

GMA

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

ANIMAL GENETICS AND BREEDING

GMA 1

EVALUACIÓN GENÓMICA Y RECUPERACIÓN DE LA RAZA BOVINO CRIOLLO URUGUAYO

Armstrong Reborati E.M.¹, G. Abad Njers¹, E. Jara¹, J.C. Boggio Devincenzi¹, D. Fila¹. ¹Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Uruguay. eileen.armstrong@gmail.com

El bovino Criollo Uruguayo (*Bos taurus*, BCU) desciende del ganado introducido por los conquistadores ibéricos en el siglo XVII. Base de la ganadería nacional, pero en riesgo de extinción, recientemente el interés por el BCU ha ido en aumento y en 2022 se creó una Asociación de Criadores que nuclea actualmente a unos 15 productores. La genotipificación masiva de SNP realizada en 320 animales reproductores de los dos rodeos originales, una reserva genética y un rodeo comercial, mostró que las poblaciones de BCU se agrupan en un mismo *cluster* y se separan de las razas comerciales, reforzando su condición de raza. Ambas poblaciones presentaron una distancia genética baja ($F_{ST}=0,078$) y parámetros poblacionales similares: heterocigosidad moderada ($H_o=0,34$; $H_e=0,33$) e índices bajos de endogamia ($F_{IS} -0,017$; $FROH 0,025$). Paralelamente, se generó un banco de semen con 1.500 dosis de 14 toros y se prevé la incorporación de más toros y embriones. Se llevaron a cabo tres experiencias de inseminación artificial con el semen congelado y los porcentajes de preñez fluctuaron entre el 43% y el 78%. De 500 animales en todo el país en 2019 hoy hay más de 1.000 y la raza se continúa expandiendo. El objetivo es producir carne de calidad diferencial con marca propia. Las tecnologías utilizadas posibilitan la selección de apareamientos para conservar la diversidad alélica y minimizar la endogamia, contribuyendo al manejo racional de los rodeos y a la conservación de la raza como recurso genético ganadero y su potencial desarrollo comercial en nuestro país.

Financiamiento: Comisión Sectorial de Investigación Científica (CSIC-UDELAR) y Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII), Uruguay

GMA 2

COMPONENTES DE (CO)VARIANZA DE ABORTOS TEMPRANOS EN HOLANDO ARGENTINO PARA UN MODELO UMBRAL PADRE-ABUELO MATERNO

Arroyo P.^{1,2}, A. Pardo^{1,3}, D. Casanova^{4,5}, E. Rodríguez⁴, M. Tejedro⁴, N. Rubio⁴, P. Corva³. ¹Producción Animal, EEA Balcarce, INTA, Argentina; ²Producción Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina; ³Producción Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina; ⁴Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires, Argentina; ⁵Asociación de Criadores de Holando Argentino, Argentina. pardo.alan@inta.gob.ar

El objetivo fue estimar componentes de (co)varianza y heredabilidad de un indicador de aborto temprano (AT), definido por un intervalo entre 49 y 100 días entre el primer y segundo servicio, de vaquillonas Holando Argentino (HA) de 13 a 27 meses de edad. Se generó una variable binaria (AT o parto) para 193.604 hembras nacidas entre 2008 y 2014, con registros provistos por la Asociación de Criadores de HA. Se ajustó un modelo umbral padre-abuelo materno usando el software GIBBSF90+, que incluyó los efectos aleatorios de rodeo-año de servicio, padre, abuelo materno y toro inseminante, y como covariables, el coeficiente de consanguinidad de la vaquillona y la edad al servicio. El *pedigree* estuvo representado por 1.644 toros (414 padres y 378 abuelos maternos). La probabilidad de AT disminuyó con la edad, pero no se detectó efecto de la consanguinidad. Las varianzas aditivas del padre (V_s) y abuelo materno (V_{mgs}) fueron transformadas en sus correspondientes varianzas directa (V_{a_d}) y materna (V_{a_m}); la varianza fenotípica (V_p) se definió como $V_s + V_{mgs} + \text{residuo}$ y la heredabilidad directa y materna se calcularon como $h^2_d = V_{a_d}/V_p$ y $h^2_m = V_{a_m}/V_p$, respectivamente. Rodeo-año y toro inseminante explicaron 20,66 y 3,17% de la varianza total, respectivamente. Las V_{a_d} y V_{a_m} fueron 0,062 (0,01) y 0,033 (0,01), respectivamente. La h^2_d y h^2_m estimadas fueron 0,06 (0,01) y 0,03 (0,01), respectivamente. La heredabilidad mayor a cero confirma la utilidad del indicador de AT utilizado y sugiere que hay variabilidad genética para esa variable.

