

**GMA**

**GENÉTICA Y  
MEJORAMIENTO  
ANIMAL**

**ANIMAL GENETICS  
AND BREEDING**



## GMA 1

## ANÁLISIS GENÓMICO POBLACIONAL EN CABRAS CRIOLLAS ARGENTINAS MEDIANTE TÉCNICAS DE GENOTIPIFICADO MASIVO BASADAS EN POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE (SNP)

Ziegler T.E.<sup>1</sup>, J. Lozina<sup>2,3</sup>, A. Antonini<sup>4</sup>, S. Demyda Peyrás<sup>4,5</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Ingeniero Fernando Noel Dulout", Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina;  
<sup>2</sup>Ministerio de Producción, Industria y Empleo de la Provincia del Chaco, Programa Caprino-ovino, Chaco, Argentina;  
<sup>3</sup>Cátedra de Farmacología y Toxicología. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina;  
<sup>4</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina;  
<sup>5</sup>Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España. E-mail: zieglertatiana@gmail.com

Las cabras son un importante recurso para el desarrollo comunitario a través de la producción pecuaria local, dada su adaptación local a condiciones productivas adversas. El presente trabajo pretendió brindar una primera aproximación a las diferencias genéticas en la población de cabras criollas argentinas utilizando datos genómicos basados en SNP-array. Se analizaron genotipos de 33 cabras criollas (CRA) provenientes de comunidades ubicadas en las provincias de Córdoba y Chaco, secuenciados mediante Illumina 55K Goat Bead-Chip (53.347 SNP). Estos genotipos fueron comparados con datos de cabras criollas del Perú (CRP, n=13) y México (CRX, n=14), así como con cabras lecheras (Payoya, PAY, n=20) y carniceras (Blanca Andaluza, BS, n=22) de España. Se realizaron análisis genómicos de diferenciación entre las poblaciones mediante componentes principales (ACP) e índice  $F_{ST}$ . Los resultados obtenidos demuestran una clara diferenciación entre las poblaciones españolas (PAY y BA) y las cabras criollas de Argentina y Perú ( $F_{ST} \approx 0,06$ ). Las CRX demostraron un patrón genómico intermedio con valores de  $F_{ST} \approx 0,3$ , siendo para cabras españolas como criollas de Sudamérica ( $F_{ST} \approx 0,025$ ). Finalmente, las CRP y CRX fueron las más similares entre los grupos estudiados. Esta diferenciación también se notó en el ACP, con valores  $CP_1 = 2,55\%$  y  $CP_2 = 5,57\%$ . Nuestros resultados ponen de manifiesto la existencia de un patrón genómico diferencial en poblaciones caprinas de la República Argentina.

## GMA 2

## ANÁLISIS DE LOS NIVELES DE CONSANGUINIDAD Y RELACIONES GENÓMICAS EN POBLACIONES DE BOVINOS CRIOLLOS

Marcuzzi O.<sup>1</sup>, F. Calcaterra<sup>1</sup>, A. Loza Vega<sup>1</sup>, F. Ortega Masagué<sup>2</sup>, E. Armstrong<sup>3</sup>, J.A. Pereira Rico<sup>4</sup>, P. Peral Garcia<sup>1</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout" (IGEVEV), UNLP-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, Buenos Aires, Argentina;  
<sup>2</sup>Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido (IIACS-INTA), Tucumán, Argentina;  
<sup>3</sup>Unidad Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Uruguay;  
<sup>4</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Autónoma Gabriel René Moreno, Bolivia. E-mail: olimarcuzzi@gmail.com

