



Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias

<http://rccp.udea.edu.co>

RCCP

Genética y Mejoramiento

Análise dos genes β -defensina I e IV em búfalos no estado de São Paulo¹

Analysis of genes β -defensin I and IV in buffalo in the state of São Paulo

Henry Cardona Cadavid^{2,3}, Zoot MSc (c)PhD; Humberto Tonhati⁴, Zoot MSc DSc.

¹Pesquisa financiada pela FAPESP 05/58468-1.

²Universidade do estado de São Paulo, UNESP/Jaboticabal.

³Grupo de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. henrycadavid@gmail.com

⁴Professor do departamento de Zootecnia – UNESP/Jaboticabal

As defensas são um importante componente do sistema imune inato dos mamíferos, o qual provê uma barreira inicial na superfície da mucosa, olhos, vias respiratórias, pele e úbere. As defensas têm mostrado um amplo espectro antimicrobiano contra a atividade de bactérias gram positivas e gram negativas, fungos e vírus. Nos últimos anos, tem se estudado vários genes pertencentes ao grupo das defensas; tendo se encontrado que elas podem atuar contra bactérias que demonstraram resistência a um amplo arsenal de antibióticos. Isto reflete grande importância no setor leiteiro devido a que a mastite ainda é a doença mais frequente e sua principal causa são as infecções bacterianas. O objetivo deste estudo foi pesquisar possíveis polimorfismos na sequência amplificada dos genes β -defensina I e IV e no caso de encontrar estes polimorfismos, estabelecer a associação dos genótipos com a contagem de células somáticas (SCC) de cada uma das búfalas analisadas. O trabalho se desenvolveu utilizando 132 búfalas da raça Murrah de diferentes regiões do estado de São Paulo. A SCC foi estimada a partir de amostras coletadas no dia do controle leiteiro e esta contagem foi considerada como indicador de status de saúde do úbere. Para o estudo molecular dos genes e posterior genotipificação das búfalas, utilizou-se a técnica de PCR/RFLP. Para as ampliações dos genes β -defensina I e IV foram utilizados oito pares de primers com base na sequência de bovinos e búfalas depositadas no Genbank (Primer A: acesso AF016539; primer B, C, D, E e F: acesso AF008307; primer G: acesso EF489402 e primer H: acesso DQ886701) e posteriormente digeridas com enzimas de restrição (Taq I e Nla III) ou corridas no gel de poliacrilamida ao 10% utilizando a técnica do SSCP. Após conseguir a amplificação de seis dos oito pares de primer, nós fizemos as correspondentes genotipificações com o resultado final de encontrar que todas as amostras foram monomórficas. Com estes resultados não foi possível fazer alguma associação de polimorfismos nas β -defensas com a SCC. Porém, foi importante conseguir amplificados para este gene em búfalos, já que por enquanto não tem nenhum gene completo da β -defensina depositado no Genbank.

Palavras chave: defensas, imunogenética, leite, mastite, murrah.
Key words: defensin, immunogenetic, mastitis, milk, murrah.

Análisis genético en las razas bovinas Hartón del Valle y Lucerna con tres marcadores STRs de la región BoLA

Genetic analysis in Harton del Valle and Lucerna breeds using three STRs markers located in BoLA region

Ángela Graciela Rodas Varela¹, Zoot MSc (c)Dr Sci; Esperanza Trujillo Bravo², Biol MSc; Carlos Vicente Duran Castro³, Ing Agron MSc.

¹Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Doctorado en Ciencias Agropecuarias con Énfasis en Producción Animal Tropical. arodas61@gmail.com

²Profesora Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología. etbravo@epm.net.co

³Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Facultad de Ciencias Agropecuarias. cvduran@palmira.unal.edu.co

Se ha considerado que los bovinos criollos colombianos adaptados durante cinco siglos a las condiciones tropicales, poseen rasgos genéticos que necesitan ser investigados y evaluados a fin de estimular acciones que contribuyan a la conservación, mejoramiento y uso, en sistemas de producción sostenibles y competitivos. La gran mayoría de poblaciones de ganado criollo colombiano se encuentran cercanas a la categoría de vulnerables según la FAO. Dentro de un esquema de mejoramiento y conservación es importante conocer los parámetros genéticos poblacionales como indicadores del estado actual de la misma. En este sentido, la información genotípica de una población de 155 animales de la raza Hartón del Valle (HV) y 227 animales de la raza Lucerna (LUC) fue utilizada para la estimación de parámetros genéticos. El análisis de los datos se realizó utilizando el programa GENEPOP versión 3.3 para calcular las frecuencias alélicas y genotípicas, de equilibrio Hardy Weinberg (EHW) y estimar los estadísticos de Wright. En la población total se identificaron 14, 13 y 10 alelos para los STRs DRB3, DRB1 y CYP2I encontrándose un número efectivo de alelos de 6, 5 y 7, respectivamente. Al comparar la distribución de frecuencias alélicas y genotípicas entre las dos razas se encontró que para los tres loci esta era diferente ($p < 0.01$). Para los tres marcadores se encontró en la población un déficit de heterocigocidad altamente significativo ($p < 0.01$) indicando que esta no se encuentra en EHW. Esto puede deberse al tamaño reducido de las subpoblaciones (HV y LUC) que favorecería el cruce endogámico. Los valores de FIS, FIT y FST para la población oscilaron entre 0.025-0.058, 0.057-0.119 y 0.032-0.067, corroborando las diferencias genéticas entre fincas y grupos raciales. Solo para el marcador DRB3 se encontró estructuración poblacional ($FST > 0.05$) entre razas y ganadería coincidiendo esto con el hecho de que estas subpoblaciones se han mantenido como núcleos puros y que dicho marcador ha sido asociado con mastitis por diferentes autores. La distribución de frecuencias alélicas y genotípicas además de los valores de FST encontrados podrían estar evidenciando la falta de flujo génico entre las fincas las cuales han sido mantenidas en cría cerrada.

Palabras clave: equilibrio HW, estadísticos de Wright, frecuencias alélicas, ganado criollo.

Key words: allelic frequencies, HW equilibrium, native cattle, Wright statistics.

Análisis y frecuencias de los alelos del antígeno leucocitario bovino BoLA DRB3.2 en vacas del hato Paysandú de la Universidad Nacional de Colombia¹

Analysis and Frequency of Bovine Lymphocyte Antigen BoLA DRB3.2 alleles in cows of dairy herd of the hacienda Paysandú of the Universidad Nacional de Colombia

Juan Carlos Zambrano Arteaga², Ing Qco MSc; Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot MV MSc DrSci.

¹Proyecto financiado por la Dirección de Investigación de Medellín (DIME) y el posgrado en Biotecnología de la Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

³Profesor, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia. alherrera@unal.edu.co.

El complejo mayor de histocompatibilidad tipo II, son proteínas transmembrana de las células presentadoras de antígenos, encargadas de presentar los epítomos antigénicos de los patógenos a los linfocitos T ayudadores para activarlos, en el Bovino se llama BoLA (de Bovine Leucocitary Antigen) y se encuentra en el cromosoma 23. En esta investigación fueron genotipificados 91 animales, 66 de raza Holstein y 25 del cruce de razas BON x Holstein (BxH) del Hato Paysandú de la Universidad Nacional. El gen evaluado fue el exón 2 del gen DRB3 del BoLA (BoLA DRB3.2), del cual fueron identificados 27 alelos BoLA DRB3.2 diferentes en la población de estudio mediante las técnicas moleculares PCR-RFLP (digestión con las enzimas RsaI, BstYI y HaeIII) y PCR-SBT (secuenciación). Los seis alelos más frecuentes en la raza Holstein fueron: BoLA DRB3.2*23, 22, 24, 16, 33 y 8 con frecuencias de 15.9, 12.9, 10.6, 10.6, 6.1 y 6.1% respectivamente y los seis alelos más frecuentes para BxH fueron: BoLA DRB3.2*23, 24, 20, 22, 37 y 28 con frecuencias de 20, 14, 12, 8, 8 y 6% respectivamente. Dentro de los 6 alelos más frecuentes, 5 alelos fueron encontrados en la raza Holstein con una frecuencia acumulada de 78.1% en este estudio, dentro de los cuales están: BoLA DRB3.2*8, 16, 22, 23 y 24; estos alelos han sido encontrados dentro de los más frecuentes en la raza Holstein en otros estudios y este perfil alélico es característico solo para ésta raza y es diferente en otras razas. Esta es la primera vez que los alelos BoLA DRB3.2*33, 39, 50 y kba son reportados en la raza Holstein, aunque han sido reportados en otras razas y los alelos iaa, laa y fbd que fueron identificados en el cruce BON x Holstein, no fueron encontrados en la raza Holstein y no existen reportes de la presencia de estos alelos en esta raza aunque los alelos iaa y laa han sido encontrados en la raza Jersey. La hipótesis es que posiblemente estos alelos provengan de raza BON. Este es el primer reporte del alelo fbd en bovinos.

Palabras clave: BoLA, BON x Holstein, histocompatibilidad, Holstein.
Key words: BoLA, BON x Holstein, histocompatibility, Holstein.

Asociación de los alelos del gen BoLA DRB3.2 con características productivas en vacas del hato Paysandú de la Universidad Nacional de Colombia¹

Associations of the alleles the gene BoLA DRB3.2 with production traits in cows of dairy herd of the hacienda Paysandú of the Universidad Nacional de Colombia

Juan Carlos Zambrano Arteaga², Ing Qco MSc; Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot MV MSc DrSci.

¹Proyecto financiado por la Dirección de Investigación de Medellín (DIME), Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

²Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

³Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad

de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia. alherrera@unal.edu.co

Los alelos del gen BoLA DRB3.2 del complejo mayor de histocompatibilidad ha sido asociado con características productivas. En esta investigación fueron genotipificados 91 animales, 66 de raza Holstein y 25 del cruce de razas BON x Holstein (BxH) del Hato Paysandú de la Universidad Nacional. Fueron identificados 27 alelos BoLA DRB3.2 diferentes en la población de estudio mediante las técnicas moleculares PCR-RFLP y PCR-SBT. En todos las vacas se evaluó producción de leche, grasa y proteína, a partir de registros de producción. Se determinaron asociaciones significativas entre los dos grupos raza, por ejemplo, para producción de leche (Kg) por lactancia ajustado a 305 días, la media de producción fue mayor en la raza Holstein con 5.891 Kg, mientras que para BxH fue de 3.745 Kg (P < 0.01). El porcentaje de proteína en leche fue mayor para BxH comparado con la raza Holstein (P < 0.01) con un porcentaje de 3.23%, mientras que en la raza Holstein fue de 2.94%. El porcentaje de grasa en leche fue diferente para los dos grupos raza, siendo mayor en BxH (P < 0.01), con una media de 4,11% y para Holstein 3.23%. Se determinaron asociaciones potenciales de los alelos del gen BoLA DRB3.2 utilizando el modelo de sustitución genética en el cual se empleó el alelo BoLA DRB3.2*24 como alelo de sustitución. El alelo 36 fue asociado con disminución en la producción de leche (Kg) por lactancia ajustado a 305 días en vacas multíparas (P < 0.01), sin embargo también fue asociado con aumento en la producción de grasa (Kg) por lactancia en vacas primíparas (P < 0.01) y con aumento en el porcentaje de grasa en vacas multíparas (P < 0.01), los alelos 8 y 22 también fueron asociados con aumento en el porcentaje de grasa en vacas multíparas (P < 0.10), el alelo 33 fue asociado con disminución en el porcentaje de proteína en vacas primíparas (P < 0.10) y el alelo 16 fue asociado con aumento en el porcentaje de proteína en vacas multíparas (P < 0.10). En vacas BxH, solo el alelo 19 fue asociado con alto porcentaje de grasa en leche (P < 0,05).

Palabras clave: grasa, histocompatibilidad, producción de leche, proteína.

Key words: fatty, histocompatibility, milk production, protein.

Asociación de los alelos del gen BoLA DRB3.2 con mastitis clínica y mastitis subclínica en vacas del hato Paysandú de la Universidad Nacional de Colombia¹

Associations of alleles of the gene BoLA DRB3.2 with clinical and subclinical mastitis in cows of dairy herd of hacienda Paysandú, of Universidad Nacional de Colombia

Juan Carlos Zambrano Arteaga², Ing Qco MSc; Jhair Alexis Varela Zamorano², Zoot; Alejandro Montoya², Zoot; Nancy Rodríguez², Zoot (c)MSc; Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot MV MSc DrSci

¹Proyecto financiado por la Dirección de Investigación de Medellín (DIME), Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

³Profesor, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia. alherrera@unal.edu.co.

En esta investigación fueron genotipificados 91 animales, 66 de raza Holstein y 25 del cruce de razas BON x Holstein (BxH) del Hato Paysandú de la Universidad Nacional. El gen evaluado fue el BoLA DRB3.2 del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC), del cual fueron identificados 27 alelos BoLA DRB3.2 diferentes en la población de estudio mediante las técnicas moleculares PCR-RFLP y PCR-SBT. El alelo más frecuente en el grupo Holstein fue el BoLA DRB3.2*23 con 15,9 y el menos frecuente fue el BoLA DRB3.2*25 con una frecuencia del 0,8%. Para BxH

el más frecuente fue el Alelo BoLA DRB3.2*23 con una frecuencia de 17% y el menos frecuente en este grupo fue el alelo BoLA DRB3.2*2 con 0.5% de frecuencia. En la misma población de estudio, también se evaluó la frecuencia de mastitis clínica y mastitis subclínica. Para determinar la frecuencia de mastitis subclínica, se realizó un estudio prospectivo con 47 animales en producción (35 Holstein y 12 BxH) durante un periodo de una lactancia (180 días intermedios). La frecuencia de mastitis subclínica se determinó mediante la prueba CMT y la frecuencia de esta enfermedad en el Hato Paysandú fue determinada en un 39,4%. Para la raza Holstein fue estimada en 34% y para BxH fue de 56%. Este último grupo tiene más riesgo de adquirir la enfermedad porque se determinó un OR de 4.44 con un IC (95%) de 2,86-6,91. En mastitis clínica la frecuencia de la enfermedad fue determinada a partir de registros clínicos y se determinó en un 9,2% en el Hato Paysandú, para la raza Holstein fue de 9,5% y en BxH de 8,2%. En la asociación de los alelos del gen BoLA DRB3.2 con mastitis subclínica y mastitis clínica, se determinaron asociaciones potenciales utilizando el modelo de sustitución genética en el cual se empleó el alelo BoLA DRB3.2*24 como alelo de sustitución. El alelo BoLA DRB3.2*8 fue asociado con susceptibilidad a mastitis subclínica, OR = 2,13, IC (95%) = 1,11-4,09 y el alelo BoLA DRB3.2*33 con resistencia a esta misma enfermedad OR = 0,38, IC (95%) = 0,16-0,92.

Palabras clave: CMT, histocompatibilidad, RFLP.

Key words: CMT, histocompatibility, RFLP.

Asociación de los alelos del gen BoLA DRB3.2 con metritis y cojera en vacas del Hato Paysandú de la Universidad Nacional de Colombia¹

Associations of the alleles the gene BoLA DRB3.2 with metritis and lameness in cows of dairy herd of the Hacienda Paysandú of the Universidad Nacional de Colombia

Juan Carlos Zambrano Arteaga², Ing Qco MSc; Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot MV MSc DrSci

¹Proyecto financiado por la Dirección de Investigación de Medellín (DIME), Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

³Profesor, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia
alherrera@unal.edu.co

Para correlacionar los alelos del gen BoLA con enfermedades infecciosas importantes en ganadería de leche se eligieron dos entidades clínicas de alta importancia en ganaderías de leche, a partir de DNA de células mononucleares de sangre periférica, fueron genotipificados 91 animales, 66 de raza Holstein y 25 del cruce de razas BON x Holstein (BxH) del Hato Paysandú de la Universidad Nacional. El gen evaluado fue el BoLA DRB3.2 del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC), del cual fueron identificados 27 alelos BoLA DRB3.2 diferentes en la población de estudio mediante las técnicas moleculares PCR-RFLP y PCR-SBT. Los cinco alelos más frecuentes en la raza Holstein fueron: BoLA DRB3.2*23, 22, 24, 16 y 8 con frecuencias de 0.159, 0.129, 0.106, 0.106, 0.061 respectivamente y los cinco alelos más frecuentes para BxH fueron: BoLA DRB3.2*23, 24, 20, 39 y 22 con frecuencias de 0.20, 0.140, 0.120, 0.080 y 0.080 respectivamente. En la misma población de estudio, también se evaluó la frecuencia de metritis y cojera a partir de registros clínicos y se determinó una frecuencia de 22,8% para metritis en el Hato Paysandú, para la raza Holstein fue de 26,6% y en BxH de 11%, el alto porcentaje de vacas con esta entidad clínica en registros puede denotar un sobrediagnóstico en el hato. Este último grupo tiene menos riesgo de adquirir la enfermedad por que se determinó un OR de 0,29 con un IC (95%) de 0,16-0,52. En cojeras la frecuencia de la enfermedad fue determinada igualmente a partir de registros clínicos y se determinó en un 7,9% en el Hato Paysandú, para

la raza Holstein fue de 9,2% y en BxH de 3,7%. En la asociación de los alelos del gen BoLA DRB3.2 con metritis, se determinaron asociaciones potenciales utilizando el modelo de sustitución genética en el cual se empleó el alelo BoLA DRB3.2*24 como alelo de sustitución. El alelo BoLA DRB3.2*18 fue asociado con susceptibilidad a metritis, OR = 2,83, IC (95%) = 0,92-8,70 y el alelo BoLA DRB3.2*22 con resistencia a cojera con un OR = 2,84, IC (95%) = 0,96-8,40.

Palabras clave: PCR, SBT, sustitución genética.

Key words: gene substitution, PCR, SBT.

Asociación de PIT-1 con producción de leche, días abiertos y características lineales en ganado Holstein en Antioquia¹

Relationships between PIT-1 with milk production, days open and type traits in Antioquia Holsteins

Juan David Corrales Alvarez², Zoot (c)Msc; Mario Fernando Cerón Muñoz², Zoot PhD; Elizabeth Quintero Gómez³, Zoot; Manuel Antonio Moreno², Biol (c)PhD; Jhon Jacobo Cañas Álvarez², Zoot (c)Msc; Alejandra Toro Toro², Est Zoot; Jeannie Cerlyn Sepúlveda Restrepo², Est Zoot; Cristina Acevedo Valladares⁴, Est Zoot; Samir Julian Calvo Cardona², Zoot.

¹Proyecto "Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos Holstein y evaluación de animales cruzados de Holstein, Jersey y BON en Antioquia" financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Fondo Nacional del Ganado, Universidad de Antioquia y Corporación Antioquia Holstein.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Directora ejecutiva de la Corporación Antioquia Holstein.

Las características lineales, producción de leche y días abiertos han sido por años características importantes para el mejoramiento en los hatos lecheros, ya que de ellas depende el rendimiento y la rentabilidad del ganadero. Estudios en genética molecular han identificado marcadores genéticos como el PIT-1 que se han encontrado asociado a estas características. El gen PIT-1 activa la expresión del gen de la tirotrópina y prolactina (PRL) y la hormona del crecimiento (GH) esenciales para el desarrollo de la glándula mamaria y la producción de leche. Potencializando de esta manera el gen PIT-1 como marcador genético en características de producción, reproducción y lineales en ganado Holstein. Por lo anterior se hace imprescindible la realización de estudios que contribuyan al conocimiento de la distribución de los polimorfismos del gen en la población, así como su asociación con las características productivas dentro de la misma. Con el desarrollo de este proyecto se determinarán las frecuencias génicas y genotípicas, equilibrio de HW y análisis de asociación entre las variantes genotípicas y génicas y las características lineales, producción de leche y días abiertos del gen PIT-1 en la población Holstein de Antioquia. Se tomarán muestras de registros productivos, reproductivos y evaluaciones lineales de las bases de datos de la Asociación Holstein de Colombia y la Corporación Antioquia Holstein y muestras de sangre de 500 animales y se realizará la genotipificación con los protocolos estandarizados en el laboratorio de Genética y Mejoramiento Animal de la Universidad de Antioquia. Lo anterior permitirá a los productores identificar y seleccionar los individuos que posean los genotipos que resulten asociados con mejores características productivas, reproductivas y lineales, lo que redundará en beneficios para la industria láctea.

Palabras clave: genotipificación, marcadores genéticos, polimorfismos.

Key words: genetic marker, genotyping, polymorphisms.

Avaliação genética de populações naturais e de estoques de um programa de repovoamento de *Piaractus mesopotamicus* utilizando marcadores microssatélites

*Genetic evaluation of *Piaractus mesopotamicus* natural populations and from the broodstocks of a stock enhancement program using microsatellite markers*

Nelson Mauricio Lopera Barrero¹, MVZ MSc Dr; Ricardo Pereira Ribeiro¹, Zoot MSc Dr; Jayme Aparecido Povh², Zoot MSc Dr; Rodolfo Nardez Sirol³, Ocean Msc Dr; Claudete Aparecida Mangolin⁴, Biol MSc Dr.

¹Universidade Estadual de Maringá, Núcleo de Pesquisa PeixeGen, Centro de Ciências Agrárias, Av. Colombo, 5790, Bloco J45, CEP 87020-900, Maringá, PR, Brasil. Fone/Fax: +55 (44) 32618918.

²Universidade Federal de Mato Grosso, Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Rodovia Rondonópolis-Guiratinga, Km 06 (MT – 270), CEP 78735-910, Rondonópolis, MT.

³Gerente de Meio Ambiente, CPFL Geração, SP, Brasil. Fone/Fax: +55 (19) 37563318-37568408.

⁴Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética, Av. Colombo, 5790, Bloco J45, CEP 87020-900, Maringá, PR, Brasil.

As barragens hidrelétricas construídas ao longo dos sistemas hídricos interrompem a dispersão e migração dos organismos aquáticos, afetando principalmente o número de populações de peixes migradores. Como forma de minimizar este impacto, escadas de transposição e programas de repovoamento vêm sendo utilizados, porém, poucas informações e pesquisas sobre o impacto gerado na diversidade genética dessas populações têm sido realizadas. Análises genéticas que permitam estimar essas informações são fundamentais para a conservação das espécies de peixes e do ecossistema. O objetivo deste estudo, utilizando os marcadores microssatélites, foi estimar a diversidade genética de grupos de *Piaractus mesopotamicus* coletados nas escadas de transposição das hidroelétricas de Canoas I (CI) e Canoas II (CII) – rio Paranapanema (Brasil) e de um estoque e uma progênie da Estação de Aquicultura e Hidrologia da *Duke Energy International* (Geração Paranapanema). Amostras de nadadeira caudal de indivíduos do rio (56 peixes) coletados em dois tempos (14/02/09 e 28/02/09) e de 15 reprodutores e 69 larvas destinadas a programas de repovoamento foram analisadas. Os *loci* microssatélite produziram 16 alelos que foram observados em todos os indivíduos. Nenhum alelo foi eliminado no estoque e na progênie e não foram observados alelos exclusivos. Foram observados alelos de alta frequência em todos os indivíduos, porém um alelo de baixa frequência foi observado na progênie. Foi observada uma heteroziguidade observada média similar entre os indivíduos do rio nos dois tempos de coleta (CI14 = 0,7356, CI28 = 0,7361, CII14 = 0,7442 e CII28 = 0,7507), o estoque e a progênie (0,7261 e 0,7287, respectivamente). Foram observados desvios no equilíbrio de Hardy-Weinberg e valores negativos de *F*_{is} com excesso de heterozigotos, indicando ausência de endogamia. As análises de distância e identidade genética, índice de Shannon, *F*_{ST} e AMOVA foram indicativas de baixa diferenciação genética, e conduziram ao agrupamento dos indivíduos do rio, sugerindo que essa espécie está geneticamente estruturada como uma única população. Foi verificada baixa diferenciação genética e altos valores de *N*_m entre os indivíduos do rio, o estoque e a progênie, o que presume a origem comum derivada dos constantes repovoamentos realizados nesse rio a partir dessas populações estocadas.