Financiamiento: Proyecto INTA 2023-PD-L01-I108

GMA 3

ESTUDIO PRELIMINAR DE FRECUENCIA DE LA MUTACIÓN CAUSANTE DEL HAPLOTIPO JERSEY UNO EN UN HATO DEL BAJÍO MEXICANO

Barreto Alcalá R.¹, M.A. Ayala Valdovinos¹, T. Duifhuis Rivera¹, R.J. Macedo Barragán², C.A. García Munguía³, J. Galindo García¹, N.G. Michel Regalado¹. ¹Producción Animal, Medicina Veterinaria y Zootecnia, CUCBA, Universidad de Guadalajara, México; ²Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Colima, México; ³Veterinaria y Zootecnia, Ciencias de la Vida, Universidad de Guanajuato, México. ruben.barreto1676@alumnos.udg.mx

El haplotipo Jersey Uno (JH1) es una condición de origen genético que ocurre en bovinos de la raza Jersey, de herencia recesiva y letal, la mutación responsable (rs1115118696) se identificó en el gen *CWC15* del cromosoma 15 de dicha raza, este gen codifica para una proteína homóloga, la cual forma parte del complejo de proteínas del espliceosoma, responsable del corte y empalme de los genes, presentándose el JH1 como un problema causante de muertes embrionarias tempranas. En este estudio se tiene como propósito identificar por primera vez los diferentes alelos del gen *CWC15* y analizar sus frecuencias en hembras de reemplazo de una población del Bajío mexicano de la raza Jersey. Hasta el momento se han analizado 50 ejemplares, de los cuales ocho resultaron portadores de la mutación, lo que nos da una frecuencia alélica del 8% para el polimorfismo que genera el JH1. Esta frecuencia se considera alta para una afección de este tipo, pero se encuentra cercana a otras que han sido reportadas en otros estudios en diferentes países, ya que en Estados Unidos se ha reportado un 11,7% y en India un 11,65%. Dado que las frecuencias halladas son muy altas, es conveniente continuar con el análisis para obtener resultados más concluyentes.

Financiamiento: Universidad de Guadalajara, proyecto P3E-270377

GMA 4

PRIORIZACIÓN DE GENES CANDIDATOS EN EL ANÁLISIS GENÓMICO DE LA RESISTENCIA A LA NEOSPOROSIS BOVINA

Forneris F.R.¹, P.M. Corva¹, M.L. Campero², D.P. Moore^{1,2}. ¹Producción Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina; ²Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS Balcarce), INTA - CONICET, Argentina. pcorva@mdp.edu.ar

