianos. El objetivo de este estudio fue determinar la diversidad genética en las tres razas ovinas criollas colombianas utilizando un panel de 10 marcadores microsatélites. Se visitaron 43 granjas localizadas en 11 departamentos del país en las cuales se tomaron muestras de sangre de 362 individuos, que fueron genotipadas y analizadas para el panel de marcadores. Un total de 134 alelos fueron encontrados (promedio de 13,4 alelos/locus), con un rango de heterocigocidad observada y esperada de 0,428 a 0,831 y 0,615 a 0,855 respectivamente, y un Contenido de Información Polimórfica (CIP) promedio de 0,742. El F_{is} promedio de las tres razas fue de 0,107, lo cual sugiere que las razas presentan niveles moderados de consanguinidad. Las ovejas colombianas presentaron un bajo grado de diferenciación genética ($F_{st} = 0,054$) y el análisis con el programa STRUCTURE mostró complejos patrones de mezcla en las razas estudiadas. En términos generales las ovejas colombianas presentaron una alta variabilidad genética lo cual es muy importante para futuros programas de conservación y mejoramiento genético.

GMA 10

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE EJEMPLARES DE BURRO (*Equus asinus*)

González S.^{1,2}, N. Mannise², Y. Leone^{1,2}, N. Bou², J. Frade³. ¹Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay. ²Departamento de Biodiversidad y Genética, IIBCE-MEC, Uruguay. ³Secretariado Uruguayo de la Lana.

Email: sugonzag@yahoo.com

En establecimientos agropecuarios del Uruguay se ha comenzado a emplear en forma experimental por el SUL ejemplares de burro (*Equus asinus*), con el propósito de cuidar los rebaños ovinos frente a predadores. El objetivo general de este estudio fue caracterizar genéticamente una muestra de burros empleando marcadores mitocondriales. Colectamos 43 muestras, entre las que se encontraba una que cumple con los requisitos del comportamiento que son reconocidos como adecuados para el cuidado del rebaño ovino. Cada ejemplar fue fotografiado e identificado con caravanas y colectamos un mechón de pelos con bulbo. En el laboratorio extrajimos y cuantificamos el ADN para posteriormente amplificarlo con marcadores mitocondriales. Analizamos un fragmento de la región *Dloop* mitocondrial empleando cebadores universales y determinamos tres haplotipos. Diseñamos un cebador especie-específico para amplificar un fragmento informativo de la variabilidad del gen *NADH5* mitocondrial y con el mismo determinamos dos haplotipos. La especie mostró un bajo nivel de polimorfismo con los marcadores empleados. El individuo con el comportamiento de cuidado de la majada mostró un haplotipo diferente al resto de los individuos con los dos marcadores empleados. Estos resultados sugieren la importancia de profundizar los estudios de genética del comportamiento que tienen escasos antecedentes en el Uruguay y la región.

GMA 11

FRECUENCIA DE LA MUTACIÓN HAL-1843 EN EL GEN RYR1 EN CERDOS DEL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Milani L.¹, M.A. Gutierrez¹, M. Baeza¹, P.P. Balzi¹, E. Pedrazzini¹.
¹Departamento de Ciencias Básicas y Experimentales,
 Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires, Argentina.
 Email: luismilani75@gmail.com

La mutación HAL-1843 en el gen *RYR1* predispone a contraer Síndrome de Estrés Porcino (SEP), enfermedad recesiva con desorden neuromuscular que disminuye la calidad de la carne. La mutación consiste en el cambio de C por T en la posición 1843 de la secuencia del ADNc del gen *RYR1*, sustituye Arg por Cys en la posición 615 de la proteína receptora de rianodina, canal liberador de calcio del retículo sarcoplásmico. Con el objeto de analizar la frecuencia del polimorfismo HAL-1843 en la población de cerdos de pequeños y medianos productores de la zona del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, se analizaron 90 muestras de bulbo piloso obtenidas de 12 padrillos, 40 madres, 13 juveniles machos y 25 juveniles hembras. Las muestras se lavaron con etanol, se incubaron con Proteínasa K, se extrajo ADN mediante fenol-cloroformo-isoamilalcohol, amplificándose por PCR. Se realizó digestión de fragmentos con enzima de restricción BsiHKAI y electroforesis en agarosa 2,5 %. Los patrones esperados son: NN 135 pb 524 pb; Nn 135 pb 166 pb 358 pb 524 pb; nn 135 pb 166 pb 358 pb. Los genotipos encontrados fueron 34 NN: 5 padrillos, 17 madres, 4 juveniles machos y 8 juveniles hembras; 56 Nn: 7 padrillos, 23 madres, 7 juveniles machos y 17 juveniles hembras; 2 nn: 2 juveniles machos. Se detectó 2,2 % de homocigotas recesivos y una heterocigosidad del 60 % correspondiendo el 33,3 % a reproductores. Los resultados obtenidos sirven de herramienta a los productores, permitiéndoles detectar la presencia de animales susceptibles a SEP y controlar la enfermedad mediante selección genética optimizando la producción.