Palavras chave: conservação genética, diversidade genética, escadas de transposição, *pacu*.

Key words: genetic conservation, genetic diversity, *pacu*, passage ladders.

Caracterización de los sementales de mayor utilización en programas de mejoramiento genético de hatos lecheros del Departamento de Antioquia¹

Characterizing of most using sires in genetic improvement programs for dairy herds in Antioquia Department

Sorany Milena Barrientos Grajales², Zoot (c)MSc; Julian Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro Lopez Herrera³, MV Zoot MSc DrSci.

¹Financiado por Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Cooperativa Colanta Ltda, Universidad Nacional de Colombia.

²Joven Investigadora Colciencias, Maestría en Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Grupo BIOGEM.

³Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM.

En el marco del proyecto estimación del valor de cría de toros nacionales y extranjeros, con base en el despeno de su progénie en condiciones tropicales, se está realizando la identificación de los toros más utilizados en las lecherías de Antioquia y la ubicación de su progénie. El Objetivo principal de esta investigación es caracterizar los hatos lecheros de acuerdo con la utilización de sementales en sus programas de mejoramiento genético y es realizado como tesis de un estudiante de Maestría en Ciencias Agrarias. El análisis inicial comprende la información recolectada en 145 hatos con un total de 8415 animales de los cuales a 3425 (40,7%) se les pudo identificar plenamente el pedigrí, esto debido a que la información registrada en las fincas, como el nombre, código del padre, procedencia del reproductor, etc., es deficientemente almacenada y en algunos casos nula. Los resultados preliminares reportan que 78 toros tienen más de 12 hijas identificadas en los hatos incluidos en el proyecto, de estos, 67 son extranjeros y 11 nacionales, esto demuestra el impacto que en los últimos tiempos han tenido los programas de inseminación artificial. Dentro de la raza Holstein los toros con mayor número de hijas son Fatal CV BL, Corbeil Delco y Ricecrest Monday-ET TL TV (67, 42 y 41 hijas respectivamente) y para la Jersey OF Mannix Rebel, Rock Ella Perimeter y Okura Manhattan (54, 47 y 46 hijas respectivamente); Delco, Monday y Perimeter son de origen canadiense, Fatal es francés, Manhattan neozelandés y Rebel estadounidense; los toros canadienses por lo general mejoran características de tipo, producción y calidad composicional y sanitaria de la leche, los toros europeos son fuertes en mejorar la composición de la leche y los toros estadounidenses se han especializado en aumentar las producciones. Con los resultados de esta investigación se pretende determinar algunas tendencias en inseminación artificial en cada uno de los municipios del departamento involucrados en el estudio, pues la selección de sementales es finalmente lo que determina junto con la heredabilidad de cada característica el progreso genético por generación que se logre en los programas de mejoramiento genético animal.

Palabras clave: pedigrí, progénie, registros, valor de cría.

Key words: breeding value, datafiles, offspring, pedigree.

Caracterización del cerdo criollo del Pacifico colombiano¹

Characterization of the Creole pig of the Colombian Pacific

Julia Victoria Arredondo Botero², Zoot (c)PhD; Luz Ángela Álvarez Franco², Zoot MSc PhD; Jaime Eduardo Muñoz Flores², Ing Agron Esp; Arnulfo Gómez Carabalí², Ing Agron MSc PhD; Andrés Posso², Est Biol; Robertulio González³.

¹Financiado por División de Investigaciones (DIPAL) Nacional de Colombia sede Palmira.

²Universidad Nacional de Colombia sede Palmira.
laalvarezf@palmira.unal.edu.co, jvab777@hotmail.com

³Universidad del Pacífico.

El Plan de Acción mundial sobre los recursos zoogenéticos, adoptado por la comunidad internacional, en el año 2007, establece como un área estratégica prioritaria la caracterización, el inventario y el seguimiento de los riesgos asociados y las tendencias en relación con los recursos locales. En Colombia, los cerdos criollos, descienden de los cerdos ibéricos traídos en el segundo viaje de Colón (1493), que llegaron inicialmente al departamento de Córdoba de donde se dispersaron al resto del país. Actualmente se reconocen tres razas de cerdos criollos: El Zungo, el Casco de Mula y el San Pedroño que han desarrollado mecanismos de ajuste y adaptación al trópico. A diferencia del ganado vacuno, en la región Pacífica colombiana, el cerdo se aclimató y fue rápidamente adoptado por comunidades indígenas y afrodescendientes, constituyendo un elemento de intercambio comercial y de alimentación, sin embargo, es un recurso genético desconocido. Este trabajo busca describir los sistemas de producción, caracterizar morfológica, zootécnica y genéticamente el cerdo criollo del pacífico, en los departamentos del Chocó, Valle del Cauca, Cauca y Nariño. Se realizará una identificación y selección de diferentes comunidades en las que se recolectará y analizará información sobre la ubicación, las características geográficas, socioeconómicas, culturales, el inventario y el sistema de manejo. Una siguiente etapa comprenderá la caracterización fenotípica a partir de una muestra de 50 cerdos tomados al azar de un grupo de animales adultos de ambos sexos, en los cuales se medirán 14 variables y 4 índices zoométricos, un estudio faneróptico y un análisis comparativo con las razas criollas y comerciales reconocidas actualmente. Finalmente, se estudiará la diversidad genética mediante el uso de marcadores microsatélites y se determinará la ancestralidad y diversidad genética mediante la secuenciación directa de dos regiones específicas del ADN mitocondrial, comparando y estableciendo las relaciones filogenéticas con las otras razas criollas de América y razas de origen europeo y asiático.

Palabras clave: ADN mitocondrial, biodiversidad, filogenia, microsatélites, morfología, sistemas de producción.

Key words: biodiversity, mitochondrial DNA, phylogeny, microsatellites, production systems.

Caracterización genética de las poblaciones bufalinas colombianas (*bubalus bubalis*) por medio de marcadores moleculares microsatélites¹

*Genetic characterization of the Colombian population buffaloes (*bubalus bubalis*) using microsatellite molecular markers*

Paula Andrea Ángel Marín^{2,3}, Lic Biol (c)MSc; Mario Fernando Cerón Muñoz^{2,4}, Zoot PhD; Manuel Moreno^{2,5}, Biol MSc; Alba Montoya^{2,4}, Biol MSc; Edwin Martínez Ramírez², Est Biol

¹Proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Fondo Nacional del Ganado, Universidad de Antioquia y Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Maestría en Ciencias Animales, Universidad de Antioquia.

⁴Docente Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia.

⁵Docente Instituto Biología, Universidad de Antioquia.
mceronm@hotmail.com, angelitofugaz@gmail.com

El objetivo de este proyecto es determinar la estructura genética de las poblaciones bufalinas colombianas (*Bubalus bubalis*) mediante el uso de 13 marcadores moleculares microsatélites. Se tomó una muestra poblacional de animales pertenecientes a bufaleras registradas en la

Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos, pertenecientes a los diferentes grupos raciales, tales como: Murrah puro de origen indiano, Murrah de origen Brasileño, Murrah de origen Búlgaro, Mediterráneo y Búfalo Colombiano ubicados en diferentes zonas del país (Caldas, Antioquia, Córdoba, entre otras). Se usó el kit de extracción *Quiagen*, para llevar a cabo la lisis del folículo piloso y la posterior obtención del DNA. Se amplificaron marcadores moleculares microsatélites polimórficos y cuyas secuencias estuvieran presentes en la especie *Bubalus bubalis* distribuidos a lo largo de su genoma, por medio de la técnica Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). La determinación de los genotipos se realizó por electroforesis en geles desnaturizantes de poliacrilamida al 6% y revelados con nitrato de plata. Hasta el momento se tienen estandarizados los microsatélites: BM2113, CSSM38, SPS115 y MGTG7, se han genotipificado 200 individuos de diferentes razas, y se han identificado cuatro, cinco, tres y un alelos, respectivamente. Indicando que hasta el momento, en la especie bufalina, el marcador más polimórfico es el CSSM38, seguido por el BM2113. El microsatélites MGTG7 al presentar un solo alelo en el total de los individuos analizados, muestra una tendencia a ser monomórfico. Sin embargo, es necesario esperar la genotipificación de otros individuos y analizar el comportamiento de estos marcadores. Con esta investigación se espera encontrar diferencias significativas entre las frecuencias de los distintos polimorfismos de cada uno de los marcadores que permitan diferenciar los distintos grupos genéticos (razas) existentes en el país, lo cual permitirá la consolidación de los registros genealógicos de los animal registrados en la Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos.

Palabras clave: búfalos, estructura genética, microsatélites, polimórficos.

Key words: buffaloes, genetic structure, microsatellites, polymorphic.

Caracterización genética del ganado criollo colombiano mediante 27 microsatélites¹

Genetic characterization of the colombian creole cattle by 27 microsatellites

Luz Ángela Alvarez², Zoot MSc PhD; Amparo Martínez³, Dr Farm; Jaime Eduardo Muñoz², Ing Agron Esp; Juan Vicente Delgado³, Dr Vet.

¹Trabajo financiado por Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Universidad de Córdoba, España y Red Conbiand

²Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira.

laalvarezf@palmira.unal.edu.co, jemunozf@palmira.unal.edu.co

³Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España.
ib2mamaa@uco.es, id1debej@uco.es

Colombia posee varias razas reconocidas como ganado criollo: Romosinuano (RMS) y Costeño con Cuernos (CCC) en la Costa Atlántica, Blanco Orejinegro (BON) y Chino Santandereano (CHI) en la zona montañosa, Hartón del Valle (HV) en el Valle del río Cauca, Casanareño (CAS), Caqueteño (CAQ) y San Martinero (SM) en la Orinoquía (Martínez, 2004). Además, se reconocen dos razas colombianas formadas por cruzamiento con ganado criollo: Velázquez (VEL) entre RMS, Brahman Rojo y Red Poll y Lucerna (LUC) entre HV, Holstein y Shorthorn. Con el objetivo de caracterizar la diversidad y las relaciones entre nueve razas criollas y colombianas, se utilizaron 25 muestras de cada una de las razas RMS, CCC, BON, CHI, CAS, CAQ, SM, VEL, 24 de LUC y 22 de HV. Se amplificaron los microsatélites BM1314, ILSTS6, TGLA53, ETH10, ETH225, MM12, CSSM66, TGLA122, CRSRM60, HEL13, INRA23, INRA63, HEL9, BM2113, TGLA227, INRA35, ETH3, HAUT24, ILSTS011, BM1824, ETH185, HAUT27, INRA32, INRA37, BM1818, BM8125 y SPS115. Los genotipos fueron estandarizados según la nomenclatura utilizada en el proyecto europeo

de diversidad bovina (RESGEN), para posteriormente establecer las relaciones entre razas ibéricas y criollas de América Latina. El número promedio de alelos fue 6.68 ± 1.6 y la Heterocigosidad insesgada (He) de 0.72 ± 0.09 , valores altos y similares a los hallados en razas criollas de América. Las razas HV, CAQ y CHI fueron las más diversas mientras que BON y CCC mostraron menor heterocigosidad. Se halló una reducción de la heterocigosidad debido a endogamia intrapoblacional ($F_{IS} = 0.11$, $P < 0.0001$) que superior en RMS, LUC y SM. El F_{ST} global y la diferenciación genética entre pares fueron todos significativos ($P < 0.0001$), indicando que todas las razas pueden ser consideradas unidades genéticas independientes. El diagrama basado en Structure mostró que el agrupamiento con $k=2$, presentó una alta probabilidad de discriminación entre las razas de la costa norte colombiana (RMS y CCC) con respecto a las demás criollas y colombianas. Los datos genéticos indican que una variación genética significativa se mantiene en el GCC, que puede ser utilizada en programas de mejoramiento y conservación.

Palabras clave: *diversidad genética, ganado criollo, microsatélites.*
Key words: *creole cattle, genetic diversity, microsatellites.*

Caracterización histórica del porcentaje de proteína en leche producida en los hatos del municipio de San Pedro Antioquia

Historical characterization of the protein percentage in milk produced in herds from the municipality of San Pedro Antioquia

Rosmary Rivera Correa¹, Zoot; Albeiro López Herrera², Zoot MV MSc DrSci; José Julian Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD.

¹Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín. Investigación realizada durante pasantía en proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y desarrollo Rural y Colanta.

²Profesor, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEN, AA 1779. alherrera@unal.edu.co, jjecheve@unal.edu.co

La producción de proteína láctea es un componente de vital importancia económica para los productores lecheros, de ahí el crédito que ha ganado este componente a nivel nacional y mundial ya que significa un aumento en el pago de la leche para el productor que produzca leche con mayor porcentaje de proteína. El presente proyecto se realizó con los datos históricos de proteína en tanque, de muestras de leche recolectadas de los tanques de almacenamiento del municipio de San Pedro de los Milagros, durante los años 2006, 2007 y 2008, con un total de datos de proteína para los tres años de 90487. La media de porcentaje de proteína en leche de los tres años fue de 3.05 ± 0.101 , un porcentaje relativamente bajo, además se determinó que hubo un efecto altamente significativo ($p < 0.0001$) de la semana de recolección, mes y año de muestreo sobre la el porcentaje de proteína en leche. La correlación negativa existente entre la producción de leche y el porcentaje de proteína se ve reflejado en los meses con mayor precipitación, mayor producción y por tanto menos sólidos. También se encontró una correlación de 21.5% entre el porcentaje de proteína y el porcentaje de grasa. Se concluyó que cada año que va pasando va disminuyendo 0.0991% el porcentaje de proteína en leche, de ahí la importancia de estudiar mas a fondo los factores internos de cada ható que puedan afectar el porcentaje de proteína en leche, un parámetro de pago del producto a los ganaderos.

Palabras clave: *correlación negativa y positiva, porcentaje de proteína.*
Key words: *negative and positive correlation, protein percentage.*

Caracterización productiva y reproductiva del ganado Cebú comercial de la Hacienda La Candelaria

Productive and reproductive characterization of Zebu cattle from La Candelaria Ranch

Yubi E Marín, Zoot; Miguel A Lozano, Zoot; Gustavo A García, Zoot MSc.

Escuela de Producción Agropecuaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia.

Las regiones tropicales reúnen factores ambientales limitantes para lograr niveles adecuados de producción, por ello el monitoreo permanente de diferentes aspectos es de utilidad en la toma de decisiones. Es así como se analizaron los registros de la Hacienda "La Candelaria" ubicada en el municipio de Cauca (Antioquia), con el fin de estudiar los efectos de algunos factores en el comportamiento productivo y reproductivo del ganado Cebú comercial. De las tarjetas individuales de las hembras se tomaron registros de peso al nacimiento, peso al destete, edad de entrada a servicio, edad al primer parto e intervalo entre partos, durante los años 1995 a 2007. Los datos se sometieron a análisis GLM (modelo lineal general) para determinar las variables con efecto en los parámetros evaluados. El Peso al Nacimiento (PN) fue de $29,37 \text{ kg} \pm 3,57$ ($n=718$), el análisis de varianza mostró efecto ($P < 0,01$) sobre la variable año de nacimiento. El peso al destete para machos fue de $178,97 \text{ kg} \pm 20,98$ con una duración de la lactancia de 250,8 días, siendo afectado por el año de parto ($P < 0,01$) y el número de parto ($P < 0,05$). Para las hembras se encontró un peso al destete de $178,75 \text{ kg} \pm 16,8$ y una duración de la lactancia de 281,5 días, con efecto del mes de nacimiento, año de nacimiento, número del parto y grupo racial del padre ($p < 0,01$). La Edad de Entrada a Servicio (EES) fue de $27,518 \pm 3,2$ meses ($n=132$). Se encontró un valor de $41,97 \pm 7,35$ meses ($n=130$) para la característica Edad al Primer Parto (EPP), el análisis de varianza mostró efecto para el período de entrada a servicio ($P < 0,01$). El Intervalo Entre Partos (IEP) encontrado fue de $452,68 \pm 78,27$ días ($n=598$), siendo significativos ($P < 0,01$) los efectos de mes, año de nacimiento y número de parto. Para la característica Índice de Vaca se encontró un valor de $0,42 \pm 0,07$ Kg, siendo significativos ($P < 0,01$) los efectos de año de nacimiento y número de parto. Los resultados demuestran que todos los parámetros productivos y reproductivos se pueden ver afectado por múltiples factores, por tanto se sugiere el análisis de varianza multifactorial, como modelo estadístico apropiado para la evaluación de registros en los sistemas de producción bovina de tipo carne.

Palabras clave: *ganado Cebú, ganado de carne, producción animal, reproducción animal.*

Key words: *animal production, animal reproduction, beef cattle, Zebu cattle.*

Comparación de diferentes modelos matemáticos y estimación de curvas de lactancia para producción de leche y sus constituyentes en bovinos lecheros¹

Comparison of different mathematical models and estimate lactation curves for milk yield and milk constituents in dairy cattle

Jhon Jacobo Cañas Alvarez², Zoot (c)Msc; Mario Fernando Cerón Muñoz², Zoot PhD; Elizabeth Quintero Gomez², Zoot; Juan David Corrales Alvarez^{2,4}, Zoot (c)Msc; Alexander Londoño Fajardo², Zoot; Ivan Dario Guerra Alvarez², Est Zoot; Luz Mery Molina Taborda², Est Zoot; Juan Diego Zuluaga Narvaez², Zoot.

¹Proyecto: "Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos Holstein y evaluación de animales cruzados de Holstein, Jersey y BON en Antioquia" financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, el Fondo Nacional del Ganado, la Universidad de Antioquia y la Corporación Antioquia Holstein.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Directora ejecutiva de la Corporación Antioquia Holstein.

⁴Joven Investigador Colciencias, Ministerio de Agricultura, FEDEGAN y CODI.

La producción lechera en Colombia ha presentado en la última década incrementos inferiores a la de otros países latinoamericanos, debido en parte a la deficiencia de los sistemas productivos y en muchos casos al desconocimiento del comportamiento de la producción lechera bajo condiciones de trópico. Inicialmente con este trabajo se espera modelar la producción de leche, además de los porcentajes de grasa, proteína y sólidos totales, de cada uno de los animales por medio de diferentes modelos matemáticos. De la misma manera, se pretende tener claridad sobre cuál es el modelo matemático que mejor describe las curvas de lactancia en el ganado de leche en los diferentes departamentos del país por medio de los diferentes parámetros de ajuste empleados. Asimismo, se espera encontrar los factores genéticos y no genéticos que afectan la producción de leche, grasa y proteína en las diferentes etapas de la lactancia y determinar que tan significativos pueden llegar a ser. Para esta labor se empleará información de control lechero de más de 500 hatos de los departamentos de Cundinamarca, Antioquia, Valle, Boyacá y Cauca, y se incluirán mediciones individuales de leche, grasa, proteína y sólidos no grasos en 35 haciendas ubicadas en el departamento de Antioquia. Para determinar cuál de los modelos matemáticos proporciona el mejor ajuste se realizarán una serie de pruebas como el coeficiente de determinación, porcentaje de curvas significativas, porcentaje de curvas con el valor más bajo de AIC y BIC, entre otras. Este trabajo permitirá la caracterización de los sistemas de producción; además, servirá de base para futuras valoraciones genéticas y permitirá determinar en un momento dado el rendimiento lechero con respecto a lo esperado para realizar los balances que sean requeridos.

Palabras clave: bovinos, curvas de lactancia, parámetros de ajuste.
Key words: adjustment parameters, cattle, lactation curves.

Comparación de dos sistemas de cruzamientos en bovinos de doble propósito

Comparison of two crossbreeding systems in dual purpose production

Luis Gabriel González Herrera^{1,2}, MVZ MSc; Johanna Ramírez Díaz¹, Zoot; Rusbel Raúl Aspilcueta Bohorquez¹, Zoot MSc; Diana Maryuri Correa Castiblanco², Est MVZ; Andrés Felipe Valencia Hernández², MV; Alba Cristina Espinosa² MVZ.

¹Estudiante de posgrado en Genética e Mejoramiento Animal Universidad Estadual Paulista campus de Jaboticabal, Sao Paulo, Brasil.

²Grupo de investigación en bovinos de la amazonia "GIBA" Universidad de la Amazonia – Florencia – Caquetá. pascu002000@yahoo.es, jhanaun@yahoo.es, raul_rusbel@yahoo.es, dianita505818@hotmail.com, afvalencia@uniamazonia.edu.co, mvz@uniamazonia.edu.co

El sistema doble propósito (SDP) en Colombia es caracterizado por cruzamientos alternos no direccionado de razas cebuínas, europeas y criollas; se retienen todas las hembras sin importar su componente racial y potencial genético para producción de leche (PL) y kilogramos de peso de terneros destetos (TD) afectando parámetros productivos y de rentabilidad. El objetivo del trabajo fue identificar diferencias a nivel productivo y de rentabilidad, entre dos metodologías de cruzamientos en SDP mediante simulación matemática. Fueron utilizados valores medios para PL, TD, edad al primer parto (EPP), intervalo entre partos (IEP) de vacas Holstein, Brahman y sus cruces (F1, ¾ Brahman, 5/8 Holstein, 11/16 Brahman), para simular el comportamiento productivo de dos hatos (H1 y H2) durante 10 años; se calculó el promedio/año de EPP, IEP, TD y rendimiento de destete por vaca (RDV), y promedio/

día de PL, usando el programa EXCEL partiendo de 20 vacas Brahman; en H1 se retienen todas las hembras nacidas en la hacienda producto del sistema de cruzamiento alterno con Toros Holstein y Brahman; en H2 solo se retienen hembras F1, vendiendo todas sus crías al destete; algunas hembras brahman se inseminan con pajillas de toros brahmán, generando hembras F1 de reemplazo. Los cálculos indican que en H1 el promedio de PL aumenta a partir del cuarto hasta el séptimo año (10 kilogramos / día); luego decrece hasta el 10 año (6 kilogramos / día); en H2 aumenta hasta el octavo año; luego permanece constante; en H1 el promedio EPP e IEP presentan altibajos durante el estudio; en H2 el máximo de EPP e IEP aparece al cuarto año; luego decrece y permanece constante a partir del octavo año con valores menores comparado con H1; en H1 el inventario de vacas en ordeño aumenta hasta 95 animales con máximo de RDV de 50%; en H2 el máximo es de 53 vacas en ordeño por RDV de 84%. H2 presentó mejor productividad y rentabilidad. Estas simulaciones ilustran beneficios al implementar alternativas de cruzamientos direccionados a generar mejores, promedios de producción de leche, eficiencia al destete por vaca e ingresos a los productores.

Palabras clave: Brahman, Holstein, parámetros reproductivos, producción de leche, rentabilidad.

Key words: Brahman, Holstein, milk yield, profit, reproductive parameters.

Comparación de la ganancia de peso y el rendimiento productivo de un grupo de vacas con diferentes proporciones raciales Brahman y Aberdeen Angus¹

Comparison of weight gain and productive performance in cows with different proportion of Brahman and Aberdeen Angus breeds

Leydi Johanna Quirama Rojas², Zoot; José Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Jaime Parra Suescun², Zoot MSc.

