

GMA

**GENÉTICA Y
MEJORAMIENTO
ANIMAL**

**ANIMAL GENETICS
AND BREEDING**

Mamíferos / Mammals

GMA 1

CARACTERIZACIÓN DE DOS RODEOS DE BOVINO CRIOLLO URUGUAYO MEDIANTE UN PANEL DE SNP DE MEDIANA DENSIDAD – RESULTADOS PRELIMINARES

Armstrong Reborati E.M.¹, G. Abad¹, E. Jara¹, M. Poli², E. Caffaro², K. Periasamy³, H. Naya⁴. ¹Facultad de Veterinaria, Departamento de Producción Animal, Unidad de Genética y Mejora Animal, Universidad de la República, Uruguay; ²CICVyA-CNIA, Instituto de Genética "Ewald A. Favret", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina; ³FAO/IAEA, Animal Genetics Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy; International Atomic Energy Agency, Vienna, Austria, Italy/Austria; ⁴IPMon, Unidad de Bioinformática, Instituto Pasteur de Montevideo, Uruguay. eileen.armstrong@gmail.com

El bovino Criollo Uruguayo, descendiente del ganado introducido por los conquistadores europeos en el siglo XVII, constituye un recurso genético de inestimable valor. Existen sólo dos rodeos conocidos: en la reserva del Parque San Miguel (SM, Rocha; N=600) y en un establecimiento comercial (San Joaquín, SJ, Cerro Largo; N=60). En este estudio incorporamos el genotipado masivo de marcadores polimórficos de nucleótido simple (SNP) para gestionar apareamientos, controlar la endogamia, detectar introgresión de otras razas y determinar paternidades dudosas. Se genotipificaron 78 animales adultos de SM y 29 de SJ con el panel comercial Axiom_BovMDv3 de Affymetrix de 64K. Los datos fueron analizados con el programa PLINK v1.07 y paquete estadístico R. Ambas poblaciones mostraron heterocigosidad similar y moderada ($H_o = 0,240$ en SM y $0,254$ en SJ), bajos niveles de endogamia ($FIS = -0,015$ SM y $0,001$ SJ) y baja distancia genética entre rodeos ($F_{ST} = 0,07$). Los árboles de distancia genética mostraron tres clústers: dos para SJ (posible introgresión de otras razas) y uno para SM (en aislamiento reproductivo). La consanguinidad individual varió en SM entre $-0,19$ y $0,26$, y en SJ entre $-0,17$ y $0,30$. Se detectaron tramos de homocigosidad (ROHs) en varios cromosomas, de entre 1,39 Mb (BTA 19) a 12,60 Mb (BTA 16). El análisis más profundo y de más animales brindará insumos para una mejor gestión de los rodeos y para el manejo de la raza como una sola entidad.

Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII), Uruguay

GMA 2

EFFECTO DE POLIMORFISMOS EN EL GEN PRNP BOVINO SOBRE CARACTERÍSTICAS DE INTERÉS CÁRNICO EN LA RAZA ABERDEEN ANGUS DE URUGUAY

Artigas R.¹, E. Jara¹, S. Llambí¹, P. Nicolini², E.M. Armstrong Reborati¹. ¹Departamento de Producción Animal y Salud de los Sistemas Productivos, Unidad Académica de Genética y Mejora Animal, Uruguay; ²PDU- Instituto Superior de la Carne, Área de Biología Molecular, Uruguay. rodyartigas@gmail.com