GMA 12

ESTUDIO DE UNA VARIACIÓN ESTRUCTURAL EN EL CROMOSOMA 29 BOVINO QUE INVOLUCRA AL GEN DE μ -CALPAÍNA

Mancini P.¹, M.C. Baeza¹, L.A. Soria², P.M. Corva¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.
²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, Argentina.
 Email: corva.pablo@inta.gob.ar

El gen de μ -calpaína (CAPN1) ha sido profusamente investigado por su relación con el proceso de tiernización de la carne. La identificación de un RFLP anómalo involucrando a este gen en toros Brangus sugirió la existencia de una variación estructural (cambio en el número de copias, CNV). Posteriormente se controlaron 186 novillos Brangus y se identificó la misma condición en cuatro de ellos. Con el fin de evaluar posibles efectos de una potencial CNV sobre el nivel de expresión de CAPN1, se extrajo ARN total del músculo *Longissimus lumborum* de dos de los novillos portadores del patrón de RFLP anómalo y de cuatro novillos controles. Se sintetizó ADNc mediante transcripción inversa y se amplificó por PCR una región de 111 pb correspondiente a los exones 15 a 17 del gen. La concentración de ARNm fue estimada mediante PCR semicuantitativa. Para ello, se optimizó el número de ciclos de PCR para identificar la fase exponencial de amplificación de ambos genes. Para la normalización se utilizó el gen β -actina. Se realizó la electroforesis de ambos productos de PCR en geles de agarosa al 3%. La digitalización de las imágenes de los genes y la estimación de la concentración se realizaron con el programa ImageJ. No se detectaron diferencias significativas en el nivel de expresión de CAPN1 entre casos y controles. La caracterización de la variación estructural podría ser entonces de interés desde el punto genómico, pero no sería relevante en relación a un posible efecto sobre la calidad de la carne bovina.

GMA 13

PRIMEROS RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA COMPLETO DE OCHO MÚSCULOS DE INTERÉS COMERCIAL EN CORDEROS PESADOS

Peñagaricano F.¹, A. Iriarte², P. Nicolini³, J. de los Santos⁴, J. Ithurralde⁴, A. Bielli⁵, G. Bianchi⁵, E. Armstrong⁵. ¹University of Florida, EEUU. ²Instituto de Higiene, Uruguay. ³PDU, UdelaR-INIA, Uruguay. ⁴Facultad de Veterinaria, UdelaR. ⁵Facultad de Veterinaria, UdelaR, Uruguay.
Email: eileen.armstrong@gmail.com

La calidad de la carne incluye características muy complejas, las cuales están determinadas por una gran cantidad de genes cuyos productos interactúan entre sí y modulan su expresión de acuerdo al tipo de músculo. La transcriptómica es una nueva estrategia para desentrañar esta compleja red de interacciones y procesos bioquímicos. En este proyecto se secuenció el transcriptoma completo de ocho músculos de alto valor comercial en cinco corderos pesados utilizando la técnica del RNA-seq. Se logró detectar expresión génica diferencial entre los músculos, probablemente relacionada con las propiedades histoquímicas y de calidad de la carne estudiadas. Análisis más exhaustivos mostrarán cuáles son los principales genes implicados en estas diferencias y su posible relación biológica con las características físicas e histoquímicas de los diferentes músculos, con el objetivo de generar información útil para su aplicación en la industria de la carne.

GMA 14

IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL GEN GSTP1 BOVINO (CANDIDATO PARA EL COLOR DE CARNE) QUE DETERMINAN POSIBLES CAMBIOS ESTRUCTURALES EN LA PROTEÍNA

Falomir Lockhart A.H.¹, D.E. Goszczynski¹, E.E. Villegas Castagnasso¹, G. Giovambattista¹, A. Rogberg Muñoz¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.
Email: agusfalomir@gmail.com

La glutatión-S-transferasa P1 participa en la regulación del estado redox celular, que a su vez tiene consecuencias sobre el color de la carne. Con el fin de identificar posibles variantes estructurales de esta proteína se secuenció el gen GSTP1 en 13 bovinos de diferentes razas. Se identificaron las posiciones polimórficas y se construyeron los haplotipos con los SNPs exónicos (PHASE 2.1.1). Los 11 haplotipos obtenidos definieron siete posibles secuencias proteicas, que se utilizaron para el modelado de la estructura terciaria (servidor I-TASSER). La visualización y superposición de los modelos obtenidos destacó dos cambios aminoacídicos ubicados en la región donde ocurre la unión del glutatión. En la posición 15 de la secuencia proteica se identificó el cambio de cisteína (aminoácido polar, chico y sin carga) por triptofano (aminoácido aromático, muy voluminoso e hidrofóbico), mientras que en la posición 65 se detectó la variación de glutamina (aminoácido polar, grande y no cargado) por histidina (aminoácido de gran tamaño cargado positivamente). Estas variaciones generaron cambios en las estructuras modeladas que podrían alterar la afinidad por el glutatión, pudiendo derivar en cambios de actividad. Futuros ensayos *in vitro* servirían para confirmar esta hipótesis.