La infección por el protozoo intracelular *Neospora caninum* es la principal causa de abortos en bovinos. El único estudio de asociación reportado, en una población mayoritariamente Holstein pero con otras razas, identificó ocho QTL para resistencia. El principal QTL, ubicado en el intrón de un gen sin rol conocido en la respuesta inmune (*PARN*), no fue significativo en la raza Holstein. Para identificar candidatos se analizó una región de 500 Kb a cada lado del marcador más significativo (*BTA25*; rs133449464, TG/T) en un panel de 465 genomas de cinco razas (39 a 191 por raza) del proyecto "The 1000 Bull Genomes Project" (EVA- PRJEB42783). Los genes en la región y sus polimorfismos se identificaron en Ensembl con el genoma de referencia ARS-UCD1.3 y el programa VEP, respectivamente. Los marcadores se procesaron con PLINK 1.9. El desequilibrio de ligamiento se analizó con Haploview. La frecuencia del alelo favorable de rs133449464 fue 0,69 (Limousin); 0,55 (Jersey); 0,50 (Angus); 0,35 (Hereford) y 0,26 (Holstein). La consideración conjunta de categoría y función de genes, posición de polimorfismos y patrón de haplotipos entre razas indican a un SNP (25:13.257.981, A/G) en dos lncRNA superpuestos, orientados en direcciones opuestas, para evaluarlo como responsable del QTL mediante análisis funcionales y de asociación. Los ARN No Codificantes (ncRNA), serían relevantes en el proceso de infección de parásitos del grupo Apicomplexa. Esta información puede ser de utilidad en estrategias de selección y también en el análisis de la biología de la interacción entre parásito y hospedador.

Financiamiento: Agencia Nacional de Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación, Proyecto FONCyT PICT-2021-I-A-00464, Argentina

GMA 5

FRECUENCIA DEL GEN DE LA B-LACTOGLOBULINA EN BORREGOS MERINO DE LA ISLA SOCORRO

Ayala Valdovinos M.Á.¹, Mena Zuno R.C.¹, R.J. Macedo Barragán², J. Galindo García¹, N.G. Michel Regalado¹, T. Duifhuis Rivera¹. ¹División de Ciencias Veterinarias, Producción Animal, Universidad de Guadalajara, CUCBA, México; ²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Colima, México.
theodor.duifhuis@academicos.udg.mx

En el año de 1869 se estableció una población de ovinos Merino proveniente de Australia en la isla Socorro, perteneciente al archipiélago de las islas de Revillagigedo, localizadas a 720 km de Manzanillo, Colima, México. Los animales fueron abandonados en la isla como una forma de alimentación para las tripulaciones de barcos que pasaban por el archipiélago, esto generó un aislamiento genético de más de 135 años. La población se volvió feral y se adaptó a condiciones ambientales tropicales, soportando carencia de agua dulce, alimento y otras adversidades por la geografía de la isla. El objetivo de este estudio fue determinar la diversidad alélica y la frecuencia del polimorfismo del gen de β -lactoglobulina (LGB) asociado a parámetros lecheros en borregos Merino de la isla Socorro, con el fin de identificar animales con potencial lechero que, aunado a su rusticidad, podrían servir para mejorar núcleos reproductivos en el continente. Para este estudio se muestrearon 40 ejemplares, descendientes de los animales rescatados de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad de Colima antes de su exterminio en el archipiélago en 2014. Se genotipificó el SNP ubicado en el exón II, una sustitución de T/C en el nucleótido 236. Se encontraron los tres genotipos AA (0,27), AB (0,60) y BB (0,12) y se obtuvieron sus frecuencias génicas A (0,58) y B (0,42). El alelo A tiene efectos significativos sobre el contenido de proteínas, por lo que es posible proponer hacer selección contemplando este genotipo a favor de la producción láctea.

Financiamiento: Universidad de Guadalajara, proyecto P3E-270377

GMA 6

ESTUDIO PRELIMINAR DE DETECCIÓN DE LA MUCOPOLISACARIDOSIS TIPO IIID EN CABRAS NUBIAS EN EL ESTADO GUANAJUATO

Mora Navarro G.A.¹, Ayala Valdovinos M.Á.¹, R.J. Macedo Barragán², M. Valencia Posadas³, J. Galindo García¹, T. Duifhuis Rivera¹. ¹División de Ciencias Veterinarias, Producción Animal, CUCBA, Universidad de Guadalajara, México; ²DES Ciencias Agropecuarias, Campus Tecomán, Universidad de Colima, México; ³División de Ciencias de la Vida, Campus Irapuato-Salamanca, Universidad de Guanajuato, México.
guadalupe.mora3154@alumnos.udg.mx