Los alelos de delección en los polimorfismos indel23pb e indel12pb del gen PRNP bovino se han asociado con la susceptibilidad a la encefalopatía espongiiforme bovina. El objetivo del trabajo fue evaluar la distribución de esos polimorfismos en la raza Aberdeen Angus de Uruguay (AAU) y su posible asociación con características de interés cárnico. Se analizaron 635 bovinos (*Bos taurus*) AAU de diferentes orígenes, alimentados a pastura o *feedlot*, con registros para: peso y longitud de la canal, color (L, a, b), terneza (24 h/10 días), pérdidas por cocción (24 h/10 días) y *marbling*. Las muestras pertenecían al banco de ADN de la Unidad Académica de Genética y Mejora Animal. El genotipado fue realizado por la empresa Gene Seek® (www.geneseek.com) utilizando espectrometría de masa. Se calcularon las frecuencias alélicas, genotípicas, y haplotípicas. La asociación genotipo-fenotipo se realizó utilizando el modelo $Y = G + S + T + e$ (Y=característica, G=genotipo, S=sexo, T=tropa, e=error). Se observó alta frecuencia de alelos ($D_{23} = 0,76$; $D_{12} = 0,67$) y haplotipo ($D_{23} - D_{12} = 0,68$) de delección; ambos marcadores estaban ligados ($D' = 0,99$) y en equilibrio génico. Los animales de *feedlot* con genotipo DD presentaban canales más largas que los II (indel23pb: $p = 0,002$; indel12pb: $p = 0,02$). El *marbling* fue mayor en los animales DD alimentados a pasto (indel23pb: $p = 0,016$; indel12pb: $p = 0,043$) y en los de *feedlot* (indel23pb: $p = 0,02$). En los animales DD alimentados a pasto, la terneza a 10 días fue mayor respecto a los II (indel23pb: $p = 0,02$), concordante con un mayor *marbling*. Estos resultados indican que los dos indels pueden afectar características de la canal y la carne y podrían ser utilizados para seleccionar animales desde un punto de vista sanitario y/o productivo.

CIDEC, Facultad de Veterinaria - UdelaR

GMA 3

POLIMORFISMO DEL GEN *BoLA-DRB3.2* ASOCIADO A LA PRODUCCIÓN DE LECHE Y CONTEO DE CÉLULAS SOMÁTICAS EN GANADO HOLSTEIN

Baltian L.R.¹, P. Ramirez², M. Lema Vincens¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de La Pampa, Argentina; ²Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de La Pampa, Argentina. lbaltian@vet.unlpam.edu.ar

Durante muchos años la meta de la cría del ganado lechero estuvo focalizada en la alta producción, acarreando problemas de salud tales como la mastitis. Actualmente el interés está en identificar genéticamente los animales susceptibles a desarrollar enfermedades infecciosas tales como la mastitis por medio de genes candidatos. El complejo principal de histocompatibilidad Bovino (*BoLA*) es un grupo de genes ligados vinculado a la respuesta inmune. El objetivo del presente estudio fue asociar alelos del exón 2 del gen *BoLA-DRB3.2* con producción de leche y conteo de células somáticas como parámetro para evaluar mastitis. Se tomaron muestras de sangre a 157 vacas, se las genotipó por PCR-RFLP y se detectaron 32 alelos de los cuales seis fueron los más frecuentes: el *BoLA-DRB3.2* *23, *24, *16, *25, *28 y *22, con una frecuencia que osciló entre 13,50% a 6,43%. Se analizaron los conteos de células somáticas (CCS) como indicadores de enfermedad cuando los registros eran superiores a 250.000 cel/ml de leche. Con un modelo lineal generalizado se encontró una asociación entre CCS y los alelos detectados ($p=0,03$). Mediante la prueba LSD Fisher el alelo *23 mostró una incidencia del 43% (EE 4%) a tener un alto conteo de células somáticas. Los alelos del *BoLA-DRB3.2* se evidencian como marcadores relevantes para detectar animales genéticamente susceptibles a mastitis. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Pampa, Argentina.