GMA 15

ASOCIACIÓN DE GENES CANDIDATOS CON CARACTERÍSTICAS DE CALIDAD DE CARNE BOVINA DE IMPORTANCIA ECONÓMICA

de Soto L.¹, S. Haakonsson², O. Feed³, J. Franco³, P. Grignola³, J. Rivero³, R. Pong Wong⁴, P. Wiener⁴, G. Bianchi¹, A. Postiglioni¹, E. Armstrong¹. ¹Facultad de Veterinaria, UdelaR, Uruguay. ²Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay. ³EEMAC Paysandú, Uruguay. ⁴Roslin Institute, Escocia.
Email: eileen.armstrong@gmail.com

Los marcadores moleculares son una herramienta muy útil para complementar métodos de selección tradicionales, por ser aplicables en características difíciles de medir y de baja heredabilidad. Se estudiaron 47 polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) ubicados en diferentes genes candidatos y su posible relación con la terneza, el porcentaje de grasa intramuscular, el color, la capacidad de retención de agua y el pH de la carne de 705 animales de raza Aberdeen Angus criados a pasto o con terminación en *feedlot*. Se detectaron asociaciones significativas entre los parámetros fenotípicos estudiados y varios SNPs en los genes SCD, CAPN1, CAST, PPARG4, IGF1 e IGF2, así como otros cercanos a la significación que ameritan estudios futuros. Los efectos son pequeños, dado que los caracteres fenotípicos analizados son altamente poligénicos; sin embargo, podrían utilizarse como base para estudios futuros de selección asistida por marcadores moleculares. Se reafirma la importancia de estudiar el efecto de ciertos genes en características de interés productivo, como lo son las de calidad de carne, en las condiciones ambientales de nuestro país para poder así validar su utilización.

GMA 16

EXPRESIÓN DEL GEN DE CALPASTATINA EN DOS MÚSCULOS DE NOVILLOS ANGUS

Motter M.M.¹, P.M. Corva², M.A. Baillares³, M.J. Huguet¹, G. Marrube¹, L.A. Soria¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina. ³Chacra Experimental Integrada Chascomus (CEICh) M.A.A. - INTA Chascomús, Argentina.
Email: lsoria@fvet.uba.ar

La actividad de la enzima Calpastatina es un factor muy influyente en el proceso de tiernización *postmortem* de la carne y por lo tanto en la determinación de su calidad. El objetivo de este trabajo fue cuantificar la expresión del gen CAST en dos músculos (infraespinoso y semitendinoso) de novillos Angus para evaluar su asociación con variables determinadas en un experimento anterior: magnitud del proceso de proteólisis *postmortem* (Índice de fragmentación miofibrilar, IFM), proporción de tipos de fibra muscular y actividad enzimática de Calpastatina (AEC). La cuantificación del ARNm total de CAST en 7 novillos se realizó en forma relativa (RQ) utilizando β -actina como gen de referencia en un *StepOne Real-Time PCR System*. El músculo infraespinoso posee una alta proporción de fibras tipo IA y IIA, con menor AEC y mayor IFM, en contraposición con el semitendinoso que posee mayor proporción de fibras IIX, mayor AEC y menor IFM. Se determinaron diferencias significativas ($p=0,013$) en la expresión de CAST en dichos músculos, siendo mayor en el semitendinoso ($1,72 \pm 0,6$) que en el infraespinoso ($1,04 \pm 0,13$). Un análisis de regresión lineal determinó la asociación positiva entre la expresión de CAST y el área relativa de fibras IIX ($p=0,017$) y negativa con el IFM ($p=0,004$), respectivamente. Estos resultados sugieren que existen diferencias en la expresión de CAST según tipo de músculo, lo que está relacionado con el proceso de fragmentación de las miofibrillas y por lo tanto, con la tiernización de la carne.

GMA 17

CARACTERIZACIÓN GÉNICA DEL GEN IGF-1 EN BOVINOS HOLANDO EN URUGUAY

Nicolini P.¹, M. Carriquiry², F. Peñagaricano², A. Meikle¹.

¹Laboratorio de Técnicas Nucleares, Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo, Uruguay. ²Departamento de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay.