¹Proyecto Financiado por Asociación Angus Brangus.

²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia.

³Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM.

El sector ganadero ocupa cada vez una posición más importante en el ámbito económico del país, dentro de este la producción bovina de carne se destaca por su crecimiento en volumen y niveles de productividad. La mayor proporción racial del país está conformado por animales de raza Brahman y algunos cruces con otras razas Bos indicus. Estos cruzamientos o grupos genéticos puros se caracterizan por su alta resistencia a condiciones adversas y por la capacidad de tener buenos rendimientos bajo condiciones alimenticias y de manejo extensivas. Algunas razas europeas Bos taurus, como el Aberdeen Angus, han incursionado con éxito en el país logrando posicionarse en el mercado por su alta calidad a nivel de canales y por su rendimiento en lo referente a producción de Kg/hectárea y ganancia de peso diaria. El cruzamiento ha sido la estrategia de algunos ganaderos para explotar la complementariedad de las dos razas mencionadas anteriormente, es así como se buscan animales resistentes que tengan alta capacidad productiva. El objetivo de esta investigación es estimar algunos parámetros productivos como peso al destete, ganancia de peso diaria y edad al sacrificio de un grupo de animales con diferentes proporciones de las razas Aberdeen Angus y Brahman, para determinar finalmente una proporción de sangre ideal que lleve a un rendimiento productivo superior. La investigación esta siendo llevada a cabo en 4 ganaderías ubicadas en Cauca, Tarso, Chigorodó Antioquia y Tierralta, Córdoba con 831 animales con diferentes proporciones de sangre de las razas antes mencionadas. La información corresponde a datos históricos tomados durante los últimos 4 años con la cual se esta efectuando el análisis estadístico. La estimación de las diferencias en los parámetros

para cada uno de los grupos genéticos en estudio serán estimadas mediante un análisis de varianza, llevado a cabo en el paquete estadístico SAS 9.13. Regresiones y correlaciones serán estimadas de acuerdo con los resultados que se vayan generando. Como resultado final se espera aportar al conocimiento del comportamiento de estos cruces y determinar un cruce ideal apto para explotar en las ganaderías del país.

Palabras clave: *Bos taurus*, ganado de carne, razas.

Key words: *Bos taurus*, cattle, breeds.

Consolidación del sistema de registro genealógico y control lechero en cabras de Antioquia, para evaluación genética y montaje de programas de mejora genética¹

Strengthen the system of pedigree registration and control of milk in goats from Antioquia, for genetic evaluation and assembly of breeding programs

Clara V Rúa Bustamante², Zoot; Mario F Cerón Muñoz^{2,3}, Zoot PhD; Alba Montoya^{2,3}, Biol MSc; Yelithaza Idarraga², Est Zoot; Hernán Yezpe^{2,4}, Est MVZ; Lina Marcela Restrepo², Est Zoot; Elkin Arboleda^{2,3}, Zoot Msc; Manuel Moreno⁴, Biol (c)PhD

Proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Universidad de Antioquia y Asocabra Antioquia.

²*Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Antioquia.*

³*Docente Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia.*

⁴*Estudiante Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga.*

La implementación y consolidación del registro genealógico y control productivo en la especie caprina en el departamento de Antioquia, muestra su importancia en el momento que permite obtener todas las informaciones genealógicas, productivas y desempeño de los animales bajo diferentes sistemas de producción con diferentes tipos de manejo y bajo diferentes condiciones climáticas. Nuestra propuesta busca implementar en el departamento un grupo de productores que afiliados a ASOCABRA puedan contar con un control lechero, incluyendo valoraciones de grasa y proteína e iniciar con el registro genealógico de poblaciones caprinas lecheras de Antioquia. El proyecto se inició con visita a cada uno de los apriscos y charlas técnicas a los miembros de ASOCABRA, orientando en la toma de información del protocolo establecido para pesaje de leche, medición de la composición de la leche y una caracterización racial de sus animales. El control lechero se comenzó con los criadores más organizados que por lo menos manejan registros en sus fincas y realizan controles lechero no oficial, realizando una visita cada quince días para pesaje de la leche con balanza electrónica y medición de grasa, proteína y sólidos, utilizando el EKOMILK, con las normas establecidas en el reglamento de control productivo de la Asociación de Caprinoovinocultores de Colombia (ANCO), bajo el sistema A15 o C15 (ICAR 2000) según lo convenido con Asocabra. La información colectada más la información de los registros de genealogía es sistematizada. Hoy en día contamos con 12 productores en Antioquia con el proceso completo de control lechero. Se han muestreado 100 animales de la población caprina de los asociados de ASOCABRA para caracterización genética molecular de las poblaciones y frecuencias de genes asociados a calidad y cantidad de leche. Con la información de genealogía, producción y reproducción del archivo zootécnico caprino de ASOCABRA y las informaciones de los perfiles genéticos, se comenzará a realizar la valoración genética de los animales para producción de leche utilizando modelos animales multiraciales y la estimación de los componentes de varianza, con el fin de valorar productiva y genéticamente la población caprina en evaluación.

Palabras clave: *identificación animal, parámetros genéticos.*

Key words: *animal identification, genetic parameters.*

Desempeño reproductivo de las razas Holstein y Jersey y el producto de sus cruzamientos

Reproductive performance of Holstein and Jersey breeds and their crosses products

Victoria Eugenia Salazar¹, Adm Emp Agrop; Jaime Eduardo Parra Suescún², Zoot MSc (c)PhD; José Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD.

¹*Corporación Universitaria Lasallista.*

²*Profesor, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia.*

El sector lechero es uno de los de mayor desarrollo en los últimos años y es importante en cuanto a su aporte al PIB. Las razas con el mayor inventario son: Holstein y Jersey, siendo las de mayor producción y composición láctea respectivamente. Aunque la producción de leche ha sido el propósito más importante en los programas de mejoramiento genético, algunos estudios demuestran que la eficiencia reproductiva declina cuando aumenta la producción, incrementándose los desordenes reproductivos y la proporción de vacas descartadas. Las dos principales estrategias de mejoramiento genético son selección y cruzamiento, siendo este último la estrategia más rápida cuando se desea mejorar características de baja heredabilidad (reproductivas). El objetivo de este trabajo fue comparar reproductivamente las razas Holstein y Jersey con algunos de sus cruces. El trabajo se realizó en un hato lechero ubicado en el Municipio de Belmira (Antioquia), el cual contaba con la información productiva histórica (siete años previos a la investigación) y actual. Se utilizaron un total de 582 animales (A) con 2316 lactancias (L) distribuidos de la siguiente manera: Holstein (383A y 1555L), Jersey (100A y 403L), F1 Holstein*Jersey (77A y 296L), 75% Holstein (5A y 19L) y 75% Jersey (17A y 43L). Finalmente se determinó la rentabilidad económica con cada uno de los grupos genéticos. Las diferencias entre los parámetros días abiertos (DA), servicios por concepción (SC) e intervalo entre partos (IEP) fueron analizadas mediante el Proc Anova del paquete estadístico SAS@ 9.0. Para DA e IEP, los animales Jersey presentaron ($P < 0.01$) los mayores valores (199 y 485 días respectivamente), mientras que los individuos 75% Jersey presentaron los menores valores (134 y 406 días respectivamente), el Holstein tuvo un desempeño promedio (152 y 437 respectivamente). Para SC, los individuos Jersey presentaron la mayor ($P < 0.01$) cantidad (2.7), mientras los animales 75% Jersey obtuvieron la menor (1.8). Los animales 75% Jersey presentaron ($P > 0.01$) los mayores ingresos por crías/año (1.182.204\$). Los individuos 75% Jersey deben ser considerados al momento de definir la composición racial de las explotaciones ganaderas, ya que poseen excelente desempeño reproductivo y alta resistencia a factores climáticos y de manejo desfavorables.

Palabras clave: *cruzamiento, hatos lecheros, mejoramiento genético, variables reproductivas.*

Key words: *crossing, dairy herds, genetic improvement, reproductive variables.*

Detección de polimorfismos de nucleótido simple en los genes MYF5, PDE1B e IGF1 y su importancia en crecimiento corporal en ganado criollo Romosinuano¹

Detection of single nucleotide polymorphisms in MYF5, PDE1B and IGF1 genes and its importance in body growth in the Romosinuano creole cattle

Ríos Rodríguez Marcela², Lic Biol (c)MSc; Ariza Botero Fernando², MV MSc PhD; Barahona Rosales Rolando³, Bsc MSc PhD; Moreno Diana Jennifer⁴, Bact; Castro Susan², Bact; Santana Rodríguez Martha Oliva⁶, Zoot (c)MSc; Medina Pedro Julio⁵, MVZ MSc

¹Colciencias, Sena, Corpoica

²Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia sede Bogotá, Colombia. mriosr@unal.edu.co, mfarizab@unal.edu.co

³Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias sede Medellín, Colombia. rbarahonar@unal.edu.co

⁴Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Agronomía, sede Bogotá

⁵Programa Fisiología y Nutrición Animal. Corpoica, Km 14 vía Mosquera, Cundinamarca

⁶Programa Fisiología y Nutrición Animal, Corpoica, CI Turipaná, Cérete, Cordoba

Para incluir las razas criollas dentro de los programas de mejoramiento destinados a incrementar la calidad de la producción cárnica, se deben utilizar tecnologías como la Selección Asistida por Genes, la cual se ha convertido en una herramienta de apoyo a los programas de mejoramiento tradicionales. Mediante la identificación de genes asociados con características de crecimiento evaluadas por metodologías no invasivas como la ultrasonografía del área de ojo del lomo (*Longissimus dorsi*) y la grasa de cobertura, permiten realizar estudios de composición y calidad cárnica de los animales. En el presente estudio se evaluaron polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) de los genes *MYF5*, *PDE1B* e *IGF1* asociados a características de crecimiento y calidad de la canal, medidas éstas mediante el ultrasonido en una población de 73 individuos de la raza Romosinuano. Los datos de asociación fueron analizados utilizando un análisis de varianza con el procedimiento GLM del programa estadístico SAS V9.0 teniendo como efectos: genotipo, padre y época. Se encontró que el modelo fue significativo para el efecto de padre ($p \leq 0.0001$) en los tres marcadores para las características relacionadas con espesor de grasa dorsal y del anca a los 12 y 16 meses. Para las otras características de crecimiento (peso al nacimiento, peso a los 12 meses y 16 meses, área del ojo de lomo a los 12 y 16 meses) no se encontraron diferencias significativas. Igualmente se calculó el efecto de la sustitución alélica para el marcador *MYF5* presentándose un incremento positivo sobre las medias de los pesos: peso0m 30.98+0.10 kg, peso9m 182.13 +2.16 kg, peso12m 208.73+4.02 kg y peso16m 232.61+4.63 kg observándose un aumento superior a 4 kg sobre las medias para estas dos últimas características. Los resultados del presente estudio indican que el ultrasonido puede utilizarse para evaluar las características fenotípicas relacionadas con grasa. El genotipo 11 del marcador *MYF5* presentó una tendencia favorable para la característica de peso al nacimiento mientras que los mayores valores en el efecto de sustitución alélica encontrados para el genotipo 22 permitirían utilizar estos parámetros como factores a tener en cuenta para seleccionar animales que presenten este genotipo.

Palabras clave: deposición de la grasa, fenotipo, marcadores moleculares, SNPs, ultrasonido.

Key words: fat deposition, molecular markers, phenotype, SNPs, ultrasound.

Determinación de las frecuencias alélicas y genotípicas del gen CD18 en vacas Holstein y su asociación con características de importancia económica¹

Identification of allelic and genotypic frequencies of CD18 gene in Holstein dairy cows and their association with characteristics of economic importance

Sorany Milena Barrientos Grajales², Zoot (c)MSc; Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, MV Zoot MSc PhD

¹Financiado por Dirección Nacional de Investigación, Universidad Nacional de Colombia

²Joven investigadora Colciencias, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Grupo BIOGEM

³Profesor Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM

La producción lechera en el país ha ido adquiriendo una alta importancia económica para el sector agropecuario, el alto aporte de la ganadería al PIB del 12% es garantía de ello. La enfermedad que mayor impacto económico tiene sobre la ganadería de leche es la mastitis, que es la inflamación de la glándula mamaria, esta genera altas pérdidas económicas y tiene alta incidencia en los hatos del país; aparte de esta, uno de los problemas más comunes en los hatos es el nacimiento de crías débiles con desarrollo muy lento que generalmente mueren a edades tempranas, esta situación en muchos casos se da por la presencia de una enfermedad llamada BLAD (deficiencia en la adhesión leucocitaria bovina), la cual es causada por una mutación en el gen CD18, que modifica el receptor de los leucocitos, de modo que pierden su capacidad de fijarse a las paredes vasculares para llegar al tejido infectado, como consecuencia, los bovinos afectados no pueden combatir enfermedades bacterianas comunes. El BLAD ha sido atribuido a la presencia de un alelo recesivo, existiendo individuos portadores sanos, enfermos y libres. El objetivo de esta investigación es determinar las frecuencias alélicas y genotípicas del gen CD18 y su asociación con algunas características sanitarias y productivas en ganado Holstein lechero y es realizado como tesis de grado de un estudiante de Maestría en Ciencias Agrarias. Para el logro de los objetivos se han tomado muestras de sangre a 500 animales de diferentes hatos lecheros del norte de Antioquia y se realizó la extracción de DNA por el método de salting out, para posteriormente poder realizar el análisis molecular a través de PCR-RFLP. El Análisis de datos históricos y seguimiento periódico para resistencia/susceptibilidad a mastitis a los hatos en estudios se realiza en la actualidad con el objetivo de clasificar fenotípicamente y correlacionar estos resultados. El análisis estadístico será realizado mediante el procedimiento GLM de SAS 9.1. Estos resultados permitirán conocer el estatus del gen CD18 en algunos hatos lecheros de Antioquia y plantear un programa de selección vía MAS, aumentando la frecuencia de los alelos correlacionados con factores positivos.

Palabras clave: BLAD, genotipificación, leche, mastitis

Key words: BLAD, genotyping, mastitis, milk

Determinación de las frecuencias alélicas y genotípicas del gen Lactoferrina en vacas Holstein lecheras¹

Identification of allelic and genotypic frequencies of lactoferrin gene in Holstein dairy cows

Nancy Rodríguez Colorado², Zoot (c)MSc; Julián Echeverri Zuluaga³, Zoot MSc; Albeiro López Herrera³, MV Zoot MSc PhD

¹Financiado por Dirección Nacional de Investigación, Universidad Nacional de Colombia

²Maestría en Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Grupo BIOGEM

³Profesor Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM

La producción lechera representa un porcentaje creciente del producto interno bruto del país, esto evidencia la importancia de su estudio para lograr una mayor rentabilidad y condiciones competitivas, para tal fin es fundamental ampliar los conocimientos y buscar nuevas herramientas que permitan al productor disminuir costos mejorando parámetros sanitarios. El gen que codifica para la lactoferrina (LFT) juega un papel crucial en este sentido. La lactoferrina es una proteína presente en leche y otros fluidos biológicos de los mamíferos con actividad bacteriostática y bactericida. El gen lactoferrina fue mapeado en el cromosoma 22q24. El GenBank presenta un fragmento del gen en el cual se localiza una mutación, el lugar de ese cambio se reconoce por la enzima de restricción EcoRI. En el locus de LFT, se han reportado dos alelos, A y B que codifican tres posibles genotipos: AA, AB, y BB; Las frecuencias de los alelos encontrados en estudios previos fueron 0.755 y 0.245 para A y B, respectivamente. Al cabo

de una generación de panmixia las frecuencias alélicas y genotípicas del locus no varían, es decir, la población está en equilibrio Hardy Weinberg, este equilibrio permanece mientras no actúe la selección natural ni ningún otro factor y no se produzca ninguna mutación. El objetivo del presente estudio es determinar las frecuencias alélicas y genotípicas del gen lactoferrina como también el equilibrio Hardy Weinberg en una población de vacas Holstein del departamento de Antioquia y es realizado a su vez como tesis de grado de un estudiante de Maestría en Ciencias. El estudio se realiza en 500 vacas de la raza Holstein en lecherías especializadas del departamento de Antioquia de las cuales se extrae ADN y se les realiza una posterior genotipificación usando la técnica de PCR-PFLPs usando como primers Directo: 5'-GCC TCA TGA CAA CTC CCA CAC-3' Reverso: 5'-CAG GTT GAC ACA TCG GTT GAC-3'. Las frecuencias alélicas y genotípicas serán calculadas como la proporción del alelo o el genotipo sobre el total de alelos o genotipos observados, y será el primer paso en la búsqueda de asociación entre este gen y algunas características de interés económico

Palabras clave: análisis molecular, genotipificación, polimorfismo.
Key words: genotyping, molecular analysis, polymorphism.

Determinación del coeficiente de consanguinidad de las razas Holstein y Jersey en hatos lecheros del departamento de Antioquia

Determination of the coefficient of inbreeding of Holstein and Jersey breeds in dairy herds in Antioquia Department

Sebastián Montoya Uribe¹, Est Zoot; Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

²Profesor Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM

El mejoramiento genético consiste en elegir animales de mayor potencial genético como reproductores futuros, en los últimos años la intensidad de selección ha sido tan alta que ha llevado a elegir animales con ascendencia común, aumentando el coeficiente de consanguinidad de los hatos, un ejemplo es la raza Holstein, se cree que actualmente posee un 16% de los genes del toro Chief y un 14,5% del toro Elevation y hoy en día en el mundo hay pocos toros superiores genéticamente que no tienen Chief o Elevation en su pedigrí. Indudablemente esto ha contribuido a grandes éxitos en la raza, pero también ha producido un aumento alarmante en el nivel de consanguinidad. Esta en el año 1976 presentaba coeficientes de consanguinidad de 3,8%, pero en 1990 aumento a 5,1%. Y se han estimado valores de 9.7% para el 2020. En la raza Jersey, se han pronosticado niveles del 9% de consanguinidad para el 2010. Es un hecho comprobado que incrementos del 1% en el coeficiente de consanguinidad deprime la producción lechera en 37 kilos para la primera lactancia, deprimen la fertilidad y disminuye el vigor. El objetivo del presente estudio es determinar y comparar los coeficientes de consanguinidad para las razas Holstein y Jersey de algunos hatos lecheros de Antioquia. Se utilizará la información de pedigrí de 145 hatos de Antioquia de los cuales se obtuvo registro de pedigrí de 3.425 vacas de las razas Holstein y Jersey. El coeficiente de consanguinidad se calculará mediante la expresión matemática $F(X)=1/2^{n+1} * (1+F(ac))$. Para la determinación de los coeficientes de consanguinidad se utilizarán los software SAS 9.13 y Pedigrí Viewer. Las diferencias entre los coeficientes de consanguinidad de las razas se determinarán mediante un análisis de varianza utilizando el mismo software. Se espera encontrar valores de consanguinidad altos y aportar al conocimiento de este tema, con el objetivo final de concienciar a los productores de la importancia de manejar correctos registros de pedigrí que ayuden al control de este parámetro.

Palabras clave: cruzamiento, depresión consanguínea, mejoramiento genético, selección.

Key words: crossover, genetic improvement, inbreeding depression, selection.

Diversidad genética de líneas comerciales de cuyes *Cavia porcellus* Lin. (Rodentia: caviidae) con marcadores moleculares microsatélites¹

Genetic diversity in guinea pig commercial lines Cavia porcellus Lin. (Rodentia: caviidae) using microsatellite molecular markers

William Burgos², Zoot (c)Msc; Mario Cerón Muñoz², Zoot PhD; Carlos Solarte³, Zoot PhD; Manuel Moreno^{2,4}, Biol (c)PhD.

¹Proyecto financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación de la Universidad de Antioquia -CODI- y la Fundación Universitaria San Martín.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Grupo de Investigación en Producción y Sanidad Animal, Universidad de Nariño, Pasto, Colombia.

⁴Laboratorio de Genética Animal, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

williamobur@agronica.udea.edu.co tel. 57-4-2199111

El cuy es una especie ampliamente distribuida en países de la región andina, como Bolivia, Ecuador, Perú y Colombia; debido a su fácil manejo, precocidad y excelente fuente de proteína animal. En Colombia juega un papel preponderante en la economía de muchas familias del departamento de Nariño. En los últimos 50 años se ha llevado a cabo programas de selección genética, cruzamientos absorbentes hacia líneas mejoradas e intercambio de material genético entre países y regiones. Gracias a la gran información que se obtiene con el uso de marcadores codominantes tales como los microsatélites, se plantea el objetivo de determinar la diversidad genética dentro y entre las poblaciones comerciales de cuyes y estimar la distancia genética existente entre las poblaciones criollas y mejoradas presentes en el departamento de Nariño. Para alcanzar este objetivo se colectó muestras de pelo de individuos pertenecientes a las diferentes líneas de cuyes existentes en diferentes zonas del departamento de Nariño y se les extrajo ADN por el método de fenol cloroformo modificado para la especie. Se amplificaron 6 marcadores microsatélites siguiendo las recomendaciones reportadas por Asher et al, 2008, y los fragmentos serán visualizados en geles de poliacrilamida al 6% teñidos con nitrato de plata. Se espera encontrar valores bajos de Heterocigocidad especialmente en las poblaciones criollas, por ser este un núcleo con un bajo tamaño efectivo, además de confirmar la separación existente entre las líneas criollas y mejoradas seleccionadas por mérito genético.

Palabras clave: *Cavia porcellus*, distancia genética, heterocigocidad.
Key words: *Cavia porcellus*, genetic distance, heterocigosity.

Diversidad genética y ancestría del ganado Hartón del Valle mediante ADN mitocondrial¹

Genetic diversity and ancestry of the "Hartón del Valle" cattle by mitochondrial DNA

Luz Angela Alvarez Franco², Zoot MSc PhD; Víctor Julio Vera Alonso³, DMV MSc PhD; Heiber Cárdenas Henao⁴, Biol MSc (c)PhD; Guillermo Barreto Rodríguez⁴, Biol MSc PhD; Jaime Eduardo Muñoz Flores², Ing Agron Esp

¹Financiado Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Universidad del Valle, Cali

²Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira

³Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá

⁴Universidad del Valle, Cali, Valle del Cauca

El Hartón del Valle (HV), es una raza adaptada a las condiciones del Valle del Cauca que está catalogada como “vulnerable”, cuya población ha descendido drásticamente en los últimos dos años. Debido al futuro incierto y la importancia como recurso potencial en la seguridad alimentaria regional se abordó el estudio de la diversidad, la estructura genética y la ancestría del HV, mediante ADN mitocondrial (ADNmt). Se amplificó y secuenció un fragmento de 350 pb en 72 animales HV, provenientes de nueve poblaciones y de controles de las razas Brahman y Holstein. Para analizar la ancestría las secuencias fueron comparadas con 560 secuencias de 50 razas *Bos taurus* y *Bos indicus*, depositadas en el GenBank. De acuerdo con su origen español, se encontró una marcada influencia del ADNmt europeo (91.7%) y baja participación de taurinos de origen africano (5.5%) y del cercano Oriente (2.7%). La diversidad haplotípica promedio fue 0.65 ± 0.05 . El más antiguo fue el único que mostró los tres linajes mitocondriales; sin embargo, éste ha sido liquidado recientemente. Se observó proximidad entre el HV con las razas colombianas Romosinuano, y Costeño con Cuernos. La comparación con las secuencias depositadas en el GenBank con diferentes razas reveló la presencia de 37 haplotipos, de los cuales siete fueron únicos en el HV. Las razas ibéricas más cercanas al HV fueron: Tudanca, Rubio Gallego, Negra Serrana, Murciana, Pajuna, Avileña Garonesa y Mertolenga. El árbol filogenético confirmó la ancestralidad ibérica y la influencia africana en las razas criollas de América Latina.