GMA 4

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE POBLACIONES BOVINAS DE ARGENTINA CON UN PANEL DE SNP DE BAJA DENSIDAD

Michiels B.¹, A. Pardo^{1,2}, M.F. Ortega Masagué³, G. Giovambattista⁴, P. Corva¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina; ²INTA, E.E.A. Balcarce, Argentina; ³IIACS-CIAP (INTA), Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido, Argentina; ⁴UNLP-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Argentina. pcorva@mdp.edu.ar

Se evaluó un chip 10K diseñado por el proyecto internacional “*Innovative Management of Animal Genetic Resources*” (<https://www.imageh2020.eu/>) para la caracterización de poblaciones bovinas. De interés fue el análisis de la raza Criollo Argentino. Se determinaron los genotipos de 18 animales Angus, 14 Criollos y 17 Hereford pertenecientes a INTA Balcarce. Se agregó información de 25 animales Criollos del IIACS (INTA Leales) y se recuperaron genotipos previamente reportados de dos razas españolas (5 Avileña, 7 Retinta) y dos razas colombianas (7 Costeño con Cuernos, 7 Sanmartinero). Después del filtrado de marcadores comunes entre *microarrays* y del control de calidad, quedaron 5.243 SNPs en 29 autosomas. Se realizaron Análisis de Componentes Principales (ACP), análisis de diferenciación genética (F_{ST}) y análisis de *cluster*, mediante los programas PLINK 1.9, Structure y paquetes de R. El ACP y el análisis de *cluster* mostró que el bovino Criollo Argentino es genéticamente distante de las razas británicas más populares en el país. Además, esta raza se diferenció de las razas criollas colombianas y nativas españolas. Si bien el rodeo de Leales contribuyó al origen del rodeo en Balcarce hace más de 35 años, estos rodeos están divergiendo, formando dos subgrupos. Esto es relevante para los esfuerzos de conservación y manejo de este importante recurso zoogenético local. Se confirmó la utilidad de un chip de baja densidad y bajo costo, lo que es significativo para la conservación de los recursos genéticos. Estos son los primeros resultados de Criollo Argentino con este tipo de plataformas para el análisis genómico.

GMA 5

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL GEN *BRCA1*, RELACIONADO AL CÁNCER DE MAMA, EN UNA MUESTRA POBLACIONAL DE CANINOS DE URUGUAY

Decuadro A.¹, S. Llambí², A. Benech¹, Gagliardi R.². ¹Facultad de Veterinaria, Departamento de Pequeños Animales, UdelaR, Uruguay; ²Facultad de Veterinaria, Unidad de Genética y Mejora Animal, UdelaR, Uruguay. rgagliar@gmail.com

En caninos, particularmente en hembras no ovariectomizadas (esterilizadas), los tumores de mama son las neoplasias más frecuentes, representando cerca de la mitad de los casos oncológicos evidenciados mundialmente. Uno de los elementos que ha favorecido el aumento de la incidencia de esta patología, es la mayor expectativa de vida de estos animales. Tanto en esta especie como en humanos, el gen *BRCA1*, supresor tumoral, ha sido ampliamente estudiado. Ciertos polimorfismos de este gen pueden llevar a que la proteína que codifica pierda su función. Esto tiene como consecuencia la disminución de su expresión, lo que representa un paso crítico en el desarrollo del cáncer de mama. Por otra parte, se debe considerar las similitudes presentes entre ambas especies en lo que respecta a los tumores en sí mismos, así como en los factores que favorecen su aparición, lo que lleva a que el perro sea un buen modelo para el estudio de la enfermedad en humanos. El objetivo de este trabajo fue comparar polimorfismos presentes en el gen *BRCA1* (ENSCAFG00000014600) entre dos grupos de perras, con y sin tumores, ingresadas al Hospital de la Facultad de Veterinaria, UdelaR (Montevideo, Uruguay). Este estudio fue aprobado por el Comité de Ética y Uso de Animales (CEUA) con el número 518, y por las personas a cargo de los animales. Los polimorfismos estudiados en nuestro caso no presentaron diferencias entre las perras con y sin tumores, lo que podría haberse debido, entre otros factores, a lo heterogéneo de los grupos en estudio.