Email: paula.nicolini@gmail.com

El gen *IGF-1* es candidato para la identificación de polimorfismos potencialmente asociados al desempeño productivo y reproductivo en bovinos. Se realizó la caracterización del gen *IGF-1* para un SNP (transición T/C) en la región promotora del gen en vacas Holando (n= 1311) de 7 tambos comerciales. El genotipado se realizó mediante PCR-HRM tiempo real y los resultados fueron analizados con el programa PopGene32 v1.31. Para todos los tambos el alelo A (TT) (0,54-0,66) y el genotipo AB (0,42-0,52) fueron más frecuentes en relación con el alelo B (CC) (0,34-0,46) y los genotipos AA (0,28-0,41) y BB (0,08-0,20), respectivamente. Se observó baja estructuración en la población global (FST global= 0,0054, P= 0,03), debida a diferencias en la distribución de las frecuencias alélicas entre los tambos T2 y T3 comparados entre sí (FST= 0,017, P= 0,0003) y con el resto de los tambos (considerados estos últimos como una sola muestra (T8); T2 vs. T8: FST= 0,004, P= 0,03; T3 vs. T8: FST= 0,005, P= 0,01). Esto es consistente con distancias genéticas levemente mayores observadas cuando se comparan los tambos T2 y T3 entre sí (dNei= 0,03, identidad 97%) y con el resto de los tambos (dNei= 0,01 e identidad 99 % para T2 vs. T8 y T3 vs. T8), respecto a las distancias observadas entre el resto de los tambos entre sí (dNei, rango 0-0,003, identidad rango 99,7 al 100%). Las frecuencias alélicas estuvieron en desequilibrio solo en el tambo T3 (P= 0,04), debido a un exceso de heterocigotas (Ho= 0,51>He= 0,45, FIS= -0,15).

GMA 18

DETECCIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL PROMOTOR DEL GEN *WDTC1* EN PORCINOS

Fassa V.B.¹, G.B. Pinto¹, M.M. Motter¹, L.A. Soria¹, A. Schor², M.R. Lloveras³, G. Marrube¹. ¹Área de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires. ²Cátedra de Bovinos de Carne, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

³I.N.T.A. E.E.A. Pergamino, Argentina.

Email: gmarrube@fvvet.uba.ar

La disminución del espesor de grasa dorsal y el contenido de tejido magro en el cerdo son dos importantes objetivos de selección en los planes de mejoramiento porcino. El gen *WDTC1* (*WD and tetra tricopeptide repeats 1*) tiene una función anti adipogénica ya que inhibe la actividad transcripcional de *PPAR γ* mediante la remodelación de la cromatina por HDAC3. Se han descrito, en dicho gen, varios posibles sitios de unión para factores de transcripción en la raza Meishan. El objetivo de este trabajo fue analizar la secuencia nucleotídica de la región promotora del gen *WDTC1* en cerdos de tres razas (Landrace, Yorkshire y Chetapuy) en Argentina con el propósito de identificar mutaciones que puedan tener efecto sobre la expresión del mismo. Se amplificaron y secuenciaron 1.377 pb (entre 78037075-78038452 de la secuencia NC_010448.3, Sscrofa 10.2). Se detectaron los SNPs: G/A (78037118) y A/T (78037139) en potencial sitio MEF2 en la raza Landrace, sustitución T/C (78037617) asociado a STAT en Landrace y Chetapuy, además en las tres razas se hallaron: In/Del A (78037612), el SNP T/C (78037617) asociado a *KLF-1* y la sustitución G/T (78037855) asociado a *NF-KB*. Estos resultados sugieren que existen polimorfismos que podrían modular la expresión de *WDTC1*, lo cual sería útil de evaluar mediante un estudio de asociación con características productivas de importancia económica en cerdos en Argentina.

GMA 19

SNPS EN REGIONES CANDIDATAS ASOCIADOS A CARACTERES PRODUCTIVOS EN BOVINOS HOLANDO Y CRUZAS HOLANDO X JERSEY

Raschia M.A.¹, D.O. Maizon², J.P. Nani³, A.F. Amadio^{3,4}, M.A. Poli¹. ¹IGEAF, CICVyA, INTA, Argentina. ²INTA, EEA Anguil, Argentina. ³INTA, EEA Rafaela, Argentina. ⁴CONICET.
Email: raschia.maria@inta.gob.ar