Palabras clave: *filogenia, ganado criollo, haplotipos, linajes.*

Key words: *creole cattle, haplotypes, lineages, phylogeny.*

DNA polymorphism of tissue inhibitor of metalloproteinases-3 gene and its association with meat quality traits in cattle

Polimorfismos de ADN del gen Tejido inhibidor de las metalloproteinases-3 y su asociación con características de calidad de carne en el ganado

Fernando Ariza Botero¹, MV MSc PhD; Roger D Drinkwater³, BSc PhD; Blair E Harrison², BSc MSc; Richard Kerr⁴, BSc PhD; Yutao Li², BSc PhD

¹Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio de Genética de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia sede Bogotá

²Siro Livestock Industries and Beef CRC, Level 5 Queensland Bioscience Precinct, 306 Carmody Road, St Lucia, Qld 4067, Australia

³Xenome P/L, Indooroopilly, Qld, Australia

⁴Animal Genetics and Breeding Unit, University of New England, Armidale, NSW 2351, Australia

One of the major concerns in the meat industry has been the identification of the causes of meat toughness variation. The exact mechanisms that influence beef toughness are complex and are not fully understood. New strategies to produce meat of greater tenderness have had limited success, since meat quality traits are polygenic and are also subject to numerous environmental factors. Connective tissue, which plays a significant role during the animal's life and during muscle ageing, comprises a gravimetrically small part of muscle. These two stages have a large effect on the eating quality of meat. The aim of this study was to identify informative markers involved in muscle connective tissue turnover in order to assess the relationship between variation in the putative candidate gene and the intron compression test (one objective measurement of connective tissue structure within striated muscle). The candidate gene approach was applied nominating the Metalloproteinases (MMP) and tissue inhibitor of metalloproteinases (TIMP) as enzymes that regulate the degradation of components of the extracellular matrix,

mostly collagen and the proteoglycans. A primary candidate gene, the tissue inhibitor of metalloproteinases 3 (TIMP3) was investigated in the present study for its effect on meat toughness. Two single nucleotide polymorphisms were identified from the intron 3 (TIMP3-Int3) and the 3' UTR (TIMP3 -3'UTR) of bovine TIMP3 within two half-sib populations consisting of the progeny from three F1 Charolais x Brahman sires crossed with a composite dam herd (CSIRO families) and the progeny of seven purebreeds: Brahman, Santa Gertrudis, Angus, Belmont Red, Shorthorn, Hereford, and Murray Grey (CRC families). Associations were detected between the homozygous TIMP3-Int3 genotype classes and the intron compression trait in Longissimus dorsi muscle within the CRC population (0.18 kg/in^2 , $p < 0.01$). Similarly, significant associations were detected between TIMP3 -3'UTR genotype classes and intron compression in Longissimus dorsi muscle within the CSIRO population (-0.016 kg/in^2 , $p < 0.01$). The TIMP3 locus demonstrated to have the potential to be used as a genetic predictor for meat quality traits. However, further studies should be conducted in order to detect mutations in translated regions that result in phenotypic variation of meat quality traits.

Key words: *connective tissue, intron compression, SNPs, univariate analysis.*

Palabras clave: *análisis univariado, fuerza de compresión, SNPs, tejido conectivo.*

Efecto del peso al primer parto sobre la vida productiva y rentabilidad por unidad animal en un hato lechero del Oriente antioqueño

Effects of weight of first calf on productive life and profitability in a dairy herd in Antioquia department

Nicolás Cárdenas Ruiz¹, Est Zoot; Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc; Jaime Parra Suescun², Zoot MSc.

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

²Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín. Grupo BIOGEM.

La rentabilidad de la producción de leche en el país se ve cada vez más afectada por los altos costos, la variación en los precios de concentrado y fertilizante afecta directamente el rendimiento económico de la actividad productiva. Disponer en el hato de animales eficientes se constituye en uno de los principales objetivos de los ganaderos. La eficiencia la determinan tanto la producción de leche como el desempeño reproductivo, es decir, se requieren animales que produzcan altos volúmenes de leche, buena composición y que se reproduzcan de manera adecuada logrando altos parámetros de rentabilidad por vida útil. Esta investigación es presentada como trabajo de grado de la carrera de zootecnia y tiene como objetivo principal determinar el efecto del peso al primer parto sobre los parámetros asociados a la rentabilidad por animal, estos son rentabilidad vaca por lactancia, número de lactancias por vida, vida útil y rentabilidad vaca vida. Para la investigación se utilizaron aproximadamente 1200 lactancias correspondientes a más de 350 vacas con registros históricos del hato Paysandu. La información correspondiente a los parámetros productivos y reproductivos de los animales con más de una lactancia y durante toda su vida será organizada y analizadas con el paquete estadístico SAS 9.1. El análisis estadístico será realizado utilizando el método de regresión para determinar el efecto de las variables independientes sobre la rentabilidad por vaca y el parámetro de vida productiva, la significancia de los efectos sobre la variable en estudio será determinada mediante el procedimiento GLM del mismo software. En la actualidad la información está siendo recopilada y organizada de acuerdo con los requerimientos del

análisis estadístico, y se está revisando la bibliografía que soporte la investigación. Se espera encontrar un efecto claro del peso al primer parto sobre la vida útil y la rentabilidad de la unidad animal, que ayude a los ganaderos a establecer con base en las condiciones específicas de cada hato una política de servicios conducente a disminuir los costos de producción y mejorar la rentabilidad total de la explotación.

Palabras clave: ganadería de leche, parámetros administrativos.

Key words: management parameters, milk herds.

Efecto del peso y la edad al primer parto sobre los parámetros productivos y reproductivos en un hato de ganado Holstein lechero

Effects of weight and age of first calf on productive and reproductive parameters in Holstein cows

Nicolás Cárdenas Ruiz¹, Est Zoot; Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD; Guillermo Correa Vasquez³, Ing Msc PhD.

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

²Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM.

³Profesor, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

Los altos costos de producción han sido una de las limitantes para la explotación lechera en Colombia, uno de los rubros más importantes es el levante de los reemplazos, estos deben ser aproximadamente 20% anual y el costo de mantenimiento depende de lograr un peso o edad de servicio adecuados en corto tiempo, sin afectar el desempeño productivo y reproductivo futuro. Algunos países han realizado investigaciones al respecto, en Colombia por el deficiente manejo de la información no existe investigaciones relevantes en el tema. El objetivo principal de esta investigación es determinar el efecto del peso y la edad al primer servicio sobre la producción de leche en primera lactancia, persistencia, días abiertos, servicios por concepción e intervalo entre partos, y se presenta como tesis de grado de la carrera de Zootecnia. La muestra corresponde a datos históricos del hato Paysandu, en el Corregimiento de Santa Elena. La producción en primera y los parámetros reproductivos del intervalo entre la primera y segunda lactancia de 350 vacas serán evaluados mediante un análisis de regresión multivariada para determinar el efecto del peso y edad sobre la producción de leche. Un análisis de varianza será utilizado para determinar el efecto de estas variables sobre los parámetros reproductivos. Los datos serán ajustados por el peso adulto alcanzado por las vacas. Se tendrá en cuenta parámetros como año y época de nacimiento para analizar las variables de ganancia de peso y realizar ajustes en el caso de encontrar efectos significativos que afecten la confiabilidad de la investigación en los objetivos que se pretenden evaluar. La investigación en el momento avanza en la organización de las bases de datos y recopilación de la información enfatizando en la veracidad de los datos capturados por los funcionarios del hato. Dentro de los resultados se espera encontrar un parámetro confiable para establecer la política del hato en cuanto a peso y edad al primer servicio. Además se pretende que otros hatos puedan utilizar los resultados de esta investigación para mejorar el manejo de sus explotaciones en términos de levante de novillas y obtener resultados productivos superiores a los actuales.

Palabras clave: días abiertos, producción de leche, servicios por concepción.

Key words: inseminations for pregnancy, milk yield, open days.

Efectos ambientales en el comportamiento del ganado de lidia

Environmental effects in the behavior of bullfighting cattle

David Calero Quintero^{1,2}, Zoot MSc (c)PhD; Carlos Vicente Durán Castro², Ing Agr MSc; José Reinel Uribe Ceballos², Ing Sist Esp.

¹Doctorado en Ciencias Agropecuarias con énfasis en Producción Animal Tropical.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira.

davca2107@hotmail.com, cvduranc@palmira.unal.edu.co, jruribec@palmira.unal.edu.co

Se realizó un estudio en una ganadería de lidia colombiana de encaste Santacoloma para determinar el efecto de las variables ambientales plaza, tipo de festejo, picador y matador sobre las principales características de comportamiento observadas frente al caballo y al torero durante la tiente de hembras y la lidia de machos. Las variables analizadas comunes en ambos sexos, fueron: prontitud y recargar en el caballo, y en la muleta fijeza, prontitud, distancia, recorrido, humillar, repetir, alegría, ir a más, fondo, fuerza y ausencia de defectos. El número total de individuos analizados fue de 1.559 con 864 hembras y 695 machos. Toda la información se recopiló y procesó con el software para ganaderías bravas "DeLidia" y para determinar los efectos ambientales se realizaron ajustes mediante el procedimiento de Modelos Lineales Generales (PROC GLM) del paquete estadístico SAS. Las edades promedio fueron de 23,6 meses a la tiente y 45,0 meses a la lidia. El sexo no presentó ningún tipo de efecto lo cual puede indicar que la evaluación de las variables etológicas comunes presenta cierta uniformidad entre hembras y machos y que las diferencias existentes pueden deberse en gran medida a otros factores propios de las faenas de tiente o de lidia. La plaza tuvo efectos altamente significativos ($P < 0.01$) en las variables repetir y alegría en la muleta; se presentaron efectos significativos ($P < 0.05$) en las variables fijeza y humillar en la muleta, nota en la muleta del estudio y global del ganadero. El tipo de festejo presentó efectos altamente significativos para las variables fijeza, prontitud, repetir, alegría y nota del estudio en la muleta; hubo efectos significativos en distancia y fondo en la muleta. El picador fue altamente significativo en prontitud al caballo, repetir en la muleta y global del ganadero; fue significativo en las variables de prontitud, fuerza, ausencia de defectos y nota del estudio en la muleta. El matador fue altamente significativo en las variables de fijeza, recorrido, repetir y alegría en la muleta; fue significativo para la nota del estudio en la muleta.

Palabras clave: efectos ambientales, etología, notas de lidia, notas de tiente.

Key words: environmental effects, ethology, notes for lidia, notes for tiente.

Efectos de la consanguinidad sobre parámetros productivos y reproductivos en algunos hatos lecheros del Departamento de Antioquia

Effects of inbreeding on productive and reproductive parameters in some dairy herds in Antioquia Department

Sebastián Montoya Uribe¹, Zoot; Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD; Jaime Parra Suescun², Zoot MSc (c)PhD.

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

²Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM.

La consanguinidad surge al aparear individuos que presentan entre sí alguna relación de parentesco produciendo aumento en la homocigosis de las poblaciones, y es con el fin de perpetuar en las siguientes generaciones aquellos caracteres deseables de la ganadería que este método se ha implementado en el mejoramiento animal. Además de los efectos positivos, la consanguinidad también trae consigo problemas trascendentales que afectan de manera significativa la producción bovina, aumentando la frecuencia de defectos letales y otras anomalías genéticas debido a la homocigosis de genes recesivos. Adicionalmente ésta acarrea consigo una declinación de aquellos caracteres tales como fertilidad, tasa de crecimiento, sobrevivencia y producción de leche. Algunas investigaciones han reportado que los niveles críticos de consanguinidad máxima aceptable es de 6,25%, puesto que se ha observado que aumentos por encima de este valor conllevan a deterioro de los parámetros productivos y reproductivos de aquellos hatos. Es por eso que líderes de la industria han dedicado mucho tiempo a hablar de cómo manejar la consanguinidad y de cómo mejorar la diversidad de los pedigrís dentro de la población. El objetivo de esta investigación es determinar el efecto del coeficiente de consanguinidad sobre los parámetros productivos y reproductivos en algunos hatos lecheros ubicados en el Departamento de Antioquia. Se utilizará la información de pedigrí de 145 hatos ubicados en diferentes municipios del departamento de Antioquia de los cuales se obtuvo registro de pedigrí de 3.425 vacas de las razas Holstein y Jersey. El coeficiente de consanguinidad se calculará como la probabilidad de que dos genes presentes en un locus de un individuo sean idénticos por descendencia. Para la determinación de los coeficientes de consanguinidad se utilizarán los software SAS 9.13 y Pedigrí viewer. Todo esto se realizará buscando evaluar el porcentaje de animales consanguíneos y buscando determinar el porcentaje promedio de consanguinidad en el total de los animales mediante regresiones del coeficiente de consanguinidad para cada característica analizada. Los resultados obtenidos permitirán tomar decisiones a posteriori que indiquen hacia donde se deben encaminar el mejoramiento genético de las lecherías del departamento.

Palabras clave: cruzamiento, depresión consanguínea, mejoramiento genético, selección.

Key words: crossover, genetic improvement, inbreeding depression, selection.

Estimación de correlaciones genéticas entre la producción, el día de control y la producción total por lactancia en vacas Holstein

Genetic correlations between test day production and total yield production milk in a Holstein herd

Jorge Humberto Quijano Bernal¹, Zoot MSc; Camilo Montoya Serna², Zoot Esp; Elkin Arboleda Zapata³, Zoot MSc.

¹Grupo Biogem, Universidad Nacional de Colombia, Medellín.
jhquijan@unalmed.edu.co

²Universidad Nacional de Colombia, Mejoramiento Animal.
cmontoya@unalmed.edu.co

³Grupo Genética y Mejoramiento, Universidad de Antioquia, Medellín.
elkinarbol@agronica.udea.edu.co

En los últimos tiempos se han buscado modelos que requieren utilización de poca información que permitan estimación de parámetros, como la producción en el día de control (test day) para poder realizar una adecuada selección de los mejores individuos. Nuestro objetivo fue estimar las correlaciones genéticas entre la producción de leche real en el día de control y la producción real total por lactancia en vacas Holstein, pertenecientes al Centro Paysandú de la Universidad Nacional de Colombia. Lo anterior con el propósito de encontrar los puntos de mayor

relación entre el día muestreado y la producción total. Para tal efecto se utilizaron 298 lactancias entre los años 1984 a 2000, considerándose un total de 831 animales en la matriz de parentesco. Los componentes de varianza y covarianza, necesarios para la estimación de parámetros genéticos y la predicción de los valores genéticos de los animales para la característica en estudio, fueron obtenidas por el método de máxima verosimilitud restringida (REML), utilizándose el programa MTDFREML (Boldman *et al*, 1995). Se utilizó un modelo animal con registros repetidos donde y es el vector de observaciones para producción de leche el día de la muestra (30, 60, 90, 120, 150, 180, 210, 240, 270 días y producción real total), se incluyó además como efectos fijos la época de parto, el año de nacimiento y el número de parto y la covariable duración de lactancia para la producción real total. Las correlaciones genéticas entre los días de la muestra y la producción real total, se obtuvieron correlacionando los valores genéticos para cada día de la muestra con la producción real total. Los valores obtenidos para dichas correlaciones fueron todos altos y significativos (0,81; 0,81; 0,86; 0,90; 0,91; 0,92; 0,85; 0,82 y 0,67 para P30, P60, P90, P120, P150, P180, P210, P240 y P270 respectivamente, con respecto a Ptotal). Los valores de heredabilidad variaron entre 0,04 y 0,40; siendo los mayores valores correspondientes a los rangos entre P90 y P120. Se concluye que los períodos comprendidos entre 90 a 180 días, son los que presentan mayores correlaciones, encontrándose igualmente los mayores valores de heredabilidad.

Palabras clave: heredabilidad, mejoramiento animal, producción de leche, repetibilidad, valores genéticos.

Key words: animal breeding, breeding values, heritability, milk production, repeatability.

Estimación de la heredabilidades de características etológicas expresadas durante la lidia en el ganado de lidia

Estimation of heritabilities of ethological traits shown during the lidia in bullfighting cattle

David Calero Quintero^{1,2}, Zoot MSc (c)PhD; Carlos Vicente Durán Castro², Ing Agr MSc; José Reinel Uribe Ceballos², Ing Sist Esp.

¹Doctorado en Ciencias Agropecuarias con énfasis en Producción Animal Tropical.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira.
davca2107@hotmail.com, cvduranc@palmira.unal.edu.co,
jruibec@palmira.unal.edu.co

Se realizó un estudio en dos ganaderías de lidia colombianas de encastes Santacoloma (GESC) y Parladé (GEP) respectivamente desagregando el comportamiento de los machos lidiados en las principales características etológicas observadas durante la lidia, para estimar los índices de herencia (h^2) de cada una de ellas. Para GESC la mitad de las características identificadas correspondieron al comportamiento del animal en el capote, en el caballo y en banderillas, la otra mitad al comportamiento en la muleta. En el capote se consideraron: fijarse pronto, recorrido y humillar; al caballo: prontitud, recargar, no dolerse y encelamiento; en banderillas: prontitud, perseguir y no dolerse; en la muleta: seriedad, fijeza, prontitud, distancia, recorrido, humillar, repetir, alegría, fondo, fuerza y defectos. Para GEP las variables fueron: nota al caballo (NC), nota a la muleta (NM), nota de fuerza (FZA) y nota de lidia (NL). El número total de individuos analizados fue de 784 donde 533 fueron de GESC y 251 de GEP. Toda la información se recopiló y procesó con el software para ganaderías bravas "DeLidia", con el que además se evaluó el comportamiento de los animales de GESC durante la lidia empleando el método de evaluación por reseña (MER) consistente en el seguimiento de las características a través de los resúmenes escritos del ganadero. Las heredabilidades se estimaron por el método de hermanos medios paternos, empleando 32 y 31 padres respectivamente, teniendo en cuenta únicamente aquellos sementales

con un número igual o mayor de 5 hijos. Las edades promedio a la lidia fueron de 45,0 y 38,64 meses, respectivamente. Para GESC los rangos de h^2 de las características etológicas de la primera mitad de la lidia fluctuaron entre $0,03 \pm 0,074$ y $0,51 \pm 0,168$ para fijarse pronto en el capote y prontitud en banderillas respectivamente. En la mula los valores estuvieron entre $0,075 \pm 0,084$ y $0,341 \pm 0,138$ para las características ausencia de defectos y fondo. La nota de lidia tuvo un valor de $0,522 \pm 0,170$. Para GEP los valores de h^2 fueron de NC: $0,00 \pm 0,10$, NM: $0,11 \pm 0,17$, FZA: $0,28 \pm 0,20$ y NL: $0,04 \pm 0,15$.

Palabras clave: *etología, ganado de lidia, heredabilidades, notas de lidia.*

Key words: *bullfighting cattle, ethology, heritabilities, notes for lidia.*

Estimación de la heredabilidad de características etológicas expresadas durante la tiente en el ganado de lidia

Estimation of heritabilities of ethological traits shown during the tiente in bullfighting cattle

David Calero Quintero^{1,2}, Zoot MSc (c)PhD; Carlos Vicente Durán Castro², Ing Agr MSc; José Reinel Uribe Ceballos², Ing Sist Esp.

¹Doctorado en Ciencias Agropecuarias con énfasis en Producción Animal Tropical.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. davca2107@hotmail.com, cvduranc@palmira.unal.edu.co, jruribec@palmira.unal.edu.co

Se realizó un estudio en dos ganaderías de lidia colombianas de encastes Santacoloma (GESC) y Parladé (GEP) respectivamente donde se desagregó el comportamiento de las hembras en las principales variables etológicas observadas durante la faena de tiente, para estimar los índices de herencia (h^2) de cada una de ellas. Para GESC las variables identificadas se dividieron considerando el comportamiento del animal frente al caballo y frente al torero. En el caballo se consideraron: fijeza, prontitud, distancia, alegría, recargar, humillar, ir a más, fuerza y ausencia de defectos; en la mula: fijeza, prontitud, distancia, recorrido, humillar, repetir, alegría, ir a más, fondo, fuerza y ausencia de defectos. Para GEP las variables fueron: nota al caballo (NC), nota a la mula (NM), nota de fuerza (FZA) y nota de tiente (NT). El número total de individuos analizados fue de 1.106 donde 786 fueron de GESC y 320 de GEP. Toda la información se recopiló y procesó con el software para ganaderías bravas "DeLidia", con el que además se evaluó el comportamiento de los animales de GESC durante la tiente empleando el método de evaluación por reseña (MER) consistente en el seguimiento de las variables a través de los resúmenes escritos del ganadero. Las heredabilidades se estimaron por el método de hermanos medios paternos, empleando 38 y 30 padres respectivamente, teniendo en cuenta únicamente aquellos sementales con un número igual o mayor de 5 hijos. Las edades promedio a la tiente en las dos ganaderías fueron de 23,6 y 27,5 meses, respectivamente. Para GESC los rangos de h^2 de las variables etológicas en el caballo fluctuaron entre $0,093 \pm 0,073$ y $0,5 \pm 0,141$ para ir a más y fijeza respectivamente. En la mula los valores estuvieron entre $0,017 \pm 0,051$ y $0,345 \pm 0,115$ para las variables distancia y repetir. Las notas al caballo, a la mula y de tiente tuvieron valores de $0,26 \pm 0,105$, $0,231 \pm 0,098$ y $0,257 \pm 0,105$ cada una. Para GEP los valores de h^2 fueron de NC: $0,17 \pm 0,15$, NM: $0,16 \pm 0,14$, FZA: $0,15 \pm 0,25$ y NT: $0,21 \pm 0,15$.

Palabras clave: *etología, ganado de lidia, heredabilidades, notas de tiente.*

Key words: *bullfighting cattle, ethology, heritabilities, notes for tiente.*

Estimación de parámetros genéticos entre el peso al nacimiento y al destete en un hato de ganado Brahman

Estimation of genetic parameters between birth and weaning weight in Brahman herd

Jorge Humberto Quijano Bernal¹, Zoot MSc; Elkin Arboleda Zapata², Zoot MSc; Jorge alexander Muñoz Betancur³, Zoot.

¹Grupo Biogem, Universidad Nacional de Colombia, Medellín. jhquijan@unalmed.edu.co

²Grupo Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Antioquia, Medellín. elkinarbol@agronica.udea.edu.co

³Universidad Nacional de Colombia, Medellín.