GMA 6

ESCORE DE CAPA. UNA POSIBLE EXPLICACIÓN PARA LA HUELLA DE SELECCIÓN CEBUINA LOCALIZADA EN EL CROMOSOMA BOVINO 5: (47.670.001–48.100.000 PB)

Balbi M.^{1,2}, M. Bonamy^{1,2}, M.E. Fernandez¹, P. Alvarez Cecco¹, R.J.A. Vaca², A. Rogberg Muñoz¹, P. Peral García¹, A.J. Prando², G. Giovambattista¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Producción Bovina, UNLP, Argentina; ²Facultad de Ciencias Veterinarias, IGEVET – Instituto de Genética Veterinaria “Ing. Dr. Fernando Noel Dulout”, UNLP-CONICET, Argentina. guillermogiovambattista@gmail.com

Más del 65% de la población bovina mundial se encuentra en regiones cálidas donde el estrés térmico limita la cría de razas europeas. Para incrementar la producción en estas regiones, se desarrollaron razas compuestas, como Brangus, que conservan las principales características de las razas parentales: adaptación (cebuina) y producción (taurina). La piel y sus anexos cumplen un rol central en la respuesta al estrés térmico. Estudios previos han identificado genes y regiones asociados a la resistencia al calor. El objetivo del presente trabajo consistió en determinar si el porcentaje de genes índicos está asociado al tipo de capa o si hay genes mayores segregando en Brangus. Se genotiparon 108 toros mediante *microarray* de SNPs y se evaluaron el *escore* de capa, medido con una escala de siete categorías que consideran el largo y el grosor del pelo, y el largo del pelo. La correlación entre el porcentaje cebuino y las características no resultó significativa. El GWAS evidenció que siete ventanas de SNPs en los cromosomas BTA5 y BTA4 explicaron más del 2% la varianza. El *escore* de capa en verano mostró el mayor pico en BTA5: 46.941.446–48.030.219 pb, explicando 4,65% de la varianza. Este segmento está cercano a la fijación en los cebuinos, es la mayor región bajo selección y tiene la mayor diferenciación genética entre los cebuinos y taurinos. Estos resultados sugieren que la variación en el *escore* de capa y el largo del pelo en toros Brangus estaría asociado a genes mayores más que con el porcentaje cebuino.

FONCYT-ANPCyT -2016-3033; CONICET PUE-2016 N° 22920160100004CO

GMA 7

DIVERSITY OF THE *BoLA-DRB3* GENE IN CATTLE BREEDS FROM TROPICAL AND SUBTROPICAL REGIONS OF SOUTH AMERICA

Valenzano M.N.¹, M.E. Caffaro², V.V. Lia¹, M. Poli², S.E. Wilkowsky¹.
¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) (INTA-CONICET), Argentina; ²Instituto de Genética “Ewald A. Favret” CICVyA-CNIA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina. wilkowsky.silvina@inta.gob.ar

Bovine leukocyte antigens (BoLA) have been widely studied because of their primary function in the recognition of pathogens by the immune system. To date, however, the characterization of the *BoLA-DRB3* gene in Latin American Zebu and mixed zebuine breeds is scarce. Here we sequenced exon 2 of *BoLA* class II *DRB3* gene in 264 animals from the five most commonly used breeds in northern Argentina for meat production (Creole, Brahman, Braford, Brangus and Nellore). The populations analyzed here contained 61 previously reported alleles. Genetic diversity was high at both allelic and nucleotide levels, particularly in the mixed breeds. In contrast to previous reports on *DRB3* diversity, no evidence of balancing selection was found in our data. Differentiation among breeds was highly significant, as shown by F_{ST} ($F_{ST}=0.052$, $p<0.001$) and cluster analysis. In accordance with historical origin of the breeds, UPGMA trees and Metric Multidimensional Scaling (MDS) analysis showed that Creole is distantly related to the other zebuine breeds. Among them, Brahman, Braford and Brangus exhibited the closest affiliations. Despite the overall differentiation of the breeds, analysis of the peptide binding region at the amino acid level revealed that the key amino acids involved in peptide recognition are greatly conserved. In sum, this is the first report of *BoLA-DRB3* diversity in pure and mixed zebuine cattle breeds from Argentina. Knowledge of *BoLA-DRB3* variability in breeds adapted to tropical environments contributes not only to the ongoing attempts to categorize bovine MHC allele frequencies by breed and location but also to the design of peptide-based vaccines.