Los análisis de asociación sobre regiones candidatas se basan en estudios previos que sugieren su influencia en el desarrollo de un fenotipo dado. El objetivo del trabajo fue identificar asociaciones entre SNPs en regiones candidatas y caracteres productivos en bovinos Holando y Holando x Jersey a 305 días en su primera lactancia (producción de leche, PL; de grasa, PG; de proteína, PP; porcentaje de grasa, %G; de proteína, %P). Las PL, PG y PP se estimaron por el método de Fleischmann. Los %G y %P se infirieron a partir de las PG, PP y PL. El análisis de asociación se realizó con 10.182 SNPs para 804 (PL), 770 (PG y %G) y 769 (PP y %P) vacas de la cuenca lechera central argentina mediante las estrategias FASTA, GRAMMAS y EIGENSTRAT (GenABEL, R). Se utilizó el modelo $Y = \mu + \beta_g g + \beta_x x + e$, donde Y representa al carácter, β_g al efecto aditivo para cada SNP, g al vector de valores genotípicos, β_x al efecto de covariables (raza, año de nacimiento, tambo, estación y año de inicio de lactancia y edad al primer parto), x al vector de covariables y e al término del error. La matriz de parentesco se estimó a partir de genotipos en 43.313 SNPs. Doce SNPs se asociaron a PL, 13 a PG, 8 a PP, 10 a %G y 13 a %P ($5,10^{-5} < p_{corr} < 1,10^{-3}$), entre ellos, SNPs intragénicos en PIK3C2G, FBLN5 y DGAT1 (PL); DNAJC5B y PIK3C2G (PG); CDH6 y FBLN5 (PP); HIST1H2, EPHA6, ADIPOR2, RELN, PARVA y DGAT1 (%G) y ADIPOR2 (%P). Estos resultados coinciden con asociaciones reportadas previamente y también se reportan nuevas asociaciones que podrían explicar la variabilidad fenotípica observada.

GMA 20

PIGMENTACIÓN DE LOS PÁRPADOS EN HEREFORD Y SU RELACIÓN CON PATOLOGÍAS OCULARES

Tardiz L.¹, G. Rodons¹, E. Armstrong¹. ¹Facultad de Veterinaria, UdelaR, Uruguay.
Email: eileen.armstrong@gmail.com

El ganado Hereford es uno de los más utilizados en nuestro país para la producción de carne. La despigmentación de la región ocular lo hace susceptible a padecer ciertas patologías, como carcinoma oftálmico de células escamosas y queratoconjuntivitis infecciosa, las cuales generan grandes pérdidas productivas y económicas. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el grado de pigmentación ocular de animales Hereford, en tres rodeos comerciales del norte y sur del país, y detectar su posible relación con la ocurrencia de patologías oculares. Fotografías digitales de la región ocular derecha e izquierda fueron procesadas utilizando el programa de análisis de imágenes Image J para registrar en forma objetiva el grado de pigmentación de cada animal muestreado (N= 874). Se halló un nivel promedio de pigmentación ocular de 57%, estando la pigmentación de ambos ojos altamente correlacionada. Se observó una relación significativa e inversamente proporcional entre el grado de pigmentación y la ocurrencia de patologías oculares, así como entre la edad del animal y la presencia de lesiones. La selección de reproductores con alto grado de pigmentación parece ser la mejor estrategia de control para las patologías oculares.

GMA 21

ESTUDIO DEL EFECTO DE LA PROPORCIÓN DE GENOMA WAGYU SOBRE MEDICIONES ASOCIADAS A CALIDAD DE CARNE EN NOVILLOS CRUZA WAGYU X BRITÁNICO

Goyeneche Giupponi M.A.¹, A.H. Falomir Lockhart^{2,3}, M.H. Carinoa³, A. Espasandin⁴, A. Rogberg-Muñoz^{2,5}. ¹Unidad de Tecnología de los Alimentos, Facultad de Agronomía EEMAC, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay. ²IGEVET (CONICET La Plata - Fac. Cs. Veterinarias, UNLP), La Plata, Argentina. ³Facultad de Cs. Exactas, UNLP, La Plata, Argentina. ⁴Mejoramiento Genético Animal, Depto. Producción Animal y Pasturas, Fac. Agronomía EEMAC, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay. ⁵Departamento de Producción, Facultad de Agronomía, UBA, Buenos Aires, Argentina.
Email: arogberg@agro.uba.ar

La raza Wagyu es reconocida por la calidad de su carne pues posee una capacidad genética para una mayor deposición de grasa intramuscular rica en ácido oleico. Estos dos factores resultan en una elevada ternera, una mayor jugosidad y un sabor diferencial en la carne. Para evaluar el efecto de la proporción de sangre wagyu sobre la calidad de la carne se engordaron novillos con una proporción wagyu (por *pedigree*) que variaba entre 25% y 75%, durante 300 días. Los animales fueron faenados en condiciones comerciales con 24 a 30 meses de edad. Los animales tuvieron un peso de carcasa promedio de 413 kg (máx: 490 kg, min: 347 kg) con un *marbling* que varió entre 3 y 7 (AUSMEAT). Luego de 24 hs de maduración se extrajo el bloque entre la 9ª y 10ª costilla para realizar mediciones asociadas al color de la carne (L*, a*, b*, pH), al depósito de grasa (% de grasa instrumental, L*, a*, b*) y a la composición grasa (% saturados, % MUFA, % PUFA). Adicionalmente, se extrajo el ADN a partir de la carne para obtener la proporción genética estimada (%W) de cada animal, utilizando marcadores de tipo STR y el programa STRUCTURE. El efecto de la proporción wagyu se obtuvo para cada característica medida considerando un modelo lineal (GLM SAS 9.3), que incluyó un efecto fijo de fecha de faena, y consideró las covariables edad, %W y peso de faena ó pH (según correspondió). Los resultados demostraron una influencia de la proporción de genoma wagyu sobre varias de las mediciones realizadas, en particular a aquellas asociadas a la deposición y composición grasa.