Las poblaciones de bovinos criollos han sufrido durante las últimas décadas una drástica reducción poblacional debido a cruzamientos absorbentes o reemplazo con razas comerciales de origen europeo o índico. Es por esta razón que el objetivo del presente trabajo consistió en evaluar los niveles de consanguinidad y las relaciones de parentesco mediante el uso de información genómica en siete poblaciones de bovinos criollos de Argentina, Bolivia y Uruguay: Criollo Argentino (N=192), Criollo de Oruro (N=52), Criollos de Cochabamba (N=14), Criollo de La Paz (N=9), Criollo Saavedreño (N=39), Criollo Yacumeño (N=17) y Criollo Uruguayo (N=14). Los ADN se genotipificaron mediante los *microarrays* Bos 1 y ArBos 1. La consanguinidad se calculó mediante los índices  $F_{ROH}$ ,  $F_{IS}$  e IBC (Fhat1 y Fhat3) implementados en el *software* PLINK 1.9, y las relaciones de parentesco a través del comando *make-king-table* incluido en la versión 2.0 de dicho programa. En ambos casos se utilizó la información de los SNPs comunes entre los *microarrays* empleados (48.360 SNPs). Las estimaciones de los valores medios de los coeficientes de consanguinidad para cada población variaron:  $F_{ROH}$  entre 0,0023 y 0,0048,  $F_{IS}$  entre 0,073 y 0,203, Fhat1 entre 0,011 y 0,710 y Fhat3 entre 0,032 y 0,446. Las estimaciones de parentesco mostraron un valor medio de entre -0,068 y 0,05. Los resultados obtenidos fueron similares a lo observado en otras razas taurinas y cebuinas, evidenciando que, a pesar de la reducción y estructuración poblacional, las poblaciones criollas no presentan valores extremos de consanguinidad y parentesco.

### GMA 3

## CARACTERIZACIÓN GENÓMICA BASADA EN SNP<sub>s</sub> DE UNA POBLACIÓN DE GANADO BOVINO CRIOLLO ARGENTINO PATAGÓNICO

Karlau A.<sup>1,2</sup>, D.Y. Estévez<sup>3,4</sup>, E. Género<sup>4</sup>, S. Demyda Peyrás<sup>5,6</sup>.  
<sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, CCT La Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Grupo de Citogenética de Insectos, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBEA), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina; <sup>4</sup>Laboratorio de Biotecnología, IIPAAS, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina; <sup>5</sup>Universidad de Córdoba, Córdoba, España; <sup>6</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: akarlau@fcv.unlp.edu.ar

El Bovino Criollo Argentino Patagónico (BCP) es una estirpe autóctona adaptada, criada durante 60 años bajo selección natural en Parque Nacional Los Glaciares (Argentina). Su biotipo es relativamente pequeño y posee adaptación a climas patagónicos. El objetivo fue comparar mediante enfoque genómico basado en SNP-*array* la población de BCP, la población de Bovino Criollo Argentino del norte del país (BCA) y siete razas bovinas de diferentes orígenes. Empleamos datos genómicos de 106 individuos: 15 BCP, 5 BCA, 10 Cárdenos Andaluces (CAR), 7 Costeños con Cuernos (CCC), 9 Florida Crackers (CRK), 29 Holsteins (HOL), 9 Retintos (RET), 8 Criollos Romosinuano (RMS) y 14 Shorthorn (SHO), incluyendo 14.450 SNPs obtenidos del GGP Bovine 100K SNP-*array* (Illumina Inc.). El análisis incluyó tres enfoques genómicos: análisis de componentes principales (ACP), índice de diferenciación  $F_{ST}$  y AMOVA. Los resultados del ACP mostraron clara diferenciación entre BCP y las otras razas siendo los dos primeros componentes responsables del  $\approx 12\%$  de la variación total. El  $F_{ST}$  mostró que BCP está genéticamente más cercano a razas españolas -CAR (0,09) y RET (0,11)- y BCA (0,10), en comparación con el resto -CCC, HOL y RMS (0,13) y CRK y SHO (0,14)-. El AMOVA indicó que la variación entre razas fue 12,82%, apoyando los resultados previos. Nuestros resultados demuestran que BCP se diferenció genéticamente de otras razas, las cuales fueron sometidas a presión de selección antrópica y también de la estirpe BCA. Este estudio realza la importancia del BCP como reserva local de variabilidad genética en la especie bovina.

### GMA 4

## EFFECTOS MATERNOS PARA PESO AL DESTETE EN BOVINOS CRIOLLOS ARGENTINOS

Topayan M.V., L. Erneta, N.N. Abbiati, E. Género, R.D. Martínez. Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina. E-mail: vtopayan@agrarias.unlz.edu.ar