El objetivo de este estudio fue estimar la frecuencia alélica del gen GNS causante de la mucopolisacaridosis tipo IIID (MPS IIID) en cuatro hatos de cabras Nubias en estado de Guanajuato, México. Mediante pruebas de PCR-RFLP se genotipificaron 75 cabras nubias, de las cuales seis fueron identificadas como portadoras de MPS IIID; las frecuencias alélicas observadas fueron de 0,96 para el alelo silvestre C y 0,04 para el alelo mutante T. Se realizó una prueba de equilibrio de Hardy-Weinberg (HD) que evidenció que la población estaba en equilibrio génico. La MPS IIID fue identificada en cabras a finales del siglo pasado, teniendo frecuencias considerablemente más altas, pero los constantes avances tecnológicos en las últimas décadas en los campos del mejoramiento genético y diagnóstico de patologías genéticas podrían haber contribuido a la disminución de la frecuencia de la mutación de la MPS IIID en líneas de cabras Nubias en Norteamérica. Identificamos la variante causante de la mucopolisacaridosis tipo IIID en seis cabras de la raza Nubia en Guanajuato, México, confirmando por primera vez la presencia de la mutación en el país.

Financiamiento: Universidad de Guadalajara, proyecto P3E- 270377

GMA 7

VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA POBLACIÓN DE GATO DOMÉSTICO (*Felis catus*) EN MOMPOX UTILIZANDO MARCADORES FENOTÍPICOS

Pardo-Pérez E.¹, A. Castro-Palomo¹, T. Cavadía-Martínez¹.

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Córdoba, Colombia. epardop@correo.unicordoba.edu.co

Los gatos son animales de compañía conocidos por su independencia y por su capacidad de adaptarse a diversos entornos urbanos y rurales. Los gatos muestran variaciones polimórficas atendiendo al patrón, al color y la textura del pelaje. Algunas de estas mutaciones se han mantenido en las poblaciones bajo el amparo humano, muestran una herencia mendeliana, son fáciles de caracterizar y representan una herramienta invaluable para evaluar la variabilidad genética de las poblaciones. Con el objetivo de establecer la variabilidad genética de la población de gatos (*Felis catus*), se realizaron muestreos, mediante recorridos urbanos de casa en casa, observación directa y el uso de registros fotográficos en cinco barrios de la ciudad de Mompo, departamento de Bolívar, Colombia y se efectuó una clasificación fenotípica de cada uno de los 200 gatos adultos encontrados, teniendo en cuenta la presencia o ausencia de los marcadores autosómicos: *Agouti*, *Tabby*, *Dilution*, *Long Hair*, *Spotting White Dominant White*, *Manx*, y *Siames* y del locus ligado al sexo *Orange*. Las frecuencias alélicas oscilaron entre 0,678 y 0,015 para los marcadores *Non-agouti* y *Siames* respectivamente; los marcadores *Spotting White* y *Long Hair* mostraron la mayor diversidad; el marcador *Orange* presentó desequilibrio en dos poblaciones: Seis de Agosto y Faciolince, mientras que *Spotting White* se mantuvo en equilibrio de Hardy-Weinberg. Se halló una elevada diferenciación genética entre las poblaciones ($G_{ST} = 0,1283$). En Mompo se presentó una agrupación de las poblaciones atendiendo a su fecha de fundación y a su cercanía geográfica.

GMA 8

ASOCIACIÓN GENÓMICA DE LA TOLERANCIA A LA HIPOXIA EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*Salmo salar*)

Gallardo-Matus J.¹, C. Soto², N. Delgado^{1,2}, A. Romero², P. Caballero^{1,3}, M.A. Rueda¹, S. Barahona^{1,4}, N. Salinas¹.