FONCYT-PICT 2018–2031; IAEACRPD3.10.28; INTA PE114; INTA PE145.

Peces / Fish

GMA 8

IMMUNITY TRAITS AS RESISTANCE INDICATORS OF ATLANTIC SALMON AGAINST THE SEA LOUSE *Caligus rogercresseyi*

Gallardo Matus J.¹, D. Torrealba¹, B. Morales-Lange¹, V. Mulero², A. Vasemägi^{3,4}, L. Mercado¹. ¹Facultad de Ciencias del Mar y Geografía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile; ²Facultad de Biología, Universidad de Murcia, España; ³Department of Aquatic Resources, Swedish University of Agricultural Sciences, Suecia; ⁴Institute of Veterinary Medicine and Animal Sciences, Estonian University of Life Sciences, Estonia. jose.gallardo@pucv.cl

Despite the high importance of disease and parasite resistance in animal breeding, we still know relatively little about the molecular mechanisms and processes of the host that enable it to avoid, control or reduce pathogen or parasite burden. In this study, we measured the abundance of three key proteins associated with the innate immunity of Atlantic salmon as a molecular phenotype, and compared their heritabilities with multiple resistance traits of Atlantic salmon against the sea louse *Caligus rogercresseyi*. In particular, we quantified the abundance of two proinflammatory cytokines, TNF α and IL-8, and an antioxidant enzyme, NKEF, in Atlantic salmon skin and gill tissue from 21 families and 214 to 238 individuals covering a wide parasite load range from low (resistant fish) to high (susceptible fish). Our results showed that susceptible fish secreted higher levels of NKEF and TNF α than resistant fish. Furthermore, moderate to very high heritable genetic variation was estimated for NKEF (h^2 skin: 0.96 ± 0.14 , and gills: 0.97 ± 0.11) and TNF α (h^2 skin: 0.53 ± 0.17 , and gills: 0.32 ± 0.14), but not for IL-8. This is the first study that identifies specific proteins as promising proxies for resistance against sea louse showing very high heritabilities. This work provides evidence that abundance of NKEF and TNF α can be potentially used as additional selection criteria for more efficient selection for resistance against sea louse in Atlantic salmon.

INNOVA-CHILE 206–5047, 07CN13PBT-61; PCI-OCDE 2015; FONDECYT 1140772, PCI CS2018 –7993; FONDECYT 74170029; FONDECYT 74200139

GMA 9

TRANSCRIPTOME PROFILING OF IMMUNE RESPONSE OF VACCINATED ATLANTIC SALMON TO SINGLE INFECTION WITH *Piscirickettsia salmonis* AND COINFECTION WITH *Caligus rogercresseyi*

Torrealba D.¹, C. Figueroa¹, P. Veloso¹, F. Guisado-Bourzac¹, A. Vasemägi², M. Ozerov², B. Dixon³, R. Farlora⁴, P. Conejeros⁴, C. Soto⁵, J. Gallardo Matus¹. ¹Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile; ²Department of Aquatic Resources, Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden; ³Faculty of Science, Department of Biology, University of Waterloo, Canada; ⁴Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Chile; ⁵Salmones Camanchaca. debora.torrealba.s@mail.pucv.cl