La habilidad materna (HM) de una hembra consiste en dar a su cría un ambiente adecuado para el crecimiento y desarrollo hasta el destete. El peso al destete (PDTT) es una variable aleatoria influida por la HM; esta última puede estimarse a partir del PDTT. El objetivo fue estimar la HM y sus componentes de varianza en vacas de raza criolla argentina. Se usó una base de 1.603 datos de PDTT correspondientes a 192 vacas apareadas con 59 toros de la misma raza y un *pedigree* de 1.706 animales. El rodeo se ubica en 25 de Mayo, Bs. As. El PDTT se ajustó a 220 días de edad. Se utilizó un modelo animal con efectos maternos:  $y = Xb + Zu + Wm + Spe + e$ , donde  $y$  es el vector de observaciones para PDTT;  $b$ , el vector de efectos fijos (edad al primer parto de la madre-2 niveles, año de nacimiento del ternero-32 niveles, categoría de nacimiento del primer ternero-3 niveles, sexo de la cría-3 niveles, primer ternero o no-2 niveles);  $u$ , el vector de efectos genéticos directos;  $m$ , el vector de efectos genéticos maternos aditivos;  $pe$ , el vector de efecto del ambiente permanente materno y  $e$ , el vector de errores. Se utilizó BLUPF90+ para realizar las estimaciones. Los componentes de varianza estimados fueron 133,3 kg<sup>2</sup> para el efecto genético directo, 90,91 kg<sup>2</sup> para el efecto materno y 28,7 kg<sup>2</sup> para el ambiente permanente y 308,2 kg<sup>2</sup> para el error. La heredabilidad del efecto materno fue 0,16 $\pm$ 0,09 y su repetibilidad 0,21 $\pm$ 0,05. La HM osciló entre -16,9 $\pm$ 11,0 kg y 16,5 $\pm$ 8,5 kg con una mediana de 1,3 kg y una media de 0,37 $\pm$ 7,77 kg. De acuerdo con los resultados obtenidos, se considera viable mejorar la HM vía selección.

## GMA 5

## PARÁMETROS GENÉTICOS Y DEP<sub>s</sub> PARA PESO AL DESTETE EN BOVINOS CRIOLLOS ARGENTINOS

Erneta L., M.V. Topayan, N.N. Abbiati, E. Género, R.D. Martínez. Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina. E-mail: luciana.erneta@hotmail.com

El peso al destete (PDTT) es una variable de importancia productiva en bovinos para carne. El objetivo del trabajo fue describir el PDTT en un rodeo de la raza bovina criolla argentina. Se empleó una base de datos con 1.603 registros para PDTT correspondientes a 192 vacas de la raza bovina criolla argentina que ya finalizaron su vida productiva, apareadas con 59 toros, y un *pedigree* de 1.706 animales. El rodeo está ubicado en 25 de Mayo, Buenos Aires. El PDTT se ajustó a 220 días de edad. Para el análisis se empleó un modelo animal con efectos maternos:  $y = Xb + Zu + Wm + Spe + e$ , donde  $y$  es el vector de observaciones (PDTT ajustado a los 220 días);  $b$ , el vector de efectos fijos (edad al primer parto de la madre-2 niveles, año de nacimiento del ternero-32 niveles, categoría de nacimiento del primer ternero-3 niveles, sexo de la cría-3 niveles, caso de ser el primer ternero-2 niveles);  $u$ , el vector de efectos aleatorios (valor de cría) para todos los animales de la genealogía, siendo la diferencia esperada en la progenie (DEP) la mitad del valor de cría;  $m$ , el vector de efectos genéticos maternos aditivos para todos los animales;  $pe$ , el vector correspondiente al efecto del ambiente permanente materno y  $e$ , el vector de efectos residuales. Se utilizaron los *softwares* RENUMF90 y BLUPF90+ para procesar los datos. La heredabilidad del PDTT estimada fue de  $0,24 \pm 0,09$ . La media de PDTT fue de  $229 \pm 29,3$  kg. Las DEPs para PDTT oscilaron entre  $-8,4 \pm 5,0$  kg y  $10,4 \pm 5,0$  kg con una mediana de 0,5 kg. La heredabilidad estimada sugiere la posibilidad de emplear selección como método de mejora.

## GMA 6

## ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DEL GEN BOVINO DE CALPASTATINA

Corva P.M.<sup>1</sup>, M.M. Motter<sup>2</sup>, L.A. Soria<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, UBA, CABA, Argentina. E-mail: pcorva@mdp.edu.ar