Con el objetivo de realizar una evaluación genética para seleccionar machos y hembras basados en los efectos directo y materno, se estimaron parámetros genéticos de peso al nacimiento (PN) y al destete (PD) en un hato Brahman, perteneciente al Centro Cotové, de la Universidad Nacional de Colombia, Medellín. Se utilizaron 138 vacas paridas entre los años 1.988 a 2.007, considerándose en total 640 animales en la matriz de parentesco. Cotové, está ubicado en el municipio de Santafé de Antioquia, en una zona de bosque seco Tropical (bs-T), con temperatura promedio de 24°C y precipitación de 1.500 mm, distribución de lluvias bimodal. Las componentes de (co) varianzas fueron obtenidas por el método REML, utilizándose el programa MTDFREML (Boldman *et al*, 1.995). Se utilizó un modelo animal bicaracterístico con efectos materno y ambiental permanente, donde y es el vector de observaciones para PN y PD, como efectos fijos se incluyeron número de parto, sexo y covariables para PD, el PN y edad al destete (ED). Los promedios obtenidos fueron $30,88 \pm 4,16$ kg, $193,82 \pm 26,93$ kg y 243 ± 28 días para PN, PD y ED respectivamente. Los estimados de (co) varianzas y los parámetros genéticos fueron: $\sigma^2_{a_1} = 1,82$; $\sigma^2_{ep_1} = 0,15$; $\sigma^2_{e_{1c}} = 11,3$; $\sigma^2_{m_1} = 4,33$; $\sigma^2_{p_1} = 15,21$; $COV_{a_1m_1} = -2,37$; $h^2_0 = 0,12 \pm 0,10$; $h^2_m = 0,28 \pm 0,12$; $r_0 = 0,13 \pm 0,001$; $r_m = 0,29 \pm 0,001$; $r_{a_1m_1} = -0,85 \pm 0,51$ para PN y para PD: $\sigma^2_{a_2} = 134,94$; $\sigma^2_{ep_2} = 43,57$; $\sigma^2_{e_{2c}} = 351,60$; $\sigma^2_{m_2} = 22,01$; $\sigma^2_{p_2} = 551,21$; $COV_{a_2m_2} = -1,00$, $h^2_0 = 0,24 \pm 0,16$; $h^2_m = 0,04 \pm 0,003$; $r_0 = 0,32 \pm 0,16$; $r_m = 0,12 \pm 0,16$; $r_{a_2m_2} = -0,02 \pm 1,5$. Las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre PN y PD fueron respectivamente: $r_{A_{1,2}} = 0,53 \pm 0,49$, $r_{P_{1,2}} = 0,03$ y $r_{E_{1,2}} = -0,11$. Estimados de valores genéticos para efectos directos y maternos de PN y PD variaron respectivamente: $+3,6$ a $-4,7$ kg, $+21,4$ a $-22,3$ kg, $+4,5$ a $-3,6$ kg, y $+3,6$ a $-4,7$ kg, con confiabilidades entre 13 y 82%. Los parámetros genéticos fueron de medios a bajos. Las correlaciones entre efectos directos y maternos fueron negativas. La correlación genética entre PN y PD fue alta. Para PD fue mayor el efecto directo que el materno. Se evidenció la necesidad de incrementar el tamaño poblacional para obtener evaluaciones genéticas más confiables.

Palabras clave: *correlaciones genéticas, efecto ambiental permanente, efecto materno, heredabilidad, repetibilidad.*

Key words: *genetic correlations, heritability, maternal effect, permanent environment effect, repeatability.*

Estimativas de parámetros genéticos productivos y reproductivos en bovinos de la raza Blanco Orejinegro

Estimation of genetic productive and reproductive parameters in the orejinegro cattle

Luis Gabriel González Herrera¹, MVZ MSc (c)PhD; Diana Maryuri Correa Castiblanco², Est MVZ; Yina Paola Castillo Santofimio², Est MVZ; Leidy Esthefania Tamayo Buitrago², Est MVZ; Soley Burbano Marín², Est MVZ; Felipe Buitrago Sanín³.

¹Doctorado en Genética e Mejoramiento Animal Universidad Estadual Paulista campus de Jaboticabal, Sao Paulo, Brasil. pascu002000@yahoo.es

²Grupo de investigación en bovinos de la amazonia "GIBA",
Universidad de la Amazonia, Florencia, Caquetá. dianita505818@
hotmail.com, yinpao87@yahoo.com.ar, ledyta25@hotmail.com,
lunitaconsentida123@hotmail.com

³Hacienda Bohemia, La Virginia, Risaralda. haciendaboheemia@yahoo.com

En trabajos de mejora genética es indispensable registrar características con impacto económico; en bovinos, la respuesta genética se percibe a largo plazo; es necesario alternativas para evaluar animales en edades tempranas, buscando agilizar procesos de selección. Referente a razas bovinas Criollas Colombianas, se cuenta con pocos registros. Sin embargo, este recurso genético, necesita de mayor difusión de sus ventajas comparativas con otras razas, por lo que se deben utilizar metodologías que permitan usar la información recolectada para direccionar procesos de selección de características de interés económico. El objetivo de este trabajo fue identificar características de alta correlación genética con características reproductivas, las cuales servirán como criterio de selección buscando agilizar la respuesta a la selección. Fueron analizados registros de peso al nacimiento, destete, año, primer servicio y primer parto, ganancias diarias de peso (gdp) entre estos pesajes y edades al primer servicio (EPS) y primer parto (EPP), de 170 animales de la raza Blanco Orejinegro, nacidos entre 1994 y 2008, pertenecientes a la Hacienda Bohemia, localizada en el municipio de La Virginia, Risaralda; se uso de programa estadístico SAS para el análisis de varianza entre todas las características (PROC GLM), investigando la relación existente entre características de peso y ganancias diarias de peso con EPS y EPP; fueron calculadas correlaciones genéticas (regresión madre hija Falconer & Mackay, 1996) y heredabilidades (Stalder & Saxton, 2004) para cada una de las características usando el procedimiento Mixed (SAS 2003). Las variables con mayor significancia respecto a EPS y EPP, fueron las gdp entre nacimiento y destete (gdnd) y entre el primer año y el primer servicio (gpdaps); los valores de correlación genética variaron de -0,62 a 0,80; las heredabilidades oscilaron entre 0,10 y 0,56; gdnd y gpdaps presentaron mayor correlación genética con EPS y EPP; gdnd presento la mayor heredabilidad. Estos resultados preliminares sugieren que las gdnd y gpdaps deben ser tenidas en cuenta, buscando seleccionar hembras con menores edades para características reproductivas, lo que puede verse reflejado en hembras con edades más tempranas al inicio de la pubertad y del parto, al igual que madres con mejor desempeño materno representada en gdnd.

Palabras clave: correlación genética, edad al primer servicio, ganancia de peso diaria.

Key words: age of first calving, daily weaning of weight, genetic correlation.

Estructura filogeográfica de poblaciones de cuyes (*Cavia porcellus*) en Colombia y su relación con poblaciones de Suramérica¹

Phylogeography structure of guinea pigs (*Cavia porcellus*) populations in Colombia and its relationship with populations of South America

William Burgos², Zoot Est Msc; Mario Cerón Muñoz², Zoot PhD;
Carlos Solarte³, Zoot PhD; Manuel Moreno^{2,4}, Zoot (c)PhD.

¹Proyecto financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación de la Universidad de Antioquia -CODI- y la Fundación Universitaria San Martín.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Grupo de Investigación en Producción y Sanidad Animal, Universidad de Nariño, Pasto, Colombia.

⁴Laboratorio de Genética Animal, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

El cuy es un mamífero roedor originario de la zona andina de Bolivia, Colombia, Ecuador y Perú. Se ha estimado que su domesticación por los antiguos nativos de la región tuvo lugar hace 2500 a 3600 años, quienes los mantenían en cautiverio y utilizaban su carne como alimento. Este género se encuentra distribuido ampliamente en Suramérica, desde Venezuela hasta Argentina en rangos que oscilan entre los cero y 4500 msnm. El cuy ha jugado un papel muy importante en la seguridad alimentaria de las familias del sector rural de la región andina, y en Colombia, es además una importante fuente de ingresos, especialmente en los departamentos de Nariño, Cauca y Putumayo. Algunos autores reportan que esta especie ha sufrido varias etapas de domesticación, como la formación de los individuos criollos, la domesticación y formación de los animales de laboratorio y el proceso de selección y mejoramiento actual. Este último trajo consigo la formación de diversos núcleos de animales a lo largo de Suramérica, con características tanto fenotípicas como productivas altamente diferenciadas, buscando alcanzar altos parámetros productivos. Múltiples estudios han tratado de establecer cual es la relación entre las diferentes líneas de cuyes en Suramérica, donde se evidenció la separación de las líneas criollas y mejoradas por causa del mejoramiento genético. En Colombia estudios con marcadores moleculares, han mostrado la existencia de diferenciación genética entre las líneas comerciales, provocada por el ingreso de reproductores foráneos y su cruzamiento con las líneas criollas existentes, suponiendo la pérdida de este importante material genético. El objetivo de este trabajo es establecer la relación filogeográfica de las líneas de cuyes de Colombia con las existentes en otros países productores tales como Bolivia Ecuador y Perú mediante la comparación de secuencias del gen Citocromo B del ADN mitocondrial. El ADN se extraerá de muestras de pelo. Con esta información se pretende aumentar la información disponible a cerca de la diversidad genética de las poblaciones de cuyes en Colombia y promover un programa de conservación de las líneas criollas.

Palabras clave: citocromo B, criollo, domesticación, mejoramiento genético.

Key words: creole, cytochrome B, domestication, genetic improvement.

Estudio de la diversidad genética de cabras criollas utilizando marcadores moleculares RAMs

Diversity genetic study of goat native using molecular markers RAMs

Ángela María Vinasco, Zoot; Nini Johana Vivas, Zoot; Luz Ángela Álvarez, Zoot MSc PhD; Andrés Mauricio Posso, Biol; Jaime Eduardo Muñoz, Ing Agr.

Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. amvinascom@palmira.unal.edu.co, njvivasa@bt.unal.edu.co, laalvarezf@palmira.unal.edu.co, amposso@palmira.unal.edu.co, jemunozf@palmira.unal.edu.co

La cabra fue introducida en Colombia por los españoles durante la conquista, (Salazar, 2007). Es un animal difundido en casi todas las regiones de Colombia, se usa sistema tradicional de crianza, que es el de subsistencia, con poca migración genética entre poblaciones, aislamiento por barreras naturales y ausencia de selección. El objetivo de este estudio fue conocer la variación al interior de grupos localizados en una misma región y compararlos con los de regiones diferentes para permitir orientar programas futuros de mejoramiento. Las muestras de caprinos fueron tomadas en Montería (Córdoba), Tuluá (Valle del Cauca) y Palmira (Valle del Cauca). Se utilizaron 5 cebadores RAMs (Random Amplified microsatellites) (AG, CA, TG, CT, CCA), y se realizó la amplificación vía PCR utilizando diferentes temperaturas de hibridación dependiendo de los cebadores utilizados. La visualización de las bandas se realizó en geles de poliacrilamida al 6% (relación acrilamida bisacrilamida 37:1). Los cebadores más polimórficos fueron AG y CCA con 100% porcentaje de loci polimórfico y He de 0.40 y 0.47 respectivamente. Se encontró una alta diversidad genética (He = 0.35). Se encontró una distancia de

Dice Nei-Li de 0,15 entre Palmira y Tulúa, mientras que los grupos con mayor distancia genética entre si fueron Palmira y Montería con 0,22. El análisis de las poblaciones para todos los cebadores utilizados se realizó en el programa NTSYS mediante el índice de Dice – Nei li, con el cual se lograron diferenciar tres grupos a un nivel de similitud de 0.70. El primer grupo conformado por 3 individuos de Montería, el segundo grupo por 2 individuos de Palmira y un tercer grupo por 18 individuos de Montería, 4 de Tulúa y 3 de Palmira.

Palabras clave: *cebadores, nivel de similitud, PCR, RAMs.*

Key words: *PCR, primers, RAMs, similarity level.*

Evaluación comparativa de los parámetros reproductivos de los grupos genéticos Brahman, Aberdeen Angus y algunos de sus cruces

Comparative evaluation of reproductive parameters in genetic groups Brahman, Aberdeen Angus and some crosses

Leydi Johanna Quirama Rojas¹, Zoot; José Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD; Guillermo Henao², MV MSc

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia.

²Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM

El cruzamiento de razas es una de las estrategias de mejoramiento genético de mayor utilización en las ganaderías de carne en Colombia. Este favorece características de baja heredabilidad, que dependen en baja proporción de la genética aditiva y a que su variación fenotípica es atribuida en gran proporción al ambiente y a algunos efectos genéticos no aditivos. Los días abiertos, intervalo entre partos, servicios por concepción y días parto primer servicio, son características cuya heredabilidad es cercana al 10%, por lo que individuos cruzados tendrían una ventaja comparativa con respecto a individuos puros, además de esto, la mayor expresión de la heterosis se logra cuando las razas que se cruzan están genéticamente muy distanciadas como el caso de *Bos taurus* y *Bos indicus*. El objetivo de esta investigación es comparar los parámetros reproductivos de individuos de las razas Aberdeen Angus, Brahman y algunos cruces en diferentes proporciones raciales, con el fin de identificar el cruce con mejor desempeño en condiciones de manejo típicas de las ganaderías del país. Los datos corresponden a 831 vacas procedentes de cuatro ganaderías ubicadas en Cauca, Taro y Chigorodó en el departamento de Antioquia, y a histórico recolectada en los últimos cuatro años en las respectivas unidades productivas. Esta información será analizada a través de análisis de varianza para determinar la existencia o no de efecto significativo del grupo genético sobre los parámetros reproductivos de mayor importancia para las ganaderías. Con los resultados se pretende aportar al conocimiento de el desempeño reproductivo de estos cruzamientos y aportar en la búsqueda de un grupo racial apropiado para las condiciones específicas de las explotaciones del País.

Palabras clave: *Bos Taurus, ganado de carne, razas.*

Key words: *Bos Taurus, breeds, cattle.*

Evaluación de la susceptibilidad a mastitis mediante tres marcadores microsatélites situados en la región bola en las razas Hartón del Valle y Lucerna

Evaluation of mastitis susceptibility using three microsatellite markers located in BoLA region in Harton del Valle and Lucerna breeds

Ángela Graciela Rodas Varela¹, Zoot MSc (c)Dr Sci; Esperanza Trujillo Bravo², Biol MSc; Carlos Vicente Duran Castro³, Ing Agron MSc.

Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Doctorado en Ciencias Agropecuarias con énfasis en Producción Animal Tropical. arodas61@gmail.com

²Profesora Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología. etbravo@epm.net.co

³Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Facultad de Ciencias Agropecuarias. cvduran@palmira.unal.edu.co

Diversas investigaciones han demostrado asociación de genes del complejo mayor de histocompatibilidad, *BoLA* (Bovine Lymphocyte Antigen), con los niveles de células somáticas en la leche, como indicador de enfermedad, sin que estos resultados puedan ser extrapolados a otras razas debido a la variación en las tasas de recombinación ligadas al origen y la evolución. Con el fin de determinar la asociación de variantes genéticas con el recuento de células somáticas (Somatic Cell Score–SCS=transformación logarítmica del conteo de células somáticas), en bovinos criollos y colombianos, se tipificaron tres marcadores microsatélites (STRs) ubicados en los genes *BoLA*DRB3*, *BoLA*CYP21* y *BoLA*DRB1* en bovinos Hartón del Valle (n=155) y Lucerna (n=227) por amplificación con PCR y geles de poliacrilamida; el recuento de células somáticas se llevó a cabo por un contador automático (Fosomatic 215) y los análisis de asociación del SCS y los registros de enfermedad con las variantes genéticas (alelos) para los tres STRs y con haplotipos y diplotipos, se realizaron mediante el procedimiento *GLM* y *CATMOD* del programa SAS, posteriormente se realizaron pruebas de significancia de medias Duncan. Para los tres STRs se encontraron alelos asociados con SCS y diferencias en la frecuencia de estos para Hartón del Valle y Lucerna; para *DRB3* los alelos: 155, 163 y 191, siendo este último el que presentó resultados contundentes en asociación significativa con un alto conteo de células somáticas (P<0.05), contrario a lo obtenido por otros autores para otras poblaciones. Para *CYP21* los alelos: 192, 202 y 208 están asociados con altos SCS y para *DRB1* los alelos 123 y 127 con bajos y altos SCS, respectivamente. Los alelos *DRB3.2*155*, **191*, *CYP21*202*, **208* y *DRB1*127* se encontraron asociados con mastitis (P>0.05). Al evaluar el efecto de los haplotipos en el SCS se encontró asociación estadística significativa (P<0.05) lo que puede estar evidenciando el desequilibrio de ligamiento entre los pares de loci y su asociación con la presentación de mastitis. Los animales con registro de enfermedad presentaron la mayor frecuencia de alelos asociados con susceptibilidad y viceversa lo que evidenció la fuerte selección genética, en contra de hembras con casos recurrentes de la enfermedad en algunas ganaderías.

Palabras clave: *CYP21, DRB3, DRB1, ganado criollo, mastitis bovina, resistencia.*

Key words: *bovine mastitis, CYP21, DRB3, DRB1, native cattle, resistance.*

Evaluación de los niveles de la consanguinidad en dos ganaderías de lidia colombianas

Evaluation of the inbreeding levels in two Colombian bullfighting cattle raising

David Calero Quintero^{1,2}, Zoot MSc (c)PhD; Carlos Vicente Durán Castro², Ing Agr MSc; José Reinel Uribe Ceballos², Ing Sist Esp.

¹Doctorado en Ciencias Agropecuarias con énfasis en Producción Animal Tropical.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. davca2107@hotmail.com, cvduranc@palmira.unal.edu.co, jruibec@palmira.unal.edu.co

Se realizó un estudio en dos ganaderías de lidia colombianas de encastes Santacoloma (GESC) y Parladé (GEP) para determinar el efecto de la consanguinidad sobre las principales variables de comportamiento observadas frente al caballo y al torero durante la tiente de hembras y la lidia de machos. En GESC las variables analizadas comunes en ambos

sexos, fueron: prontitud y recargar en el caballo, y en la mula fija, prontitud, distancia, recorrido, humillar, repetir, alegría, ir a más, fondo, fuerza y ausencia de defectos. En GEP se analizaron: nota al caballo (NC), nota a la mula (NM), nota de fuerza (FZA) y nota de tiente (NT). El número total de individuos analizados fue de 2.241 donde 1.559 fueron de GESC y 682 de GEP. Para la elaboración de la genealogía de cada animal se empleó el software para ganaderías bravas "DeLidia", utilizando todos los animales actuales e históricos disponibles en los registros de cada una de las bases, incluyendo los ancestros pertenecientes a otras ganaderías. Los coeficientes de consanguinidad (F_x) se estimaron mediante el procedimiento de endocría (PROC INBREED) del paquete estadístico SAS. Las edades promedio en GESC fueron de 23,6 meses a la tiente y 45,0 meses a la lidia; en GEP fueron de 27,5 meses y 38,64 meses respectivamente. Para GESC sólo en hembras se observaron algunos efectos, encontrándose un valor altamente significativo para la característica recargar en el caballo con 0,0023 ($Pr > F$) en donde por cada unidad porcentual que aumente F_x se incrementará esta variable en 0,01084 (b); efectos significativos ($Pr > F$) en fija y fondo en la mula con valores de 0,04160 y 0,0159 e incrementos en b de 0,00647 y 0,00856. Fuerza tuvo efectos significativos ($Pr > F$) de 0,0159 mostrando un efecto depresivo de -0,00516 (b); en machos a pesar de no mostrar significancia el valor de b fue igualmente negativo (-0,00228). NT tuvo un efecto significativo de 0,0164 con un incremento de 0,00791(b). En GEP solo se encontró un efecto altamente significativo ($Pr > F$) de 0,008 en NM con un incremento de 0,056 (b).

Palabras clave: etología, notas de lidia, notas de tiente.

Key words: ethology, notes for lidia, notes for tiente.

Evaluación de polimorfismos de nucleótido simple en los genes candidatos Óxido nítrico sintasa 3, Endotelina 1 y Factor inducido por hipoxia 1 alfa, asociados con hipertensión pulmonar en pollo de engorde

Single nucleotide polymorphisms assessment within the candidate genes Nitric oxide synthase, Endotelin 1 and Hypoxia-inducible-factor-1 alpha associated with pulmonary hypertension in broiler chicken

Juana Moncaleano¹, MVZ (c)MSc; Susan Castro¹, Bact; Maritza Sierra¹, Qui; Aureliano Hernández², MV MSc PhD; Marta Moreno³, MV MSc PhD; Fernando Ariza¹, MV MSc PhD.

¹Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Laboratorio de Citogenética Animal y Genética Molecular.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Laboratorio de Morfofisiología.

³Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Laboratorio de Patología Aviar.

El proceso de crecimiento y desarrollo corporal bajo diferentes niveles de altura implica una serie de cambios fisiológicos y anatómicos adaptativos como respuesta al estímulo de la hipoxia ambiental. En los vertebrados la respuesta se caracteriza por cambios en los sistemas respiratorio, cardiovascular y hematopoyético con el fin de conservar la homeostasis de oxígeno y mantener las condiciones óptimas para la sobrevivencia de la célula. En pollos de engorde, el proceso de adaptación genera un cuadro conocido como síndrome de hipertensión pulmonar (SHP) o síndrome ascítico (SA). Investigaciones llevadas a cabo en el país han identificado diferentes niveles de expresión de endotelina 1 (ET-1), óxido nítrico sintasa 3 (NOS3) tanto en pollos enfermos como en sanos en zonas sobre los 2000 msnm. Así, los niveles sobre-expresados de ET-1 y la disminución de la expresión de NOS3, se han asociado con la fisiopatología del SHP. Por lo tanto, se propuso en el presente trabajo la identificación de polimorfismos de nucleótido

simple (SNP) en los genes candidatos *ET-1*, *NOS3* y *HIF1A* (Factor inducido por hipoxia 1 alfa) con el fin de asociarlos a índices cardíacos medidos en una población de 200 pollos de engorde de la estirpe Cobb 500 y de esta manera evaluar posibles mecanismos de origen genético que desencadenan el SHP. De igual forma con el fin de detectar regiones del genoma asociados al SHP se construyó un mapa de ligamiento para el cromosoma dos del pollo (GGA2) en el cual se han reportado en estudios previos QTL para esta condición. En el presente trabajo un total de nueve microsatélites y un SNP para *ET-1* fueron genotipificados y mapeados en el GGA2 mediante el empleo del programa Mapmaker demostrando ligamiento entre marcadores ($p \leq 0.001$) y definido la distancia y orden para los mismos dentro de este cromosoma. Los resultados iniciales del presente trabajo contribuirán a los planes de selección y mejoramiento de individuos tanto sensibles como resistentes al SHP.

Palabras clave: marcadores moleculares, síndrome ascítico, SNPs.

Key words: ascites syndrome, hypoxia, molecular markers, SNPs.

Evaluación del crecimiento de los tejidos y características de importancia económica, relacionadas con la canal en ganado bufalino¹

Evaluation of buffaloes tissue growth and economic importance traits

Edison Julián Ramírez Toro^{2,3}, Zoot (c)MSc; Divier Antonio Agudelo Gómez^{2,5}, Ind Pec MSc; Mario Fernando Cerón Muñoz^{2,4}, Zoot PhD; Jaime Alberto Mesa Restrepo⁵, Est Ind Pec; Carolina Botero⁵, Est Ind Pec; Natalia Vélez Cardona⁵, Est Ind Pec.

¹Proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Universidad de Antioquia, Corporación Universitaria Lasallista y Asociación de Colombiana de Criadores de Búfalos.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. mceronm@hotmail.com, edjurato@agronica.udea.edu.co

³Maestría en Ciencias Animales, Universidad de Antioquia, Universidad San Martín

⁴Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín.

⁵Corporación Universitaria Lasallista, Caldas, Antioquia.

