

GMA

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL



POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIPO ÚNICO ASOCIADOS CON RESISTENCIA A PARÁSITOS GASTROINTESTINALES EN OVINOS CORRIEDALE DE ARGENTINA

Raschia, M.A.¹, M.V. Donzelli², P.A. Medus³, B.M. Cetrá⁴, D.O. Maizon⁵, M.A. Poli⁶. ¹INTA CICVyA, IGEAF, UNLP, FCM, Buenos Aires, Argentina. ²INTA CICVyA, IGEAF, UNLZ, FCA, Buenos Aires, Argentina. ³INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ⁴INTA EEA Mercedes, Corrientes, Argentina. ⁵INTA EEA Anguil, UNLPam, FA, La Pampa, Argentina. ⁶INTA CICVyA, IGEAF, USAL, FCAYV, Buenos Aires, Argentina.
raschia.maria@inta.gob.ar

Las parasitosis gastrointestinales (PGI) en ovinos causan importantes pérdidas económicas en términos de producción, mortalidad y costo de tratamiento. El uso abusivo de antihelmínticos condujo a la emergencia de parásitos resistentes a estos. En este contexto, una estrategia prometedora es la cría selectiva de animales genéticamente resistentes a las PGI. Esta resistencia es un rasgo complejo relacionado con la inmunidad del huésped y los mecanismos implicados no han sido completamente dilucidados. El objetivo de este trabajo fue identificar regiones cromosómicas involucradas en la resistencia a las PGI, a través de la detección de asociaciones entre polimorfismos de nucleótido único (SNP) e indicadores de resistencia a PGI en ovinos de raza Corriedale. Se estudiaron 170 SNP de 76 genes candidatos para respuesta inmune en 624 animales. Los corderos se desafiaron con larvas infecciosas, principalmente de *Haemonchus contortus*. Se determinó la cantidad de huevos por gramo de materia fecal (HPG), el valor de cría estimado para HPG, y las tasas de cambio del hematocrito y de la puntuación FAMACHA a lo largo del desafío. Se realizaron análisis de asociación con estos indicadores de resistencia a PGI mediante el programa PLINK. Ocho SNP, en los cromosomas 3, 6, 12 y 20 y contenidos en los genes *OLADRA1*, *CLEC12A*, *CLEC8A*, *IL2RB*, *TLR10*, *MASP2*, y *NLRC4*, resultaron significativos. Estos resultados constituyen uno de los primeros reportes de SNPs asociados a resistencia a PGI en la raza Corriedale y son consistentes con *loci* reportados previamente en otras razas ovinas.

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DEL COMPORTAMIENTO EN PORCINOS (*Sus scrofa domesticus*)

Arroyo P.¹, H.R. Ferrari², A.G. Antonini¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). ²Facultad de Ciencias Naturales, UNLP, La Plata, Argentina.
mv.arroyo.paula@gmail.com

La regulación genética del comportamiento ha sido objeto de estudio durante décadas en diferente grado de profundidad, altamente asociado a los eventos tecnológicos. Para mejorar el bienestar animal, puede ser apropiado contemplar alternativas que consideren componentes genéticos. El objetivo de este trabajo fue estudiar las diferencias conductuales entre reproductoras porcinas de diferentes razas. Se evaluaron hembras y sus crías de las razas Landrace y Yorkshire pertenecientes a una granja intensiva confinada de 300 madres. Se construyó un etograma de 35 pautas de conducta. Se utilizó regresión binomial negativa en el análisis de las pautas y se estimaron las heredabilidades mediante regresión madre-hija. Las hembras Landrace dedicaron mayor tiempo a las pautas "de contacto con las instalaciones" que las Yorkshire. Se hallaron diferencias significativas en las conductas de hijas de diferentes reproductores. Algunas de las heredabilidades estimadas fueron: echada lateral 0,51; rascarse contra objeto 0,62; hociquear lechón 0,42; entre otras. Las pautas que presentaron diferencias en base a las razas, ponen de manifiesto las distintas formas de acoplar con el ambiente. En contraposición a las corrientes conductivistas los resultados muestran el impacto del genotipo de los animales en la conducta. Pruebas de progenie que incluyan el estudio de factores comportamentales en las hijas permitirán mejorar la productividad. De acuerdo a estos resultados el comportamiento de los reproductores podría incluirse como criterio de selección en los programas de mejoramiento.