GMA 22

ESTUDIO DE GENES RELACIONADOS A RESISTENCIA ANTIHELMÍNTICA EN DIFERENTES CEPAS DE *Fasciola hepatica*

Ballent M.¹, L. Mate¹, L. Ceballos¹, C. Lanusse¹, I. Alvarez¹.
¹Laboratorio de Farmacología, Centro de Investigación Veterinaria Tandil (CIVETAN-CONICET), FCV-UNCPBA, Argentina.
Email: lauramateo4@gmail.com

La Fasciolosis, causada por el trematode *Fasciola hepatica*, es causa de pérdidas considerables en producción ovina y bovina, así como un problema serio en salud pública en muchos países. Sólo unos pocos compuestos de la familia de los benzimidazoles (BZD) muestran actividad contra *F. hepatica*. Triclabendazole (TCBZ) presenta una excelente actividad contra las formas inmaduras y maduras de este parásito, mientras que Albendazole (ABZ) es activo sólo contra las formas inmaduras. El uso intensivo de TCBZ en áreas endémicas de fasciolosis llevó a la aparición de poblaciones resistentes a esta droga. El objetivo principal de este trabajo fue comparar los perfiles de expresión genética de β -tubulina y Glicoproteína-P (gp-P) en poblaciones de *F. hepatica* susceptibles o resistentes a TCBZ/ABZ. Para ello se sacrificaron ovinos parasitados y se colectaron parásitos adultos de aislamientos denominados Cedive (ABZ-R, TCBZ-S), Cajamarca (ABZ-R, TCBZ-R), y Fermín (TCBZ-R, ABZ-S). La cuantificación mediante PCR en tiempo real del isotipo 2 de β -tubulina y de gp-P, mostró diferencias significativas en los perfiles de expresión de estos genes en las distintas cepas estudiadas. Estos resultados preliminares confirman la necesidad de avanzar en el conocimiento genético de genes relacionados a la resistencia antihelmíntica, considerando el alto impacto de esta problemática en Medicina Veterinaria.

GMA 23

ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN UN CLUSTER ASOCIADO AL DESARROLLO EMBRIONARIO Y DE LA PLACENTA EN BOVINOS CRIOLLOS PORTADORES DE LA ROB (1;29)

Balemian N.¹, R. Artigas¹, A. Postiglioni¹. ¹Departamento Mejora Genética Animal, Área Genética Animal, Facultad de Veterinaria, UDELAR, Uruguay.
Email: narine.bal@gmail.com

Los bovinos Criollos Uruguayos (BCU) presentan gran variabilidad genética dada por la adaptación a diferentes ambientes y por ausencia de selección a la que están sometidas las razas comerciales. En el cromosoma 29 bovino (BTA29) encontramos un cluster con genes asociados al desarrollo embrionario y de la placenta. El mismo presenta sintenia con el cromosoma 11 de humanos y 7 de ratón. En este cluster se encuentra la secuencia correspondiente al ARN no codificante paterno KCNQ1OT1 y los genes de expresión materna CDKN1C, KCNQ1 y PHLDA2. El mismo está regulado por el centro regulador del imprinting (ICR) KvDMR1. Este cromosoma se encuentra involucrado en la translocación Robertsoniana 1;29 la cual produce subfertilidad en los portadores por la generación de gametos desbalanceados. Como consecuencia pueden interrumpirse dominios marcados (imprinted) generándose cambios en la región como metilaciones en el ADN y pérdida de regulación de la transcripción de genes marcados. Se analizan secuencias de los genes PHLDA2 y CDKN1C en individuos normales y portadores de la Rob(1;29) para detectar SNPs específicos de la población de BCU. Se realiza la extracción de sangre de 40 terneros y la amplificación de los fragmentos correspondientes a la región 3'UTR de los genes y del primer exón del gen PHLDA2. Estos se secuencian utilizando dos estrategias diferentes. Los estudios preliminares permiten diferenciar variantes alélicas descritas para el gen PHLDA2. Los hallazgos finales permitirán realizar diseños de expresión diferencial de estos genes asociados a mortalidad embrionaria temprana.