Los avances logrados en la producción pecuaria son el producto de una serie de observaciones las cuales han sido documentadas por algunos investigadores, por lo tanto es de gran importancia realizar seguimiento a un grupo de animales, lo cual permitirá el desarrollo de diferentes investigaciones que faciliten el mejoramiento de la productividad en las explotaciones pecuarias. El presente trabajo pretende realizar la descripción del crecimiento de cada uno de los tejidos de importancia económica como lo son: hueso, grasa y músculo además de documentar algunas de las características de la canal del ganado bufalino. Se realizarán diferentes mediciones bovinométricas y de ultrasonido en mínimo 100 búfalos, estas mediciones se harán cada dos meses, con el fin de observar el crecimiento de los diferentes tejidos en el ganado bufalino. Se iniciarán las mediciones en animales de entre 14 y 16 meses, los animales que lleguen al peso para ser sacrificados serán llevados a la planta de sacrificio, allí se realizarán algunas mediciones en canal. La importancia de este tipo de trabajos radica en ofrecer a los productores de carne de búfalo, herramientas que les permitan conocer de una forma clara la especie trabajada para poder estandarizar el producto y de esta forma optimizar la producción, orientando las prácticas de manejo y seleccionando búfalos en el momento óptimo en que deben salir para ser faenados. De esta manera se pueden ofrecer volúmenes constantes y calidad semejante que les permitan comercializar la carne, incluso lograr mercados de exportación generando con esto, altos beneficios económicos para los productores

de carne de búfalo del país. Se hace de gran importancia la financiación de este tipo de proyectos ya que permiten el desarrollo de la industria cárnica, lo cual mejora las perspectivas de comercialización de la carne de ganado bufalino en Colombia y el mundo.

Palabras clave: *bufalometría, crecimiento, producción cárnica, ultrasonido.*

Key words: *bufalometría, growth, meat production, ultrasound.*

Evaluación genética para características de tipo en bovinos Holstein de Antioquia¹

Genetic evaluation for type traits in Antioquia Holsteins

Juan David Corrales Alvarez^{2,4}, Zoot; Mario Fernando Cerón Muñoz², Zoot PhD; Elizabeth Quintero Gomez³, Zoot; Jhon Jacobo Cañas Alvarez², Zoot (c)Msc; Cristina Herrera Ríos², Zoot; Alejandra Toro Toro², Est Zoot; Jeannie Cerlyn Sepúlveda Restrepo², Est Zoot; Samir Julián Calvo Cardona², Zoot.

¹Proyecto: "Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos Holstein y evaluación de animales cruzados de Holstein, Jersey y BON en Antioquia" financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Fondo Nacional del Ganado, Universidad de Antioquia, Corporación Antioquia Holstein.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Directora ejecutiva de la Corporación Antioquia Holstein.

⁴Joven investigador Colciencias, Ministerio de Agricultura, FEDEGAN y CODI

La ganadería Holstein en Colombia ha sido mejorada principalmente para la característica de producción de leche, sin embargo, se ha descuidado parámetros como facilidad al parto y sobrevivencia. Los caracteres de tipo se han utilizando como indicadores indirectos de la capacidad productiva y de la funcionalidad de los animales. Debido a que los caracteres de tipo pueden medirse en etapas tempranas de la vida del animal, normalmente en el primer parto. La selección de toros para el mejoramiento de las características de tipo se basa en las evaluaciones genéticas realizadas en otros países diferentes a Colombia, en los cuales las condiciones geográficas y de manejo son muy diferentes a las locales. Por lo anterior se hace necesario la realización de evaluaciones genéticas teniendo en cuenta las condiciones propias de la región y de esta manera tener una mayor precisión al momento de la selección de toros en Antioquia. Se utilizará la información proveniente de los registros de evaluación lineal de la Asociación Holstein de Colombia de aproximadamente 2.500 individuos de Antioquia la cual cuenta con 23 características diferentes del cuerpo, tren posterior, ubre y patas y pezuñas. Además se contará con una base genealógica con aproximadamente 20.000 individuos con 8 generaciones. Los análisis se realizarán utilizando el programa computacional de Máxima Verosimilitud restricta libre de derivadas aplicado a múltiples características. En el cual se tendrán en cuenta como efectos fijos el grupo contemporáneo de hatos-mes y año de clasificación-clasificador y como covariable la edad a la clasificación de la vaca. Los valores de cría de los individuos en el estudio serán divulgados para que los productores los tengan en cuenta en los programas de mejoramiento genético de las características lineales en cada uno de los hatos.

Palabras clave: *clasificación lineal, modelo animal, parámetros genéticos.*

Key words: *animal model, genetic parameters, linear classification.*

Evaluación genética para vida productiva en bovinos Holstein de Antioquia¹

Genetic evaluation for type traits in Antioquia Holsteins

Juan David Corrales Alvarez^{2,4}, Zoot, (c)Msc; Mario Fernando Cerón Muñoz², Zoot, PhD; Elizabeth Quintero Gomez³, Zoot; Jhon Jacobo Cañas Alvarez², Zoot, (c)Msc; Samir Julián Calvo Cardona², Zoot; Sebastián Pineda Pineda², Est Zoot; Alejandra Toro Toro², Est Zoot; Claudia Marcela Gómez², Est Zoot.

¹Proyecto: "Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos Holstein y evaluación de animales cruzados de Holstein, Jersey y BON en Antioquia" financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, el Fondo Nacional del Ganado, la Universidad de Antioquia y la Corporación Antioquia Holstein.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Directora ejecutiva de la Corporación Antioquia Holstein.

⁴Joven investigador Colciencias, Ministerio de Agricultura, FEDEGAN y CODI

La vida de una vaca lechera se divide en dos fases, cría y vida productiva. La fase productiva comprende desde el momento del primer parto hasta el momento del descarte o muerte de la vaca. La vida productiva en el ganado lechero es una medida de la capacidad que tienen las vacas para no ser descartadas del hatos por motivos de baja producción, problemas reproductivos o muerte, por lo que se convierte en una característica importante para el mejoramiento en los hatos y de esta forma reducir los costos por reemplazos, disminuir la incidencia de enfermedades e incrementar el promedio de producción de leche. Aumentando de esta manera la rentabilidad de los hatos ganaderos de leche. Por lo anterior este estudio tiene como objetivo realizar una evaluación genética para vida productiva en vacas Holstein de Antioquia. Se contará con los registros productivos de aproximadamente 5.000 vacas de Antioquia con producciones de leche desde el primer parto y con registro genealógico. Se determinará la vida productiva hasta los 48 meses de edad teniendo en cuenta la suma de los litros de leche acumulados hasta los 10 meses de producción en cada una de las lactancias, de esta manera las vacas que no logran quedar preñadas a los 3 meses de lactancia son castigadas por la parte reproductiva. Los análisis se realizarán utilizando el programa computacional de Máxima Verosimilitud restricta libre de derivadas aplicado a múltiples características. En el cual se tendrán en cuenta como efectos fijos el grupo contemporáneo de hatos-mes-año de parto y como covariable la edad de la vaca al parto. Los valores de cría de los individuos en el estudio serán divulgados para que los productores los tengan en cuenta en los programas de mejoramiento genético de la vida productiva en cada uno de los hatos.

Palabras clave: *modelo animal, parámetros genéticos.*

Key words: *animal model, genetic parameters.*

Evaluación genética y económica de sistemas de producción de leche en bovinos Holstein, Ayrshire, BON y sus cruces en Antioquia¹

Genetic and economic evaluation of milk production systems in Holstein, Ayrshire, BON cattle and their crosses in Antioquia

Ana C Herrera Ríos², Zoot; Carlos M Méndez³, Zoot Msc; Mario F Cerón Muñoz^{2,3}, Zoot PhD; Mauricio A Elzo⁴, PhD; Oscar D Vergara Garay^{2,5}, Zoot PhD.

¹Proyecto: "Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos Holstein y evaluación de animales cruzados de Holstein,

Jersey y BON en Antioquia” financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, el Fondo Nacional del Ganado, la Universidad de Antioquia y la Corporación Antioquia Holstein.

²Grupo de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. *crstinah@agronica.udea.edu.co, mceronm@agronica.udea.edu.co*

³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

⁴Departamento de Ciencias Animales, Universidad de Florida, Gainesville, FL 32611, USA.

⁵Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia.

La productividad de un hato lechero consiste en la cantidad de litros de leche producidos en un área determinada por un número de animales en un intervalo de tiempo. Para esto se requieren individuos sanos, con alta eficiencia reproductiva y producción, como resultado de la relación entre ambiente y herencia. El objeto de esta investigación será desarrollar sistemas integrados de evaluaciones genéticas y económicas con el fin de maximizar los beneficios económicos de la producción de leche en Antioquia, para ello se cuenta con una base de datos de 32 hatos y un total de 1.500 registros de animales puros y cruzados de las razas Holstein, Ayrshire y BON, con datos de producción de leche mensual y con porcentajes mensuales de grasa, proteína y sólidos totales. A cada uno de los hatos se les realizará una encuesta donde se consultará información de los recursos naturales, tipo de manejo, alimentación, sanidad, instalaciones y equipos, administrativa y financiera. Esto permitirá la inclusión de factores productivos y económicos en el modelo de evaluación genética. Se clasificarán los animales por su comportamiento productivo y se correlacionarán estas medidas con el valor genético de cada animal para producción de leche. Además, se estimarán valores genéticos de estas medidas y se evaluará los efectos de las condiciones topográficas, climáticas y de manejo con el costo de producción de leche por hato y por vaca. Se pretende suministrar información más precisa sobre la estimación de parámetros genéticos para la producción y calidad de leche en sistemas de producción de Antioquia, para poder hacer recomendaciones más eficientes desde el punto de vista productivo y económico, sobre cuales individuos utilizar en sus apareamientos, lo cual será necesaria para trazar planes de mejoramiento genético animal en dichos sistemas de producción y a futuro hacerlos extensivo a otras regiones del país.

Palabras clave: *evaluación genética, factores económicos, ganado de leche.*

Key words: *dairy cattle, economic factors, genetic evaluation.*

Evaluación reproductiva de los grupos genéticos Holstein, Jersey y sus cruces

Evaluating reproductive performance of genetic groups Holstein, Jersey and their crosses

Victoria Eugenia Salazar¹, Adm Emp Agrop; Jaime Eduardo Parra Suescún², Zoot MSc (c)PhD; José Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD.

¹Corporación Universitaria Lasallista, Caldas Antioquia.

²Profesor, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia.

El sector lechero en el país es uno de los de mayor desarrollo en los últimos años y es importante en cuanto a su aporte al PIB total. Las razas que cuentan con el mayor inventario son: Holstein y Jersey, siendo a su vez las de mayor producción y composición láctea. Aunque la producción de leche ha sido el propósito más importante en los programas de mejoramiento genético, algunos estudios demuestran que la eficiencia reproductiva declina cuando aumenta la producción de leche,

incrementándose los desordenes reproductivos y la proporción de vacas descartadas. Las dos principales estrategias de mejoramiento genético son la selección y el cruzamiento, siendo este último la estrategia más rápida cuando se desea mejorar características reproductivas de baja heredabilidad. El objetivo de este trabajo fue comparar las razas Holstein y Jersey con algunos de sus cruces y evaluar su desempeño reproductivo. El trabajo se realizó en un hato lechero ubicado en el Municipio de Belmira (Antioquia), el cual contaba con la información productiva histórica (siete años previos a la investigación) y actual. Se utilizaron un total de 582 animales (A) con 2316 lactancias (L) distribuidos de la siguiente manera: Holstein (383A y 1555L), Jersey (100A y 403L), F1 Holstein*Jersey (77A y 296L), 75% Holstein (5A y 19L) y 75% Jersey (17A y 43L). Finalmente se determinó la rentabilidad económica con cada uno de los grupos genéticos. Las diferencias entre los parámetros días abiertos (DA), servicios por concepción (SC) e intervalo entre partos (IEP) fueron analizadas mediante el Proc Anova del paquete estadístico SAS® 9.0. Para DA e IEP, los animales Jersey presentaron (P<0.01) los mayores valores (199 y 485 días, respectivamente), mientras que los individuos 75% Jersey presentaron los menores valores (134 y 406 días, respectivamente). Para SC, los individuos Jersey presentaron la mayor (P<0.01) cantidad (2.7), mientras los animales 75% Jersey obtuvieron la menor (1.8). Los animales 75% Jersey presentaron (P>0.01) los mayores ingresos por crías/año (\$1.182.204). Los individuos 75% Jersey deben ser considerados al momento de definir la composición racial de las explotaciones ganaderas, ya que poseen excelente desempeño reproductivo y alta resistencia a factores adversos.

Palabras clave: *cruzamiento, hatos lecheros, mejoramiento genético, variables reproductivas.*

Key words: *crossbreed, dairy herds, genetic improvement, reproductive variables.*

Evaluaciones genéticas para búfalos colombianos tipo carne¹

Genetic evaluation of colombian beef buffaloes

Edison Julián Ramírez Toro^{2,3}, Zoot (c)Msc; Divier Antonio Agudelo Gómez^{2,5}, Ind Pec Msc, Mario Fernando Cerón Muñoz^{2,4}, Zoot PhD; Jaime Alberto Mesa Restrepo⁵, Est Ind Pec; Carolina Botero⁵, Est Ind Pec; Natalia Vélez Cardona⁵, Est Ind Pec.

¹Proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Universidad de Antioquia, Corporación Universitaria Lasallista y Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. *mceronm@hotmail.com, edjurato@agronica.udea.edu.co*

³Maestría en Ciencias Animales, Universidad de Antioquia, Universidad San Martín.

⁴Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín.

⁵Corporación Universitaria Lasallista, Caldas Antioquia.

El búfalo se ha convertido en una alternativa para la producción de carne y leche en el trópico bajo colombiano debido a su excelente adaptación para aprovechar con mayor eficiencia pasturas de baja calidad. En Colombia el desconocimiento de los parámetros productivos, de precocidad y características de las canales son una limitante para comenzar un programa de mejora genética, ya que solo se cuenta con información suministrada por otros países. Sin embargo, esta información es sesgada para Colombia ya que las condiciones son diferentes entre países. Siendo necesaria la realización de evaluaciones genéticas en el ganado bufalino colombiano para de esta manera identificar el valor genético de estos y basados en esta información, desarrollar programas de mejoramiento que permitan incrementar la productividad de los hatos colombianos. Este proyecto iniciará con la depuración de

la base de datos de la Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos (ACB) la cual posee información genealógica de los hatos ganaderos en las diferentes zonas a evaluar (Costa Atlántica, Magdalena Medio y Eje Cafetero), se realizarán pruebas de paternidad con 10 microsatélites en los casos que se tengan dificultades para construcción de genealogía, esto permitirá verificar y consolidar el archivo zootécnico nacional. Se realizarán pesajes cada tres meses de los animales de 20 productores que sacrifican entre 30 y 100 animales anualmente, esta información se recopilará en el programa Intertrace y estará bajo la supervisión de la ACB. La valoración genética de los animales se realizará utilizando modelos animales multirraciales, mediante la metodología de modelos mixtos como se realiza en los diferentes países exportadores de material genético. Lo anterior permitirá la clasificación de búfalos nacionales e importados por diferencia esperada de progenie (DEP's). A los 24 meses de iniciado el proyecto se entregarán a los productores los valores de cría de sus animales por medio de un catálogo elaborado para machos y hembras, con su respectivos DEP's lo que permitirá la programación de apareamientos de animales y en el futuro lograr un mayor progreso genético de los animales adaptados a las condiciones colombianas.

Palabras clave: *parámetros genéticos, programas de mejora genética.*

Key words: *breeding programs, genetic parameters.*

Frecuencias alélicas para variantes SNP's en el gen *Nramp1* en bovinos naturalmente infectados con *Brucella abortus* ó clasificados por resistencia al patógeno *in vitro*

Allele frequencies for SNP's in Nramp1 gene in naturally infected cattle with Brucella abortus or classified by resistance to pathogen in vitro

Yeison Cerquera¹, Biol; Rodrigo Martínez², Zoot MSc PhD; Ruben Toro³, MV MSc; Jaime Tobón⁴, MV; Jaime Gallego⁴, MV

Tesista CORPOICA.

²Grupo de Recursos Genéticos y Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología y Bioindustria. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA), CI Tibaitata, Bogotá DC, Colombia.

³Centro de Investigación CEISA (CORPOICA), Bogotá DC, Colombia.

⁴Grupo de Recursos Genéticos y Biotecnología Animal, Estación Experimental El Nus, San Roque, Antioquia.

La resistencia natural a la brucelosis en bovinos ha sido asociada a factores genéticos, evidenciándose que polimorfismos tipo SNP (polimorfismo de nucleótido simple) dentro del gen *Nramp1*, pueden estar relacionados con resistencia a la enfermedad. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de variantes tipo SNPs presentes en regiones codificantes y en la región 3'UTR del gen *Nramp1*, sobre la clasificación del fenotipo de los animales como resistentes ó susceptibles y para determinar los genotipos predominantes en animales naturalmente infectados y determinados como positivos por la presencia de anticuerpos anti *Brucella abortus*. Se determinaron las frecuencias genotípicas y alélicas para cinco SNPs identificados dentro del gen *NRAMP1* en animales de las razas BON (Blanco Orejinegro, *Bos taurus taurus*) y CEBÚ (*Bos taurus indicus*) y en muestras serológicamente positivas provenientes de animales Cruzados (*Bos taurus x Bos indicus*), que fueron tomados como un control positivo de animales potencialmente susceptibles. La determinación de genotipos se realizó mediante la metodología SSCP (polimorfismo conformacional de cadena sencilla). Por otro lado se llevó a cabo un ensayo desafío infeccioso *in vitro*, para estimar la capacidad de los macrófagos bovinos para controlar la sobrevivencia bacteriana, lo que permitió definir los individuos como resistentes ó susceptibles. Los resultados sugieren una asociación significativa del

SNP4 ($p=0.0506$) con la variación para el fenotipo de susceptibilidad, pues se ha encontrado el genotipo homocigoto (BB) en alta frecuencia en animales catalogados como resistentes y el genotipo heterocigoto (AB) en alta frecuencia en animales catalogados como susceptibles y en animales con títulos infecciosos de anticuerpos anti *Brucella abortus*. Debido a que en la población en estudio se presentó en baja frecuencia el genotipo AA, es necesario realizar estudios adicionales en poblaciones donde se encuentre un equilibrio genotípico, para este marcador, además de explorar posibles efectos de estas variaciones sobre la funcionalidad de la proteína para la cual codifican.

Palabras clave: *BON, brucelosis, Cebú, genotipo, resistencia a enfermedades.*

Key words: *BON, brucellosis, Cebú, disease resistance, genotype.*

Frecuencias alélicas y genotípicas del gen de kappa caseína en vacas lecheras de Antioquia. (Resultados preliminares)¹

Genotypic and allelic frequencies of the gene of kappa casein in dairy cows of Antioquia (Preliminary results)

Jorge Eduardo Forero Duarte², Bact MSc; José Julián Echeverri³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot MV MSc DrSci.

¹Proyecto financiado por Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Colanta Ltda, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

²Investigador Grupo Biodiversidad y Genética Molecular-BIOGEM.

³Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia
alherrera@unal.edu.co.

Los productores de leche a nivel mundial han estado interesados en aumentar la cantidad de leche y la calidad composicional de la misma, para poder tener un buen ingreso por la venta de esta. Las características de composición de leches dependen entre otros del gen de la Kappa-caseína, una proteína que proporciona cualidades deseables en la leche para la producción de quesos. Dentro del marco del "Programa de Evaluación Genética de Toros Lecheros Para Características de Importancia Económica en Condiciones Tropicales" se ha avanzado en la búsqueda y genotipificación del gen de Kappa caseína en las hijas de los toros más utilizados en la ganadería de leche antioqueña. El presente estudio presenta los resultados preliminares de la genotipificación de del gen de Kappa caseína de 36 hijas de toros Jersey y 309 hijas de toros Holstein. Las muestras de DNA fueron obtenidas a partir de sangre periférica y las dos variantes alélicas A y B fueron identificadas mediante digestión de un fragmento de 344 pares de bases amplificado por PCR con la enzima de restricción *HinfI*. Los patrones de restricción fueron revelados con bromuro de etidio en gel de agarosa al 2,8%. Las frecuencias alélicas encontradas para las hijas de toros Jersey fueron de 0,305 y de 0,609 para los alelos A y B respectivamente; mientras que para hijas de toros Holstein la frecuencia alélica para A fue de 0,749 y para B de 0,250. Las frecuencias genotípicas AA, AB y BB fueron 0,566 0,366 y 0,068 para hijas de toros Holstein y 0,111 0,389 0,5 para hijas de toros Jersey. Los resultados mostraron que al contrario de las hijas de toros Jersey el alelo A es mas frecuente en las hijas de toros Holstein. Aunque estos resultados son preliminares, están de acuerdo con la literatura en cuanto al valor de las frecuencias alélicas y genotípicas presentadas en estas dos razas de ganado lechero a nivel mundial.

Palabras clave: *genotipificación, leche, marcadores moleculares, RFLPS.*

Key words: *genotypification, milk, molecular marker, RFLPS.*

Frecuencias alélicas y genotípicas del gen de la hormona de crecimiento bovino (bGH) en vacas lecheras de Antioquia. (Resultados preliminares)¹

Genotypic and allelic frequencies of the gene for bovine growth hormone (BGH) in dairy cows of Antioquia. (Preliminary Results)

Jorge Eduardo Forero Duarte², Bact MSc; José Julián Echeverri³, Zoot MSc (c)PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot MV MSc DrSci.

¹Proyecto financiado por Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural; Colanta Ltda; Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

²Investigador Grupo Biodiversidad y Genética Molecular BIOGEM.

³Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia alherrera@unal.edu.co.

Una de las metas principales en la ganadería de leche es identificar las características que lleven a mejorar tanto la calidad como la cantidad de leche. Estas características dependen en gran medida de la hormona de crecimiento (bGH). Esta hormona de 22 kDa compuesta por 191 aminoácidos es producida por la glándula pituitaria y desempeña una importante función en la lactancia y procesos de crecimiento, tiene un efecto sobre el tejido glandular mamario durante la lactancia. Además, se ha establecido que los niveles circulantes de bGH en vacas lactantes son mayores en las vacas que tienen una alta producción de leche. Estos hallazgos condujeron al suministro de bGH exógena para aumentar la producción de leche. Dentro del marco del "Programa de evaluación genética de toros lecheros para características de importancia económica en condiciones tropicales" se ha avanzado en la búsqueda y genotipificación del gen de bGH en las hijas de los toros más usados en la ganadería de leche antioqueña. El presente estudio presenta los resultados preliminares de la genotipificación del gen de bGH de 12 hijas de toros Jersey y 190 hijas de toros Holstein. Las muestras de DNA fueron obtenidas a partir de sangre periférica y las dos variantes alélicas + y - fueron identificadas mediante digestión de un fragmento de 329 pares de bases amplificado por PCR con la enzima de restricción MspI. Los patrones de restricción fueron revelados con bromuro de etidio en gel de agarosa al 2,8%. Las frecuencias alélicas encontradas para las hijas de toros Jersey fueron de 0,833 y de 0,167 para los alelos + y - respectivamente; mientras que para hijas de toros Holstein la frecuencia alélica para el alelo + fue de 0,882 y para el alelo - de 0,118. Las frecuencias genotípicas ++, +- y -- fueron 0,768; 0,226; 0,005 y 0,750; 0,167; 0,083 para hijas de toros Holstein y Jersey, respectivamente. Los resultados muestran que aunque estos resultados son preliminares, están de acuerdo con la literatura en cuanto al valor de las frecuencias alélicas y genotípicas presentadas en estas dos razas de ganado lechero.