GENETIC SELECTION DIFFERENTIALS IN ARGENTINE HOLSTEIN DAIRY CATTLE

Pardo A.¹, P.M. Corva², M.A. Dinon², N. Rubio³, C. Andere³, D. Casanova³. ¹EEA INTA Balcarce, Buenos Aires, Argentina. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. ³Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Tandil, Buenos Aires, Argentina.
pardo.alan@inta.gob.ar

Genetic selection in dairy cattle has resulted in consistent improvement of productivity worldwide. In contrast, milk production in Argentina has remained fairly stable over the last 20 yrs. The objective of this study was to determine realized genetic selection differentials (SD) in the Argentine Holstein population using the four-path model (sires of bulls, SB; sires of cows, SC; dams of bulls, DB; and dams of cows, DC). Records of 814,886 cows and 12,094 bulls born between 1980-2016 were provided by the Argentine Holstein Breeders Association. The data analyzed consisted of genetic evaluations (HTP; February 2019) for milk yield (MY), fat yield (FY), protein yield (PY), daughter pregnancy rate (DPR), feet and legs (FL), stature (S), rump (R), mammary system (MS) and final score (FS). Estimated SD were averaged by birth year of offspring. Clear declines were observed in SD in yield traits (MY, FY and PY) for SB and SC paths, while the DB and DC paths showed no clear trends. However, it is important to recognize that SD of yield traits for the three more influential paths were all positive for much of analyzed period. SD of most type traits did not show a clear trend except for DC, which was mostly below zero in the period studied. DPR was the only trait with increasing trends in SD for SB, SC and DB, however the SD were mainly negative for these three paths from 1990 to 2015. Results suggest a deficient use of animals with high genetic merit in the local population and this could be one of the factors contributing to the lack of progress noticed in the local dairy industry.

ANCESTRÍA CEBUINA EN EL CROMOSOMA 5 DE RAZAS BOVINAS COMPUESTAS

Álvarez, P. A. N.¹, M. E. Fernández¹, M. Balbi¹, M. Bonamy¹, M. Rogberg Muñoz¹, G. Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.
pecunarg@gmail.com

Brangus es una raza compuesta criada principalmente en ambientes subtropicales para explotar las características deseables de ambas razas parentales. Durante la búsqueda de huellas de selección en el genoma de esta raza mediante el estudio de diferenciación genética poblacional (FST) y la extensión haplotípica (EHH), detectamos una extensa región bajo selección en el cromosoma 5. Aunque los métodos utilizados analizan aspectos diferentes de los procesos selectivos, ambas metodologías detectaron una región de 63Mb de las 120Mb totales de este cromosoma. El objetivo del presente trabajo fue analizarla composición racial en el cromosoma 5 a partir de la inferencia haplotípica con el fin de justificar los resultados previos. Para ello, se genotiparon 335 animales con un *microarray* de 50K y se utilizó el software LOTER para la inferencia. Los resultados mostraron que, en la población estudiada, un 46% del cromosoma 5 tiene origen cebuino, mientras que el porcentaje teórico en la raza es 37,5% y el estimado para la población analizada fue del 28%. Esto concuerda con los datos reportados por otros grupos para ésta y otras razas compuestas. El análisis funcional reveló *loci* asociados a caracteres de crecimiento, resistencia a parásitos, entre otros, en esta región del genoma. Esto sugiere un importante papel del cromosoma 5 en la adaptación de los bovinos a los ambientes tropicales, posiblemente debido a su asociación con caracteres de interés productivo en esas condiciones y la consecuente implementación de la selección artificial durante la formación de estas razas.