Vaccines have been the main strategy to prevent and control *Piscirickettsiosis* outbreaks in Chilean salmon farming. However, immunological mechanisms involved in the response against *Piscirickettsia salmonis* in immunized Atlantic salmon are unknown. This study analyzed the head kidney transcriptomic profile through mRNA-seq of moribund and surviving fish, unvaccinated and vaccinated with two commercial vaccines, and challenged with a single infection with *P. salmonis* and a coinfection with sea lice *Caligus rogercresseyi* under? mimic field conditions. Coinfection was a highly detrimental phenomenon for fish, with a low percentage of live fish at the end of the trial, regardless of whether they were vaccinated or not (<5%). Fish that survived coinfection had a lower bacterial load than moribund fish, but we found no differences in bacterial load between vaccinated and unvaccinated moribund fish. Interestingly, coinfection suppressed adaptive immune response in vaccinated moribund fish, although vaccinated survival fish showed a potent humoral immune response. Vaccinated fish that were able to survive the coinfection showed both innate and adaptive immune responses. Regarding the single infection, when compared with unvaccinated fish, commercial vaccines increased survival (vaccinated: 44%; unvaccinated: 4%) and decreased bacterial load in survival fish (C_T vaccinated: 26; C_T unvaccinated: 22), but we found no differences in bacterial load between vaccinated and unvaccinated moribund fish. Our result suggest that vaccinated survivor fish overcome the infection through a combination of innate, adaptive and iron homeostasis responses. Commercial vaccines were able to elicit a humoral response but not a cellular-mediated immune response in any treatments evaluated in this study.

CONICYT-Chile FONDECYT 1140772; Cooperative Research Program Fellowships of OECD PCI 2015-CONICYT; Chile-Sweden project Genomics N°CS2018-7993; FONDECYT 3170744; FONDECYT 74170029

GMA 10

HEAT STRESS AND SKIN TRANSCRIPTOMICS: A NOVEL APPROACH TO ASSESS THERMO-TOLERANCE IN TWO INDIGENOUS GOAT BREEDS OF INDIA

Silpa M.V.^{1,2}, V. Sejian¹, M.R. Reshma Nair^{1,3}, C. Devaraj¹, M. Bagath¹, G. Krishnan¹, S. König², R. Bhatta¹. ¹Centre for Climate Resilient Animal Adaptation Studies, ICAR-National Institute of Animal Nutrition and Physiology, Adugodi, Bangalore-560030, India; ²Agricultural Sciences, Nutritional Sciences, and Environmental Management, Institute of Animal Breeding and Genetics, Justus Liebig University, Giessen, Germany; ³Academy of Climate Change Education and Research, Kerala Agricultural University, Thrissur, Kerala, India. mv.silpa@gmail.com

A study was conducted to assess the thermo-tolerance based on skin transcriptomics changes between two indigenous goat breeds as a novel approach. A total of 24 adult were selected and divided into four experimental groups: KAC (Kanni Aadu Control; 26° C; n=6), KAHS (Kanni Aadu Heat Stress; 37-40° C; n=6), KOC (Kodi Aadu Control; 26° C; n=6) and KOHS (Kodi Aadu Heat Stress; 37-40° C; n=6). At the end of the study, the animals were slaughtered and their skin tissues were collected. Extracted mRNA from the skin tissue was subjected to mRNAseq followed by bioinformatics analysis. The differentially expressed genes (DEG) analysis revealed that heat stress stimulated 1,515 and 122 DEGs expression, while 991 and 72 DEGs were down-regulated in Kanni Aadu and Kodi Aadu goats, respectively. Several heat stress associated functional pathways were also observed to be altered on Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) analysis. The numbers of KEGG pathways altered due to heat stress were more in Kanni Aadu goats when compared to Kodi Aadu goats. This study established that a difference in thermo-tolerance exists even among the indigenous breeds. The increased alterations in both DEGs and KEGG pathways in Kanni Aadu goats compared to Kodi Aadu goats pointed towards the better heat tolerance capacity of the Kodi Aadu breed. Thus, it could be inferred from this study that the skin transcriptomics associated changes in heat-stressed goats could provide a novel approach to assess thermo-tolerance in goats.

Indian Council of Agricultural Research