Palabras clave: genotipificación, leche, marcadores moleculares, RFLPS.

Key words: genotypification, milk, molecular marker, RFLPS.

Freemartinismo en hembras bovinas en Antioquia

Freemartinism in bovine female in Antioquia

Ximena Cardona Lopera^{1,2}, Biol; Julián Echeverri³, Zoot MSc (c) PhD; Juan Fernando Vásquez Cano^{1,4}, MV (c)MSc.

¹Asistente Técnico, Cooperativa Colanta Ltda.

²Universidad de Antioquia, Grupo de Genética Animal, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.

³Profesor, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Grupo BIOGEM.

⁴Universidad de Antioquia, Grupo de investigación Biogénesis, Escuela de Medicina Veterinaria.

Con el término freemartin se designa a la hembra bovina concebida en una gestación múltiple heterosexual. En más del 90% de estas gestaciones se establece una anastomosis vascular placentaria entre los 30 y 40 días de gestación, originando un intercambio de células y hormonas que conllevan a la hembra a un estado intersexual en donde los genitales externos son femeninos y el grado de afección de los genitales internos es variado, presentando fenómenos de quimerismo XX/XY, con esterilidad consecuente. Esta investigación tiene como objetivo caracterizar molecular, citogenética y anatomopatológicamente el síndrome freemartin en Antioquia durante 2009. Para tal efecto se han seleccionado hembras bovinas nacidas de parto múltiple heterosexual de propiedad de proveedores de la Cooperativa Colanta Ltda. Para el análisis molecular se obtiene sangre entera mediante punción en la vena yugular y se aísla el ADN mediante la técnica salting-out. Una vez purificado, el ADN se amplifica para la secuencia del gen SRY mediante la técnica de PCR, utilizando cebadores de ADN sintético. El amplificado corresponde a un fragmento de 151 pb, que es visualizado a través de electroforesis en gel de agarosa teñido con bromuro de etidio. Los cariotipos se obtienen por medio de cultivo de linfocitos a partir de sangre periférica heparinizada. La fijación de la muestra se lleva a cabo agregando gota a gota, y con agitación fuerte, fijador fresco (Metanol - Acido acético 3:1). Las preparaciones se dejan escurrir por 20 - 30 segundos y luego se flamean para incrementar la expansión cromosómica y reducir el trasfondo citoplasmático. Para el estudio anatomopatológico, se toman fotografías de la región genital in vivo y se realiza seguimiento ultrasonográfico transrectal. Luego se sacrifica el animal para fotografiar y diseccionar el tracto reproductivo y preservarlo en formalina al 10% para análisis histopatológico. A la fecha (junio 23) se han muestreado 9 hembras con las características descritas anteriormente. De ellas 6 han sido positivas al gen SRY (Freemartin) y 3 no lo son. Con el trabajo se espera demostrar la utilidad de técnicas de diagnóstico molecular al servicio de los ganaderos incrementando la tasa de aprovechamiento de hembras bovinas.

Palabras clave: anatomopatología, cariotipo, genotipificación, quimerismo.

Key words: anatomopathology, cariotype, chimerism, genotypification.

Otimização da extração de DNA a partir de amostras de pêlo de búfalos (*Bubalus bubalis*)¹

*Optimization of the extraction of DNA from hair samples of buffalo (*Bubalus bubalis*)*

Henry Cardona Cadavid^{2,3}, Zoot MSc; Dimas Oliveira Santos⁴, Zoot MSc; Francisco Ribeiro de Araújo Neto², Zoot MSc; Rusbel Raúl Aspilcueta Borquis², Zoot MSc; Humberto Tonhati², Zoot MSc DSc.

¹Pesquisa financiada pela FAPESP 05/58468-1.

²Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, Universidade del estado de São Paulo -UNESP/Jaboticabal.

³Grupo GRICA, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Antioquia.

⁴Professor Departamento de Zootecnia, Universidad del estado de Bahia - UESB/ Itapetinga.

⁵Professor Departamento de Zootecnia - UNESP/Jaboticabal.

As técnicas de biología molecular aplicada ás espécies domésticas têm fornecido ferramentas no melhoramento genético, tanto no que se refere aos caracteres de produção quanto às de variabilidade genética e da estrutura de populações. A extração de ácidos nucleicos a partir de amostras de sangue e de tecidos permite a obtenção de maior quantidade e melhor qualidade do DNA. No entanto, em pesquisas com animais de produção, a obtenção das amostras para a extração do DNA por métodos invasivos causa um estresse que se reflete em uma diminuição temporária desta produção. Assim sendo, é importante a utilização de métodos não invasivos, como a coleta de fezes, saliva e pêlos. Salientando além o bem-estar animal. Assim sendo, o objetivo deste estudo foi avaliar a

quantidade, o tamanho do pêlo e a concentração da proteinase K (PK) adequada para uma extração de qualidade e com quantidade suficiente de DNA para os trabalhos de pesquisa. Foram coletadas amostras de pêlos das caudas de búfalos, em fazendas do estado de São Paulo, sendo a extração de DNA feita pelo método do fenol-cloroformo. Os sete tratamentos consistiram de diferentes quantidades de pêlos com folículo utilizados para a extração: 2, 4, 8, 12, 16, 20 e 24 respectivamente, de 5-mm de comprimento, com quatro repetições cada, em delineamento inteiramente casualizado (DIC). A concentração de PK (20-mg/ml) foi aumentada, de 5- μ l até 20- μ l a fim de se obter uma melhor digestão da queratina, diminuindo assim as impurezas e melhorando a concentração final do DNA. As amostras de DNA foram quantificadas e qualificadas utilizando-se aparelho NanoDrop 1000 Spectrophotometer V3.7 Thermo Scientific. Utilizou-se do Proc GLM e LSMEANS (SAS) para as análises estatísticas. Não houve diferencia significativa entre os tratamentos 3 a 7 no quesito quantidade de DNA. Entre tanto, no item de qualidade só se observou diferenças significativas dos tratamentos 1 e 2 com os tratamentos 5, 6 e 7 ($p < 0.05$). Com estes dados pode se concluir que o tratamento 3 (8 pêlos, 5-mm comprimento e 20- μ l de PK) proporciona uma quantidade suficiente de amostra para se obter uma boa quantidade e qualidade de DNA.

Palavras chave: *genética, melhoramento animal, molecular.*

Keys words: *animal improvement, genetic, molecular.*

Parâmetros genéticos em búfalos para produção de leite e a contagem de células somáticas utilizando inferência Bayesiana

Genetic parameters in buffalo for milk production and somatic cell count using Bayesian inference

Henry Cardona Cadavid^{1,2}, Zoot MSc (c)PhD; Francisco Ribeiro de Araújo Neto¹, Zoot MSc; Rusbel Raúl Aspilcueta Borquis¹, Zoot MSc; Humberto Tonhati³, Zoot MSc DSc.

¹*Doutorado em Genética e Melhoramento Animal, Universidade do estado de São Paulo, UNESP/Jaboticabal.*

²*Grupo de Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Antioquia.*

³*Professor adjunto do departamento de Zootecnia – UNESP/Jaboticabal.*

A contagem de células somáticas (SCC) tem sido usada como uma importante ferramenta para o monitoramento da qualidade do leite, da saúde da glândula mamária, na detecção de mastite sub-clínica no rebanho e para estimar as perdas de produção de leite em decorrência da mastite. Por ser a SCC mais fácil e barata, quando comparada aos testes bacteriológicos, tem se convertido numa ferramenta importante para o manejo de animais leiteiros. Por não possuir uma distribuição normal, a SCC deve ser transformada para uma escala logarítmica em escore de células somáticas, possibilitando o cálculo das perdas obtidas na produção de leite pelo aumento das células. Assim, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de conhecer as estimativas dos parâmetros genéticos em função da SCC e da produção de leite das búfalas no estado de São Paulo, utilizando-se métodos bayesianos. Neste estudo foram estimados os parâmetros genéticos para a produção de leite total (P305) e a contagem de células somáticas (SCC) no leite de búfalas. Foram utilizadas 4.907 lactações, provenientes de 12 rebanhos do interior do São Paulo, com partos registrados no período de 1985 a 2008. A característica da SCC foi transformada em escala logarítmica (SCCt). Os grupos contemporâneos foram definidos como rebanho, ano e estação do parto. Aplicou-se a restrição que cada grupo deveria conter no mínimo quatro observações. As estimativas dos componentes de (co)variância foram realizadas por meio de inferência bayesiana em análise bi-característica, utilizando-se um modelo animal que incluiu os

efeitos fixos de grupo contemporâneo, número de ordenhas e a idade da búfala ao parto como covariável (linear e quadrático) e os efeitos aleatórios genéticos aditivos, ambiente permanente e residual. As estimativas posteriores de herdabilidade para P305 e SCCt obtidas pelas análises foram 0,25 e 0,27 respectivamente. Observa-se que a correlação genética entre P305 e CCSt é baixa e positiva (0,06). Com base aos resultados obtidos, pode-se concluir que é possível incrementar a P305 e diminuir a CCSt por meio da seleção. Porém, sendo a estimativa de correlação genética baixa pode ser difícil realizar a seleção simultânea destas características ao longo do tempo.

Palavras chave: *bubalinocultura, genética, herdabilidade, melhoramento, SCC, seleção.*

Key words: *bubalinoculture, genetic, breeding, heritability, SCC, selection.*

Polimorfismo genético de kappa-caseína (k-CN) en ganado criollo colombiano¹

Genetics polymorphism of kappa-casein (k-CN) in colombian creole cattle

Jaime Rosero Alpala², Zoot (c)MSc; Luz Ángela Álvarez Franco², Zoot MSc PhD; Jaime Eduardo Muñoz Flores², IA Esp.

¹*Proyecto financiado por la Dirección de Investigación de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira (DIPAL)*

²*Universidad Nacional de Colombia sede Palmira.*

El ganado criollo colombiano (GCC) de acuerdo con el tamaño de la población las razas Sanmartinero (SM), Chino Santandereano (ChS) y Caqueteno (CQT) se consideran en estado "Crítico"; Blanco Orejinegro (BON), Romosinuano (ROMO), Hartón del Valle (HV), Costeño Con Cuernos (CCC) y Velásquez (VEL) en "vulnerable" y Lucerna (LUC) y Casanareño (CAS) en estado "Inseguro". El estudio y valoración del GCC son necesarios para lograr una producción competitiva y sostenible, razón por la cual se evaluó la frecuencia de los alelos de la k-CN, en nueve razas de GCC. La k-caseína (k-CN), es la fracción más importante de las proteínas de la leche, se ha asociado la variante k-CN B con mayor porcentaje de proteínas, rendimiento en queso, consistencia y menor tiempo de coagulación. Se colectaron 270 muestras de sangre (30 de cada raza) de las criollas BON, CCC, ChS, CQT, HV, SM y ROMO, de las colombianas LUC y VEL y de CEBU y Holstein como controles. El ADN se extrajo de sangre, la calidad y cantidad de ADN se evaluó en geles de agarosa (0.8 %), teñidos con bromuro de etidio. Se amplificó un fragmento de 453 pb localizado en el cromosoma 6, los alelos se identificaron mediante la técnica PCR-SSCP, en geles de policrilamida y teñidos con nitrato de plata. Se detectaron seis variantes (A, B, A₁, G, I, E) y una que no pudo ser identificada. Se observó alta frecuencia para las variantes más comunes k-CN A (0,38) y k-CN B (0,44) que para las menos comunes k-CN I (0,059), k-CN G (0,025), A1 (0,032) y k-CN E (0,0068). El alelo de interés k-CN B presentó alta frecuencia en CCC (0,73), ChS (0,6), ROMO (0,58), CQT (0,5), VEL (0,48), menor frecuencia en BON (0,31), SM (0,28) HV (0,28) y baja frecuencia en LUC (0,03) y el grupo control CEBU (0,068), pero mayor en Holstein (0,35). El valor de diversidad génica promedio (He) para GCC fue de 0,47±0,01. Se observó entre las razas de GCC una diferenciación genética altamente significativa ($F_{ST} = 0,02$; $P < 0,01$) y las razas criollas difieren de ganado Holstein y ganado cebú.

Palabras clave: *marcadores moleculares, PCR-SSCP, proteínas leche, variantes genéticas.*

Key words: *genetic variants, milk protein, molecular markers, PCR-SSCP.*

Polimorfismos del gen BoLA-DRB3.2 en razas criollas y colombianas¹

Polymorphisms of the gene BoLA DRB3.2 in Creole and Colombian breeds

Darwin Yovanny Hernández Herrera², Zoot (c)MSc; Andrés Mauricio Posso Terranova², Est Biol; Javier Antonio Benavides², MV MSc; Jaime Eduardo Muñoz Flórez², IA Esp; Guillermo Giovambattista³, MV PhD; Luz Ángela Álvarez Franco², Zoot MSc PhD.

¹Financiado por División de Investigaciones (DIPAL) Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira

²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. A.A 237

³Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de la Plata.

En el ganado criollo colombiano se ha estudiado la diversidad genética mediante marcadores microsatélites, microsatélites aleatorios en Hartón del Valle y en algunos genes relacionados con la resistencia natural (Aftosa y Brucelosis) y la calidad de la carne (leptina). El Complejo Mayor de Histocompatibilidad (CMH) de los bovinos es conocido como Antígenos de los Leucocitos Bovinos (BoLA) y se localiza en el cromosoma 23. El BoLA codifica glicoproteínas (antígenos) que se ubican en la superficie celular y cuya función principal es la presentación de péptidos a las células T; solo se ha caracterizado la raza criolla Blanco Orejinegro, pero no se conoce en otras razas bovinas criollas y colombianas. Los genes del BoLA son interesantes porque están asociados con resistencia o susceptibilidad a enfermedades. El objetivo del presente estudio será caracterizar la frecuencia de los alelos del gen *BoLA-DRB3.2* mediante la técnica PCR (semianidado) – RFLP (polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción) en razas criollas, colombianas y comerciales. Se utilizaron 30 muestras de ADN de cada raza criolla (Blanco orejinegro (BON), Chino Santandereano (ChS), Costeño con cuernos (CCC), Caqueteño (CQT), San Martinero (SM), Romosinuano (RS), Hartón del Valle (HV), Velásquez (VEL) y Lucerna (LUC)) Colombiana, Holstein (HOL) y Cebú (CEB). Se amplificó el segundo exón del gen *BoLA DRB-3*, mediante la metodología descrita por Van Eijk *et al.*, (1992). El fragmento de ADN amplificado se cortó con las endonucleasas de restricción *RsaI*, *BstI* y *HaeIII* y se visualizó en geles de agarosa 3% y teñidos bromuro de etidio. La lectura de los alelos se está interpretando con base en la nomenclatura del 5th BoLA workshop (BoLA Nomenclature, International, Society for Animal Genetics) (www2.ri.bbsrc.ac.uk/bola/dr3pcr.htm). Se determinarán las frecuencias alélicas, la heterocigosidad incesgada, el porcentaje de loci polimórfico, la estructura genética, los estimadores de diferenciación genética θ y GST. Las medias y las desviaciones estándar de los parámetros F es decir las correlaciones entre genes de la población estructurada F, θ y f.

Palabras clave: antígenos de los leucocitos bovinos, marcadores moleculares, PCR.

Key words: bovine lymphocyte antigen, genetic markers, PCR

Polimorfismos en el gen *Slc11a1* en razas bovinas criollas (*Bos taurus taurus*) y la raza Cebú Brahman (*Bos taurus indicus*)

*Polymorphisms in Slc11a1 gen in bovine creole cattle (*Bos taurus taurus*) and Zebu Brahman breed (*Bos taurus indicus*)*

Rodrigo Martínez¹, Zoot MSc PhD; Rubén Toro², MVZ MSc; Jaime Tobón³, MV; Jaime Gallego³, MV; Susana Dunner⁴, MV PhD; Javier Cañón⁴, MV PhD

¹Grupo de Recursos Genéticos y Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología y Bioindustria, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA), CI Tibaitata, Bogotá DC, Colombia. ramartinez@corpoica.org.co

²Centro de Investigación CEISA (CORPOICA), Avenida el Dorado No. 42-42, Bogotá DC, Colombia

³Grupo de Recursos Genéticos y Biotecnología Animal, Estación Experimental El Nus, San Roque, Antioquia.

⁴Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España.

Aunque la resistencia a brucelosis en la especie bovina ha sido previamente asociada al gen *Slc11a1*, que codifica la proteína NRAMP1, aparentemente ninguno de los polimorfismos descritos hasta ahora ha resultado ser la mutación causal. El objetivo del presente estudio fue detectar polimorfismos dentro de la región codificante del gen *Slc11a1* mediante análisis de SSCP y la secuenciación directa del gen, para identificar nuevos alelos y comparar sus frecuencias en diferentes razas bovinas tanto *Bos taurus indicus* (Cebú Brahman), como *Bos taurus taurus*. Entre las razas de tipo taurino se analizaron animales de las razas españolas: Rubia Gallega (RG), Asturiana de los Valles (AV) y Pirenaica (PI), razas criollas colombianas: Blanco Orejinegro (BON) y Romosinuano (ROMO), y la raza Holstein Friesian (H). Once polimorfismos de nucleótido simple (SNP: Single nucleotide polymorphism) fueron identificados, entre los cuales cinco se encontraron en secuencia codificante, uno en la región promotora y cinco en los intrones. Tres de estos polimorfismos indujeron un cambio en la secuencia aminoacídica de la proteína en la posición 272 (exón 9), cambiando alanina por valina, un cambio de ácido aspártico por asparagina en la posición 321 en el exón 10, y el cambio de prolina por alanina en el aminoácido localizado en la posición 356 en el exón 11. Una delección de tres nucleótidos en la posición 542 causó la delección de un residuo de glutamina en el exón terminal 15. Finalmente, se calcularon las frecuencias alélicas y genotípicas y su distribución entre las diferentes razas.

Palabras clave: BON, brucelosis, Cebú, genotipo, resistencia a enfermedades.

Key words: BON, brucellosis, Cebú, disease resistance, genotype.

Producción de leche y constituyentes en diferentes grupos genéticos de búfalas en el estado de São Paulo, Brasil¹

Milk production and constituents in different genetic groups of buffaloes in the state of São Paulo - Brazil

Johanna Ramírez Díaz², Zoot (c)MSc; Rusbel Raúl Aspilcueta Borquis³, Zoot (c)PhD; Humberto Tonhati⁴, MSc DSc.

¹Investigación financiada por el Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico -CNPq- Brasil.

²Maestría en Genética y Mejoramiento Animal, Universidade Estadual Paulista -UNESP- FCAV JABOTICABAL SP Brasil, +55-1632092678. jhanaun@yahoo.es

³Doctorando en Genética y Mejoramiento Animal, UNESP- FCAV JABOTICABAL SP, Brasil.

⁴Profesor Departamento de Zootecnia UNESP- FCAV JABOTICABAL SP, Brasil.

El crecimiento de la bubalinocultura en Brasil se da en función de la valorización y demanda de los derivados lácteos por el mercado consumidor. El valor pago por litro de leche bubalino es mayor que el de leche bovina, debido a sus características físico-químicas. El rendimiento industrial para producción de queso mozzarella es cerca del doble cuando se compara al rendimiento de leche bovino. Gran parte de la producción de leche bubalina proviene de animales cruzados de las razas Murrah (Mu), Mediterránea (Me) y en menor proporción animales de raza Jafarabadi (Ja), sin embargo, no existen estudios sobre efectos genéticos directos de raza y heterosis; estos efectos además, son desconsiderados en las evaluaciones genéticas actuales. Los objetivos de este trabajo fueron determinar los factores que afectan la producción de leche (PL270 / kg) y sus constituyentes a los 270 días de lactancia. Fueron utilizados 7.232 registros de búfalas puras de las razas Mu, Me, Ja y cruzadas (1/2Mu1/2Me;

$\frac{1}{2}\text{Mu}\frac{1}{2}\text{Ja}$; $\frac{3}{4}\text{Mu}\frac{1}{4}\text{Me}$; $\frac{3}{4}\text{Mu}\frac{1}{4}\text{Ja}$; $\frac{3}{4}\text{Me}\frac{1}{4}\text{Mu}$). Se tuvieron en cuenta únicamente animales con informaciones del grupo genético del padre y madre. El modelo considero como efecto aleatorio el animal dentro de la raza, y como efectos fijos, el grupo contemporáneo (año y estación de parto) y la raza. La edad de la búfala al parto (efecto lineal y cuadrático) fue considerada como covariable. El análisis de varianza fue realizado por el procedimiento Proc Mixed del programa estadístico SAS®, verificando las suposiciones del modelo. Los resultados obtenidos mostraron que todos los efectos incluidos en el modelo afectan significativamente ($p < 0,01$) la producción y calidad de la leche de búfala. Se estableció la importancia de la inclusión de las informaciones referentes al grupo genético en los análisis de la producción de leche y constituyentes. Los resultados también sugieren realizar investigaciones que incluyan efectos heteróticos con el objetivo de incluir estas informaciones en las evaluaciones genéticas.

Palabras clave: *Bubalus bubalis*, búfalos mestizos, cruzamiento.
Key words: *Bubalus bubalis*, crossbreeding, crossbred buffaloes.

Proyección económica comparativa de los grupos genéticos Holstein, Jersey y algunos de sus cruces

Comparative economic projection of the genetic groups Holstein, Jersey and some of its crossings

Victoria Eugenia Salazar¹, Adm Emp Agrop; Jaime Eduardo Parra Suescún², Zoot MSc (c)PhD; José Julián Echeverri Zuluaga², Zoot MSc (c)PhD.

¹Corporación Universitaria Lasallista.

²Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM, AA 1779, Colombia.

El objetivo primario de la mejora genética del ganado lechero es aumentar la eficiencia en la producción de leche. Muchos productores consideran el cruzamiento como una alternativa para alcanzar dicho objetivo. Sin embargo, el volumen de sólidos en la leche como grasa y proteína es cada vez más importante, ya que los precios de la leche están influenciados por la composición de ésta. El cruzamiento racial es una alternativa para mejorar no solo la producción sino el precio de la leche en mercados donde hay un interés sustancial para porcentaje de grasa y proteína. El objetivo de este trabajo es el de proyectar el desempeño económico de dos razas puras con sus respectivos cruces en un hato lechero de Colombia. El trabajo se realizó en un hato lechero ubicado en el Municipio de Belmira (Antioquia), el cual contaba con la información productiva histórica (siete años previos a la investigación) y actual. Se utilizaron un total de 582 animales distribuidos de la siguiente manera: Holstein (383), Jersey (100), F1 (77), 75% Holstein (5) y 75% Jersey (17). Con esta información se proyectó un hato de 10 hectáreas con cada uno de los grupos genéticos, y se calcularon los ingresos y egresos causados en cada uno de los grupos durante 5 años. Los datos de ingresos por producción de leche (IPL), y de crías (IC), y egresos por alimentación (EA) fueron analizados mediante el Proc Anova del paquete estadístico SAS® 9.0. Los individuos Jersey y 75% Jersey presentaron los mayores valores para ($P < 0,01$) IPL (510'666.250 y 507'311.800 \$ respectivamente). Para IC, los animales 75% Jersey obtuvieron el mayor valor (59'110.200 \$), mientras que para EA, los animales Jersey presentaron ($P < 0,01$) los menores valores (180'633.200 \$). Sin embargo, al realizar la diferencia entre ingresos y egresos, los individuos 75% Jersey y Jersey presentan los ($P < 0,01$) mayores valores (378'485.100 y 375'658.050 \$ respectivamente). Estos resultados indican que en el ámbito económico un hato cuya base racial sea Jersey puede ser mas eficiente que hatos con otros grupos raciales. Sin embargo, se recomienda ampliar la investigación para aumentar la confiabilidad de los resultados.