¹Laboratorio de Genética y Genómica Aplicada, Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV), Chile; ²Área de Investigación y Desarrollo, Salmones Camanchaca, Chile; ³Programa de Doctorado en Biotecnología, PUCV, Chile; ⁴Programa de Doctorado en Acuicultura, PUCV, Chile. jose.gallardo@pucv.cl

La aceleración del cambio climático y el aumento de la contaminación en cuerpos de agua han provocado un incremento global de los eventos de hipoxia. Este estresor ha tenido repercusiones económicas significativas en la acuicultura de salmón en Chile, lo que ha llevado a algunas empresas a considerar la selección de peces con mayor tolerancia a la hipoxia como una medida de adaptación al cambio climático. Este estudio presenta los resultados de dos experimentos GWAS de la tolerancia a la hipoxia (agua dulce y agua de mar) en una población domesticada de salmón del Atlántico denominada Cepa Lochy. La tolerancia a la hipoxia fue medida como el tiempo de pérdida de equilibrio (Time to Loss of Equilibrium, TLOE) frente a un estrés agudo de hipoxia ($O_2 = 1,5-2$ mg/L; 10-20% saturación). En total, 741 peces juveniles de $54,2 \pm 11,0$ g pertenecientes a 40 familias de hermanos completos, y 457 peces *smolt* pertenecientes a 44 familias de hermanos completos fueron evaluados en agua dulce (FW) y agua de mar (MW), respectivamente. Todos los peces fueron genotipificados con un microarreglo de SNP de 62 K. La heredabilidad estimada para TLOE fue de magnitud media (h^2 FW = 0,23; h^2 MW = 0,22) observando una gran variabilidad entre familias. Veintiocho SNP significativos fueron asociados a la tolerancia a la hipoxia en 10 de los 29 cromosomas del salmón del atlántico. El SNP más significativo codifica para la proteína Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase, la cual promueve la expresión del factor inducible a la hipoxia (HIF-1) en humanos. Estos resultados permiten concluir que la tolerancia a la hipoxia es un rasgo poligénico en salmón del Atlántico y que la selección genómica podría ser aplicada para reducir los efectos perjudiciales de la hipoxia en campo.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt Regular N° 1231206; Proyecto Fondecyt postdoctorado N° 3240697; Proyecto PUCV Asociativo Universidad – Empresa N° 39.365/2023

GMA 9

ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO Y PREDICCIÓN GENÓMICA DEL COLOR DE FILETE EN SALMÓN ATLÁNTICO

Rueda Calderón M.A.¹, J. Gallardo-Matus¹, C. Soto², A. Romero², N. Delgado¹, P. Rivera¹. ¹Laboratorio de genética y Genómica Aplicada, Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile; ²Área de Investigación y desarrollo, Salmones Camanchaca, Chile. maria.rueda.c@pucv.cl

El color del filete es un rasgo comercial clave en el salmón del Atlántico, influenciado por factores como el sexo, la maduración sexual y la alimentación. La cepa Lochy de salmón del Atlántico, conocida por su rápido crecimiento, presenta alta variabilidad en este rasgo a nivel familiar por lo que surge una oportunidad para mejorar el color y calidad del filete mediante mejora genética. Este estudio tiene como objetivo identificar Polimorfismos de Nucleótido Único (SNP) asociados al color del filete y la capacidad de usar estos polimorfismos para aplicar técnicas avanzadas de selección genómica en reproductores. Un total de 1.194 peces (589 hembras y 605 machos) de 200 familias pertenecientes a la cepa Lochy del programa de mejora genética de Salmones Camanchaca fueron cultivados en el mar y analizados para el color del filete. El color del filete se midió con una cámara digital y con el *software* QMCOLOR y se expresó como una variable cuantitativa que oscilaba entre 20 (color bajo) y 34 (color alto). Todos los peces fueron genotipificados con un *array* de SNP de 62 K. El GWAS y los valores genéticos (*breeding values*) se estimaron utilizando los paquetes de R GMMAT y BGLR respectivamente, mientras que la capacidad predictiva se evaluó a partir de una validación cruzada (5 k-fold). La media del color del filete en la población de estudio fue de $24,4 \pm 0,94$ (hembras) y de $24,0 \pm 0,98$ (machos). La heredabilidad fue de 0,29 y la varianza genética de los marcadores SNP significativamente asociados al rasgo varió entre 8,6% y 26,4% (Cromosoma Ssa26) y entre 6,8% y 7,0% (Cromosoma Ssa29). La capacidad predictiva medida como la correlación entre los *breeding value* y los valores fenotípicos varió entre 0,72 y 0,79 en las poblaciones de entrenamiento, pero solo entre 0,32 y 0,44 en las poblaciones de prueba. Como se ha descrito previamente en otras cepas, los SNP significativos identificados en el cromosoma Ssa26 estuvieron asociados a genes que participan en el metabolismo (oxidación) de los carotenoides. Otros algoritmos de predicción usando *machine learning* están siendo evaluados para mejorar la capacidad predictiva del color del filete en esta cepa.