GMA 24

DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA CABRA DE LA CUENCA DEPRIMIDA DEL SALADO MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITE

Cattáneo A.C.¹, M.E. Caffaro², P. Peral García¹, M.A. Poli², A.G. Antonini¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UE-CONICET-UNLP). ²INTA, Instituto de Genética, CICVyA, INTA Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.
Email: cattaneo.ac@gmail.com

El objetivo del trabajo fue describir la diversidad genética en cabras de la Cuenca del Salado mediante 14 marcadores microsatélites (MS) utilizados en estudios de variabilidad genética en cabras criollas en Argentina. Se usaron 140 muestras de hembras adultas de 4 hatos (FCAYF, Uribelarrea, Arana y Lobos). Los ADNs se extrajeron de sangre por Extracción Orgánica, los fragmentos se amplificaron por PCR y separados por electroforesis capilar. Se calculó Heterocigosidad Observada (Ho) y Esperada (He), número medio de alelos (NMA), frecuencias alélicas, equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) e índices polimórficos (PIC) usando el programa Genepop. Todos los MS fueron polimórficos. Se detectaron 132 alelos, con valores por locus mínimo 5(ETH225) y máximo 15(SRCSR-1). El NMA total fue 9,42. El NMA en el hato FCAYF fue 6,71; en Arana 6,78; en Lobos 7,07; y en Uribelarrea 6,07. El hato con mayor variabilidad genética fue el de Lobos (13 MS con Ho>50 %), siendo el de menor variabilidad el de FCAYF (9 MS con Ho>50 %). Los loci más informativos fueron SRCSR01, SRCSR05 y SRCSR08 (PIC>0,70). Sólo ETH225 resultó medianamente informativo (PIC: 0,25-0,5) y ninguno poco informativo (PIC<0,25). Seis de los MS analizados se encontraron en equilibrio de HW. Siete con déficit de heterocigotas (Ho<He) y uno exceso de heterocigotas (Ho>He) (p<0,05). Los resultados sugieren que estos hatos presentan alta diversidad genética para los MS analizados, lo que es útil como punto de partida para realizar estudios de asociación con caracteres productivos, pudiendo utilizarse como herramienta en los procesos de selección.

GMA 25

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO REPRODUCTIVO DE DIFERENTES CRUZAMIENTOS EN UN ESTABLECIMIENTO LECHERO PASTORIL DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES, ARGENTINA

Boris F.G.¹, H.I. Henzenn¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral, Argentina.
Email: fboris@fcv.unl.edu.ar

La fertilidad es un carácter de baja heredabilidad (h^2), lo que significa que si generamos presión de selección sobre este atributo no tendremos mucho éxito en cuanto a progreso genético. En el 2002 el Dr. Les Hansen concluyó que el mejoramiento en la producción de leche a través de la continua selección genética, resultó en un efecto contraproducente en los índices reproductivos y para ello se debería enfatizar sobre diferentes prácticas de manejo, sugiriendo así el cruzamiento como una alternativa viable. Los caracteres de baja h^2 responden de manera más importante ante el vigor híbrido (VH) producto de cruzar dos razas diferentes. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el desempeño reproductivo luego de una estación de servicio en un establecimiento comercial en la cuenca Oeste de la Provincia de Buenos Aires. La base de datos evaluada correspondió a 2.083 vacas en producción, a los animales se los separó en 5 grupos según su composición de sangre, grupo 100% Holstein; 65% Holstein: 35% Jersey; 50% Holstein: 50% Jersey; 65% Jersey: 35% Holstein; y 100% Jersey. Los resultados obtenidos al final del período de servicio fueron 69%, 67%, 77%, 67% y 66% respectivamente. El grupo 5% Holstein: 50% Jersey tuvo 10 puntos porcentuales por encima de los demás grupos resultando estadísticamente significativo. Es un porcentaje de mejora que justifica que los establecimientos comiencen a trabajar en métodos de cruzamiento eficientes tratando de lograr el máximo VH.

GMA 26

IDENTIFYING GENOMIC REGIONS UNDER ONGOING SELECTION IN FARMED ATLANTIC SALMON

Lopez M.E.¹, T. Linderoth², R. Nielsen², L. Bassini¹, K. Correa^{1,7}, L. Benestan³, J.S. Moore³, C. Perrier³, L. Bernatchez³, A. Di Genova⁴, A. Maass⁴, A. Norris⁶, R. Neira⁵, J.M. Yanez^{1,7}. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ²Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley, USA. ³IBIS, Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes, Université Laval, Québec, Canada. ⁴Laboratory of Bioinformatics and Mathematics of the Genome, Center for Mathematical Modeling, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ⁵Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ⁶Marine Harvest, Kindrum, Fanad, C. Donegal, Ireland. ⁷Aquainnovo, Puerto Montt, Chile.
Email: me.lopez.dinamarca@gmail.com