Palabras clave: *cruzamiento, hatos lecheros, mejoramiento genético, producción de leche.*

Key words: *crossing, dairy herds, genetic improvement, milk production.*

Pruebas de desempeño en búfalos (*Bubalus bubalis* Artiodactyla, Bovidae) provenientes de diferentes sistemas de producción colombianos¹

Test performance of buffaloes (*Bubalus bubalis* Artiodactyla Bovidae) in different production systems from Colombia

Diana M Bolívar V^{2,3}, Zoot (c)PhD; Mario F Cerón Muñoz^{3,4}, Zoot PhD; Jeannie Cerlyn Sepúlveda Restrepo³, Est Zoot; Juan Diego Monsalve Ramírez³, Zoot; Raúl Alejandro Díaz Giraldo³, Zoot; Divier Agudelo Gómez^{3,5}, Ind Pec Msc.

¹Proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Universidad de Antioquia, Corporación Universitaria Lasallista y Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos.

²Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, candidata a doctor de la Universidad de Antioquia y Fundación Universitaria San Martín.

³Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Antioquia.

⁴Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia.

⁵Corporación Universitaria Lasallista, Caldas, Antioquia.

Las Pruebas de Desempeño en ganado de carne, son utilizadas con el objetivo de identificar individuos genéticamente superiores para características de interés económico relacionadas, principalmente, al potencial de crecimiento y calidad de la canal. Estas pruebas constituyen un importante instrumento auxiliar en sistemas de evaluación genética entre hatos, sobre todo en poblaciones que no poseen buena conectabilidad genética en sus bancos de datos. En este proyecto se plantea realizar seis pruebas de desempeño de búfalos provenientes de dos sistemas de producción: cría sin ordeño (SO) y doble propósito (DP). En cada prueba entrarán entre 30 y 40 animales. La edad al inicio de la prueba será entre 7 y 8 meses para SO y entre 14 y 15 meses para DP. La duración total de cada prueba será de 120 días, con 30 días de adaptación. Las características a evaluar son: peso corporal, medidas bovinométricas y de composición corporal por ultrasonido, consumo, conversión alimenticia y digestibilidad de nutrientes. Los animales serán genotipificados para confirmar paternidad y se realizará una tipificación para el gen leptina, para determinar la asociación de los polimorfismos de este gen con algunas características productivas. Los análisis estadísticos se realizarán de manera separada para los animales provenientes de los dos sistemas de producción. Se utilizará un modelo mixto con medidas repetidas del mismo individuo, con diferentes estructuras de covarianza. Las estructuras de covarianza se compararán utilizando alguno de los criterios de bondad de ajuste que se generan con cada prueba (Máxima verosimilitud, AIC, AICC, BIC), para utilizar el que presente mejor ajuste. El análisis estadístico se realizará con el procedimiento Mixed del programa SAS. Con este proyecto, los ganaderos podrán seleccionar reproductores, utilizando como herramienta la información proveniente de pruebas de desempeño. Con la realización de evaluaciones genéticas, se contribuirá de manera significativa al mejoramiento de los sistemas de producción. Sólo así se podrá posicionar los búfalos, no sólo en los mercados internos, sino a nivel internacional.

Palabras clave: *búfalos, desempeño.*

Key words: *buffaloes, performance.*

Relación de medidas de composición corporal tomadas *In vivo* con ultrasonido y puntaje de condición corporal con el peso de la canal en vacas Cebú de descarte¹

Relationship between real time ultrasound body composition measurements and body condition scoring and carcass weight in Zebu culling cows

Juan Carlos Velásquez M², MV Esp MSc.; Marcela Ríos R³ B MSc

¹Trabajo de investigación desarrollado en convenio entre CIALTA y

ULTRAMEDICA LTDA.

²Consultor ganadero y profesor Facultad de Ciencias Agropecuarias
Universidad de La Salle. jvelasquez@unisalle.edu.co

³Consultora en Ultrasonido. mrriosr@unal.edu.co.

Se utilizaron 20 vacas Cebú comerciales de descarte con edades entre 3 y 7 años procedentes de la zona del Piedemonte Llanero (Paratebueno, Cundinamarca), para realizar un estudio de predicción del peso de la canal utilizando Ultrasonido en Tiempo Real (UTR). Las vacas cebadas en pastoreo, fueron pesadas y enviadas a Bogotá al Frigorífico Guadalupe para su faenado. A cada vaca, doce horas pre-sacrificio le fueron tomadas con ecógrafo Pie-medical Aquila con sonda de 18 cm. ASP 3,5 MHz, las medidas de: Área de Ojo de Lomo (AOL) y Espesor de Grasa Dorsal (EGD) a nivel de la 12-13 costilla, y Espesor de Glúteo Medio (EGM) y Espesor de Grasa a nivel del anca (GA). Además, les fue tomada la medida de puntaje de condición corporal (PCC) en la escala de 1-9 y el puntaje de temperamento (PT) en la escala de 1-5. Posterior al sacrificio, se recolectó la información de Peso de la Canal Caliente y Fría (PCCA y PCF). El análisis estadístico incluyó: promedios, desviación estándar, correlaciones simples entre medidas in vivo y posmortem y análisis de regresión múltiple para la predicción del Peso de la canal. Las vacas tuvieron un promedio Peso Vivo (PV) de 417.85 kg. Los promedios de AOL, EGD, EGM, GA, de las vacas pre-faena fueron 48.87 cm², 4.16 mm, 69.85 mm y 7.86 mm, respectivamente. El PCC promedio fue de 5.5. El PT promedió 1.95. Las medidas de PCCA y PCF promediaron 208.19 y 198.55 Kg., respectivamente. En general, se encontraron correlaciones significativas entre peso en finca (PV) y PCCA (0.45) y PCF (0.44) y entre AOL con PCCA (0.43) y PCF (0.27). El PT se correlacionó negativamente con PCCA. (-0.25). Usando modelo de regresión fue posible estimar de manera aceptable el peso de la canal (PCCA y PCF) a partir del PV y las medidas de la grasa y músculo dorsal tomadas con UTR. Además, las correlaciones encontradas entre medidas ecográficas objetivas y medidas subjetivas de apreciación visual de la grasa usando el PCC sugirieron la validez de ambas metodologías para estimar el nivel de acabado de vacas Cebú de descarte.

Palabras clave: cebú, grasa dorsal, ojo del lomo, peso de la canal, regresión, vacas de descarte.

Key words: backfat ultrasound, carcass weight, culling cows, regression, rib eye loin, zebu.

Relación entre las características de tipo y producción de leche para primer parto en ganado Holstein de Colombia¹

Relationship between type traits and milk yield of first calving in Holstein dairy cattle in Colombia

Juan David Corrales Alvarez^{2,4}, Zoot Est Msc; Jhon Jacobo Cañas Álvarez², Zoot Est Msc; Mario Fernando Cerón Muñoz², Zoot PhD; Elizabeth Quintero Gomez³, Zoot; Samir Julián Calvo Cardona², Zoot; Cristina Herrera Ríos² Zoot.

¹Proyecto: "Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos Holstein y evaluación de animales cruzados de Holstein, Jersey y BON en Antioquia" financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, el Fondo Nacional del Ganado, la Universidad de Antioquia y la Corporación Antioquia Holstein.

²Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Directora ejecutiva de la Corporación Antioquia Holstein.

⁴Joven investigador Colciencias, Ministerio de Agricultura, FEDEGAN y CODI

Estudios tendientes a evaluar la relación entre las características de tipo con vida productiva y producción de leche, han sido comúnmente analizadas por regresión lineal múltiple; sin embargo, las altas

correlaciones entre dichas características producen dificultad en su interpretación por efecto de la alta colinealidad. Un enfoque estadístico para evitar dependencia entre las variables y desarrollar estimativos más ajustados es el análisis factorial. Este procedimiento remueve la información redundante de variables correlacionadas, presentándolas en un pequeño grupo de variables. El objetivo de este estudio es analizar la relación entre características de tipo y producción de leche ajustada a 305 días. Se emplearon datos de 24 características lineales y producción de leche ajustada a 305 días de 9066 animales de la raza Holstein de los departamentos de Antioquia y Cundinamarca en control lechero oficial. Se realizó un análisis por factores con el método de componentes principales, posteriormente se realizó un análisis de varianza por el procedimiento GLM teniendo en cuenta la variable dependiente producción de leche ajustada a los 305 días y los factores como variable independiente. El análisis del factor muestra que nueve factores fueron retenidos y agruparon cerca del 65% del total de la varianza de todas las características de tipo analizadas, el factor uno que reunió las variables relacionadas con cuerpo alcanzó un valor propio de 4.337, el factor dos y tres obtuvieron valores propios de 2.245 y 1.845, respectivamente. El análisis de varianza mostró que las vacas grandes, anchas de pecho, altas, profundas de cuerpo, angulosas, anchas de la inserción posterior de la ubre y vacas altas en su extremo anterior sobresalen en la producción de leche a los 305 días.

Palabras clave: análisis del factor, características de tipo, producción de leche.

Key words: factor analysis, milk yield, type traits.

Relación entre los genotipos de la Kappa Caseína y el rendimiento en cuajada de los bovinos Holstein del trópico alto de Nariño

Relationship between genotypes of Kappa Casein and curd yield of Holstein cattle from high tropics of Nariño

Gema L Zambrano Burbano¹, Est Zoot; Yohana M Eraso Cabrera¹, Est Zoot; Carlos E Solarte Portilla², MSc PhD; Carol y Rosero Galindo³, Biol MSc (c)PhD.

¹Universidad de Nariño, Facultad de Ciencias Pecuarias, Grupo de Investigación Producción y Sanidad Animal. mitugema@hotmail.com

²Docente Universidad de Nariño, Facultad de Ciencias Pecuarias

³Universidad del Valle, Departamento de Biología.

El presente estudio tuvo como objetivo determinar las relaciones entre los genotipos para Kappa Caseína (K-Cs), el rendimiento industrial en cuajada (RC) y el porcentaje total de proteína (PTP) en vacas Holstein del Trópico Alto de Nariño-Colombia. El genotipo de cada animal fue determinado molecularmente mediante la técnica PCR-SSCP. Para establecer las relaciones antes indicadas, se utilizaron 27 unidades experimentales y un modelo lineal en el que se incluyeron los efectos fijos del genotipo, el tercio de lactancia, la interacción entre estos dos factores, la edad del animal y el porcentaje de grasa como covariables. Los resultados indicaron que no existe interacción entre los genotipos y el tercio de lactancia. Para RC la edad del animal no fue estadísticamente significativa ($P > 0.05$) pero la covariable porcentaje de grasa, al igual que el genotipo resultaron estadísticamente significativos ($P < 0.05$). La prueba estadística de Tukey-Kramer indicó diferencias entre el genotipo BB respecto al homocigoto AA y heterocigoto AB, siendo el primero el de mejor rendimiento, ya que se requirió la menor cantidad de leche para producir un kilogramo de cuajada. El modelo lineal para analizar el porcentaje de proteína en la leche fue el mismo que para el rendimiento en cuajada pero se incluyó como única covariable la edad del animal. En este caso se encontraron diferencias significativas ($P < 0.05$) por

efecto del genotipo y el tercio de lactancia, siendo el homocigoto BB el que presentó mayor porcentaje de proteína y en el tercer tercio de lactancia.

Palabras clave: industrialización láctea, PCR-SSCP, porcentaje de grasa, tercio de lactancia.

Key words: fat percentage, lactation phase, milk industry, PCR-SSCP.

Relación entre medidas de la ubre y el desempeño productivo-reproductivo en vacas Holstein en el CIC Santa María del Puyón de la Universidad de La Salle¹

Relationship between Udder measurement and productive-reproductive performance in Holstein Cows at the CIC Santa María del Puyón de la Universidad de La Salle

Juan Carlos Velásquez M², MV MSc; Judith Castiblanco B², Zoot Esp

¹Trabajo de Investigación de la línea Mejoramiento Animal Tropical, Facultad Ciencias Agropecuarias, programa Zootecnia Universidad de La Salle.

²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Programa de Zootecnia Universidad La Salle

Con el propósito conocer las relaciones fenotípicas entre medidas volumétricas del pezón y medidas lineales de la ubre en vacas Holstein con sus niveles de productivos y reproductivos en el Centro de Investigaciones Santa María del Puyón de la Universidad de La Salle, se desarrolló un estudio para evaluar el tipo funcional de ubre mas adecuado con la producción de leche. Las vacas Holstein múltiparas (n=69) fueron evaluadas por su desempeño productivo y reproductivo con ayuda del programa GANADERO. El análisis estadístico incluyó evaluación descriptiva, análisis de normalidad y de correlaciones simples utilizando el software SAS, versión 9. Los promedios de las medidas lineales de la ubre según escala 1-9 fueron: Inserción Posterior (IP) $5,43 \pm 0,74$, Inserción Anterior (IA) $5,35 \pm 1,33$, Amplitud Posterior (AP) $5,75 \pm 1,18$ y Profundidad de la Ubre (PU) $4,81 \pm 0,94$. Las medidas volumétricas del pezón tomadas con vernier fueron: Longitud Posterior (LPP) $3,39 \pm 0,68$ cm., Longitud Anterior (LAP) $3,93 \pm 0,97$ cm. y Ancho de Pezón (APE) $2,32 \pm 0,62$ cm. Los promedios de las medidas productivas y reproductivas de las vacas fueron: Producción de Leche Año (PLA) $4.842,81 \pm 1.440$ kg., Intervalo entre Partos (IEP) $492,4 \pm 107$ días e Índice de Vaca (IV) $152,02 \pm 66$. La PLA estuvo positivamente correlacionada con Número de Partos (0,49) y el Índice de Vaca (0,38) y antagónicamente correlacionada con IEP (-0,20). Las medidas volumétricas: LAP (0,59) y LPP (0,47) se correlacionaron significativamente con PLA. La LAP también se correlacionó significativamente con: Número de partos (0,54), Índice de Vaca (0,43) y duración de lactancia (0,48). Las medidas lineales de la ubre IA y PU presentaron correlaciones significativas con PLA (0,25 y 0,35, resp.). Las medidas LAP y LPP se correlacionaron significativamente con PLA (0,59 y 0,47, resp.). El IEP se correlacionó significativa y antagónicamente con las medidas lineales de la ubre: IA (-0,041), IP (-0,27) y PU (-0,25), indicando que vacas con ubres descolgadas tuvieron un IEP más largos que vacas con ubres bien insertadas. Los resultados del estudio indicaron la utilidad de incluir medidas lineales de la ubre y volumétricas del pezón en programas de selección de vacas Holstein tendientes a mejorar la productividad de hatos de lecherías especializadas en trópico alto.

Palabras clave: correlaciones, Holstein, medición lineal, producción de leche, ubre.

Key words: correlations, Holstein, linear measurement, milk yield, udder.

Selección genética del cruzamiento ovino criollo x dorper en el Valle del Cesar¹

Genetics selection of sheep creole crossing x dorper in the Valley of Cesar

Luisa Fernanda Peña Cortes², Bact Msc; Gustavo Rodríguez Fernandez², MVZ; Belisario Roncallo², MVZ MSc; Gustavo Alfonso Ossa Sanz², Zoot MSc PhD; Jose Mojica², MVZ MSc; Jorge Silva², MVZ; Edwin Castro², MVZ MSc; Rodrigo Vásquez², MVZ MSc.

¹Proyecto financiado por Ministerio de Agricultura

²Corpoica Estación Experimental Motilonía. Cel.3006785539. pequepena1@hotmail.com

La explotación ovina en la región se desarrolla bajo sistemas de producción extensivos, los cuales se caracterizan por un manejo tradicional e inadecuado, donde los animales no son separados por categorías según edades, sexo, tamaño, papel productivo, estado fisiológico; además, la ausencia de orientación genética y proyección en el mejoramiento genético del rebaño genera una descendencia de baja producción y sin posibilidades de mejorar su valor genético. El presente proyecto tiene por objeto contribuir con la estructuración de programas de mejoramiento genético a partir del cruzamiento de ovinos de pelo Criollos y Dorper. Los genes serán identificados usando una estrategia denominada posicionamiento genético asociado a un análisis de selección de padres segregantes de genes candidatos asociados al crecimiento, en donde el gen de interés será asignado a un segmento cromosomal, mediante la construcción de un mapa de ligamiento utilizando marcadores moleculares de tipo microsatélite altamente polimórficos y estrechamente ligados a la mutación funcional que afecta el fenotipo. Estos marcadores serán escogidos de mapas genéticos de acceso público para asegurar una completa cobertura del genoma con un número mínimo de marcadores. Posteriormente, para la detección de los genes asociados al crecimiento (hormona del crecimiento, factor de crecimiento insulínico y el gen de proteína de unión de factor de crecimiento insulínico) se utilizará un paquete estadístico (Mapeo por intervalos), el cual asocia los genotipos de los microsatélites y los efectos fenotípicos obtenidos a partir de las características fenotípicas de carne. A continuación, una vez detectados estos genes asociados al crecimiento, se implementará el uso de un kit diagnóstico de marcadores para la característica de ganancia de peso, con lo cual se seleccionarán aquellos individuos que segreguen la característica, y que luego serán usados en los diferentes programas de mejoramiento asistido por marcadores moleculares.

Palabras clave: crecimiento, mapeo, microsatélites.

Key words: growth, mapping, microsatellites.

Tendencia de la heredabilidad para características de crecimiento como indicador de mantenimiento de la variabilidad genética en la raza criolla colombiana BON

Heritability trends for growth traits as an indicator of maintenance of genetic variability in the colombian Creole Cattle BON breed

Gallego Jaime¹, MV; Juan Fernández², Est MVZ; Rodrigo Martínez³, Zoot MSc PhD

¹Estación Experimental El Nus, San Roque, Antioquia, CORPOICA. jgallego@corpoica.org.co

²Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba. juanfermi30@hotmail.com

³Centro de Investigación Tibaitatá, Mosquera (Cundinamarca),

CORPOICA. ramartinez@corpoica.org.co, rodmartin19@hotmail.com

El esquema de conservación del Banco de Germoplasma de la raza criolla colombiana Blanco Orejinegro en la Estación experimental el Nus, pretende mantener la variación genética de la raza, por lo cual es necesario monitorear los parámetros genéticos como la heredabilidad y efectos ambientales, esta estrategia nos permite conservar las frecuencias de muchos genes que influyen en una característica productiva. Este trabajo busca estimar valores de heredabilidad aditiva directa, materna y la variación debida al ambiente permanente de caracteres de crecimiento y determinar su tendencia en el período 1990 a 2009, para las variables peso al nacimiento (PN), peso al destete ajustado a los 240 días (PAJ240) y peso ajustado a los 480 días (PAJ480). Para este fin se utilizó la metodología de máxima verosimilitud restringida libre de derivadas (DFREML), se ajustó un modelo animal que incluyó efectos genéticos directos, maternos y de ambiente permanente, asumiendo como efectos fijos el año y época de nacimiento, el sexo del ternero y como covariable la edad de la madre al parto. Encontramos que para PN el 37% de la variación fenotípica del carácter se debe a efectos genéticos directos crecientes, sin embargo los efectos genéticos se reducen al 18 y 16% al destete (240 días) y a los 16 meses respectivamente. Indicando una contribución significativa del efecto ambiental en la variabilidad fenotípica. Para la tendencia de la heredabilidad en el periodo de 1990 a 2009, se encontró en PN una reducción en la desviación estándar, pero con un comportamiento decreciente para el efecto materno. Indicando una reducción gradual de los efectos ambientales, posiblemente debido al mejoramiento de manejo. Los caracteres restantes presentaron un comportamiento estable a través del tiempo, resaltando una reducción en la desviación estándar de los parámetros, indicando un mejoramiento a través del tiempo de éste banco de germoplasma criollo. En conclusión, los valores de heredabilidad registrados para el PN en los últimos 18 años han presentado comportamiento creciente, mientras que para PAJ240 y PAJ480, se observó una tendencia estable a través de los años, indicando que la estrategia de manejo genético de este núcleo ha permitido mantener la variabilidad genética.

Palabras clave: blanco orejinegro, BON, efectos genéticos directos, heredabilidad, parámetros productivos.

Key words: BON, direct genetic effects, heritability, productive parameters.

Transmisión génica en poblaciones híbridas de tres líneas puras de guppy, *Poecilia reticulata*

Genic transmission in hybrid population of three lines of Guppy, Poecilia reticulata

Leal Gutiérrez Joel David, Zoot; Manrique Perdomo Carlos, Zoot PhD; Urueña Bermeo Freddy Roberto, MV

Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Departamento de Producción Animal, sede Bogotá.

El guppy posee gran variabilidad fenotípica, causada por genes ligados físicamente al cromosoma Y, recombinantes entre X y Y, y autosomales, con influencia del nivel de testosterona en su expresión. Se utilizó esta especie como modelo experimental, por sus características genéticas y reproductivas, para evaluar la transmisión génica de tres diseños de color existentes en tres líneas comerciales, correspondientes al diseño Tuxedo (Bcp), Cobra (Ssb) y Franjas naranjas (Cfb); se formularon composiciones genotípicas para cada fenotipo y se estableció la forma de herencia de los tres diseños. Esto se desarrolló por medio de cruces entre las tres líneas, con discriminación según origen materno, realizando el mismo cruce por variedad pero alternando los parentales, para un total de seis cruces diferentes. Las hembras parentales fueron fecundadas inicialmente por machos de su misma variedad y luego expuestas a machos de la variedad de cruce, para producir en una misma camada, animales puros y animales híbridos. A partir de los cruces parentales, se obtuvieron cinco poblaciones en la F1, en las cuales se establecieron las frecuencias génicas de cada uno de los dos diseños utilizados en cada población. Se obtuvieron cinco poblaciones F2, que proporcionaron las frecuencias fenotípicas observadas para cada diseño y aplicándose una prueba de χ^2 , se compararon con las frecuencias esperadas, determinadas por medio de la segregación génica en los gametos producidos por machos y hembras independientemente y su combinación para formar los cigotos. Se presentó epítasis (12:3:1) del diseño Bcp sobre Ssb y Cfb, y de este último sobre Ssb y se estableció que estos tres genes son dependientes del nivel de testosterona en la hembra, explicando el dimorfismo sexual de esta especie, comportándose Cfb como un gen autosomal y Bcp y Ssb como recombinantes entre X y Y, formulándose la composición genotípica para cada fenotipo. Se presentaron frecuencias génicas iguales entre las poblaciones F1 y F2 con una confiabilidad entre el 83,85% y 99,9%, estableciendo la inexistencia de factores externos como migraciones, mutaciones y selección y factores internos, como diferencias en viabilidad y competitividad de algún fenotipo y preferencias reproductivas, confirmando que las frecuencias génicas se mantienen inalteradas.

Palabras clave: Bcp, Cfb, Diseño del color, frecuencias génicas, Ssb.

Key words: Bcp, Cfb, genic frequencies, pattern color, Ssb.