Financiamiento: PCI Chile – Sweden N°CS2018 -7993, Genomics of Coinfection of Pathogens in Salmonid Fish, 2019–2023; Proyecto I+D maduración y color, Salmones Camanchaca

GMA 10

CARACTERIZACIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE DEL SALMÓN DEL ATLÁNTICO DURANTE LOS PROCESOS DE VACUNACIÓN Y ESMOLTIFICACIÓN EN CONDICIONES DE CAMPO

Torrealba D.¹, P. Valenzuela², F. Ramirez³, M. Azúa³, D. Beltrán³, A. Romero⁴, C. Soto⁴, J. Gallardo-Matus², L. Mercado³.

¹Instituto de Ciencias de la Ingeniería, Universidad de O'Higgins, Chile; ²Laboratorio de Genética y Genómica Aplicada, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV), Chile; ³Grupo de Marcadores Inmunológicos en Organismos Acuáticos, PUCV, Chile; ⁴Salmones Camanchaca, Chile. debora.torrealba@pucv.cl

Los procesos de vacunación, esmoltificación y siembra de salmones en el mar producen estrés y afectan el estatus inmunológico de los peces en cultivo. El objetivo de este estudio fue explorar cómo estos procesos inciden en la respuesta inmune del salmón del Atlántico en condiciones de campo. Para ello, se muestrearon 120 peces durante el proceso de vacunación contra *Piscirickettsia salmonis*, tomando muestras a los 5, 7, 14 y 21 días post-vacunación. Además, se muestrearon 120 durante la esmoltificación y siembra de peces desde una piscicultura de agua dulce a un centro de engorda en el mar. En este proceso de tomaron muestras a 1, 15 y 30 días post-traslado. En ambos casos, se evaluó la expresión génica de marcadores de la respuesta inmune en riñón anterior a través de RT-PCR. Durante la vacunación encontramos evidencias de una disminución de la expresión de genes antiinflamatorios como *inos* y *cox2*. También observamos una activación de la respuesta innata y la inmunosupresión de *anxa1* probablemente inducida por estrés. En el caso de la esmoltificación se observó una tendencia inicial a la supresión de la respuesta inmune con la expresión de los genes *anxa1*, *il10* y *tgfb*. Posteriormente, se observó una respuesta proinflamatoria con la expresión de los genes *il1β*, *cox2* e *inos*. En la esmoltificación hubo una alteración de la inmunidad y se observaron patrones de expresión de genes relacionados con estrés. Nuestros resultados contribuyen al conocimiento de la respuesta inmune durante los procesos de vacunación y esmoltificación bajo condiciones de campo, confirmando nuestra hipótesis de que estos procesos alteran el estatus inmunológico de los peces, probablemente debido al estrés.

Financiamiento: Fondecyt iniciación N° 11240684; Universidad de O'Higgins