In relatively few generations, intense artificial selection for growth in farmed strains of Atlantic salmon has resulted in large differences from their wild counterparts. The most economically important farmed strains cultivated in Chile derive from European origins and have been selected for growth and adapted to different locations in the south of Chile. We sought to identify candidate genes that may underlie adaptation to domestic conditions, in genomic regions showing signatures of natural and artificial selection. We evaluated four farmed populations of Atlantic salmon of European origin that were genotyped with a 200 K SNP array for evidence of selection. Genomic regions harboring signatures of selection were identified within populations using the haplotype homozygosity statistics nSL and iHS on ~146,000 high-quality SNPs. We considered putatively selected regions to be those with nSL values in the 99th percentile of the empirical distribution and iHS values with p-value < 0.001. On average, we found near 150 SNPs per population showing evidence for selection, Genomic regions harboring each selected locus were interrogated for genes annotated to the Atlantic salmon genome reference ICSAG_v2 (GenBank: GCA_000233375.4). The insights gained through this study will be useful for future research focused on traits that are economically important in Atlantic salmon.

GMA 27

DETECCIÓN DE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE EN EL GEN DE HORMONA DE CRECIMIENTO EN CONEJOS: ESTUDIOS DE ASOCIACIÓN CON CARACTERES PRODUCTIVOS

Cattáneo A.C.¹, M.S. Trigo¹, A.G. Antonini¹. ¹IGEVET (UE CONICET-UNLP), Instituto de Genética Veterinaria, Fac. de Ciencias Veterinarias, UNLP, Argentina.
Email: antonini@fcv.unlp.edu.ar

El objetivo de este estudio fue identificar variantes moleculares en un segmento de ADN del gen de Hormona de Crecimiento en conejos y detectar asociaciones con caracteres productivos. Se analizaron 52 muestras de sangre de conejos descendientes de 22 apareamientos de la Unidad Experimental del curso de Introducción a la Producción Animal, FCAYF, UNLP. Se realizó la extracción del ADN, se diseñaron los “primers” y la secuenciación de un segmento del exón 1 del gen de Hormona de Crecimiento en el Instituto de Genética Veterinaria, FCV, UNLP (IGEVET), y luego ADN e información para la secuenciación fueron enviadas a los laboratorios de MacroGen Inc. Estos resultados fueron analizados de a uno y en comparación. Tres variantes de tipo Polimorfismo de Nucleótido Simple (SNP) pudieron ser detectados en las muestras de la población para el segmento analizado. En dos de ellos fueron detectados dos alelos que conformaron dos genotipos diferentes y en una se detectaron dos alelos y tres genotipos. En todos los casos, las variantes moleculares estuvieron en equilibrio y dos de ellas presentaron asociación ($p < 0,001$). Los individuos portadores del alelo A para una de las variantes estudiadas tuvieron un peso significativamente superior al destete y a los 45 días de vida ($p < 0,05$). Estos resultados sugieren que existirían variantes a nivel molecular dentro del exón 1 del gen de Hormona de Crecimiento que podrían ser una herramienta a ser utilizada en procesos de selección de reproductores de conejos para carne.

GMA 28

DESARROLLO DE UN MÉTODO DE DIAGNÓSTICO DE LA MUTACIÓN NT230 [DEL4] DEL GEN CANINO ABCB1 BASADO EN PIROSECUENCIACIÓN

Crespi J.A.¹, L.S. Barrientos¹, N.S. Castillo¹, D.M. Posik¹, G. Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT-La Plata CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Argentina.
Email: lsb5982@gmail.com

El gen ABCB1 (*ATP-Binding Cassette, Sub-Family B (MDR/TAP), Member 1*) codifica para la glicoproteína-P (gp-P), una proteína de membrana que transporta múltiples fármacos fuera de la célula. Se expresa principalmente en la barrera hematoencefálica, aunque también cumple importantes funciones en otros órganos. En caninos, se ha reportado una delección de 4 pb en exón 4 generando un codón de *stop* prematuro y por ende una proteína no funcional. Los animales homocigotas para la mutación (-/-) presentan neurotoxicidad al administrarles drogas como las avermectinas, muy utilizadas en la práctica diaria. Esta mutación se encuentra principalmente en razas de perros pastores (ej., Collie, Border Collie). El objetivo del presente trabajo consistió en desarrollar un método de diagnóstico rápido de la mutación nt230 [del4] del gen ABCB1 basado en pirosecuenciación y validarlo por secuenciación directa en una población local. Se analizaron 43 perros, obteniéndose un 100 % de concordancia entre los resultados obtenidos por las dos técnicas utilizadas. El cálculo de la frecuencia génica del alelo mutado (q) mostraron diferencias en entre las razas tipificadas: Collie (n= 28 y q= 0,34), Border Collie (n= 9 y q= 0,07) y otras (n= 6 y q= 0). En promedio se obtuvo una q menor al reportado en otros países. El método desarrollado podrá ser utilizado para el diagnóstico temprano de la deficiencia de gp-P, siendo una herramienta muy útil para la reproducción controlada en los criaderos y para la prevención de la neurotoxicidad en los pacientes frente a tratamientos con avermectinas y otras drogas.