El gen bovino de calpastatina es conocido por su rol en el proceso de tiernización de la carne *post-mortem*. Además, presenta una sofisticada regulación de la expresión: tres promotores, *splicing* alternativo y puntos variables de poli-adenilación. El objetivo fue caracterizar la variabilidad del gen en razas bovinas, utilizando metodologías bioinformáticas. Se descargaron archivos “vcf” del Proyecto “1000 Bull Genomes” (PRJEB42783; <https://www.ebi.ac.uk/eva/>). Se seleccionaron dos razas británicas (102 Angus y 72 Hereford), dos continentales (72 Charolais y 39 Limousin), dos lecheras (191 Holstein y 61 Jersey), todas de la especie *Bos taurus* y una cebuina *Bos indicus* (55 Brahman). Las variantes se filtraron por calidad y frecuencia alélica (0,05 a 0,95) en la plataforma Galaxy (<https://usegalaxy.org/>). Se analizaron haplotipos con PLINK 1.9 y Haploview. El análisis de diversidad genética (*Fst*) se hizo con DnaSP. Se encontraron 1.142 SNPs y 84 Indels (32 variantes nuevas) ubicadas principalmente en intrones (87%), regiones no codificantes (9%), regiones codificantes (1% sinónimos) y 3'UTR (1%). Cinco variantes no sinónimos generan cambios en las tres isoformas. Se halló un alto desequilibrio de ligamiento en razas europeas y un número reducido de haplotipos. El rango de *Fst* entre razas fue 0,013 a 0,178 pero no se encontró un patrón de diversidad genética asociado al biotipo productivo. Las frecuencias alélicas mostraron la mayor diferenciación entre razas europeas y Brahman en los tres promotores.

## GMA 7

### EFFECTO DEL CONSUMO DE FESTUCA INFECTADA CON *Epichloë coenophiala* EN LA EXPRESIÓN GÉNICA EN SANGRE DE VACAS ANGUS

Balbi M.<sup>1</sup>, J.M. Anchordoquy<sup>1</sup>, J.P. Anchordoquy<sup>1</sup>, N. Farnetano<sup>1</sup>, F. Fernandez<sup>1</sup>, D. Rodríguez<sup>2</sup>, C. Furnus<sup>1</sup>, P. Peral Garcia<sup>1</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>, M.E. Fernandez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout" (IGEVET), UNLP-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Cátedra de Forrajes, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mariaelenafk@gmail.com

La festuca alta (*Lolium arundinaceum*) es una gramínea forrajera que tiene una relación simbiótica con el hongo endófito *Epichloë coenophiala*. Al ser consumido por los bovinos este hongo produce síndrome distérmico (festucosis) afectando la producción en los sistemas de cría. El objetivo de este trabajo fue identificar genes diferencialmente expresados (DEG) en sangre de vacas Angus como resultado del consumo de festuca infectada. Las vacas se mantuvieron por 117 días en: i) potreros con 25% de festuca (n = 20) y ii) potreros con 75% de festuca (n = 20). En ambos, el 96% de las semillas de festuca estuvieron infectadas. El nivel de intoxicación se evaluó mediante el estrés térmico (temperatura rectal) y los individuos extremos (caso, n = 6 y control, n = 6), se analizaron mediante RNA-seq (Illumina NovaSeq 6000, 150PE). Las secuencias se alinearon al genoma ARS-UCD1.2 usando el software STAR y se cuantificaron con FeatureCounts. Los DEG se identificaron con DESeq2. Se observaron 661 DEG ( $P_{Adj} < 0,01$ ). El análisis funcional reveló términos de ontología génica altamente significativos, principalmente asociados a procesos infecciosos y a respuesta inmune como defensa antiviral (GO:0051607), inmunidad (GO:0002376), respuesta inflamatoria (GO:0006954) y respuesta al estrés, y rutas metabólicas enriquecidas asociadas a sistema inmune (R-BTA-168256), señalización mediante interferones (R-BTA-913531), influenza A (KEGG bta05164) y hepatitis C (KEGG bta05160). Los resultados indican que la intoxicación por este hongo produce una significativa respuesta inmunitaria en los bovinos.

## GMA 8

### COMPARACIÓN DE DOS FLUJOS DE TRABAJO BIOINFORMÁTICOS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS DE ddRAD-seq Y SUS APLICACIONES

Ferrari C.<sup>1</sup>, E. Bianchi<sup>2</sup>, N. Aguirre<sup>3</sup>, F. Carla<sup>4</sup>, C. Acuña<sup>3</sup>, S. Lanzavecchia<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigación Animal del Chaco-Semiárido (IIACS-INTA), Santa Rosa de Leales, Tucumán, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVyA, INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; <sup>5</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), IABIMO, CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. E-mail: cferrari436@comunidad.unnoba.edu.ar

Las técnicas de genotipificación por secuenciación como ddRADseq (*double digest restriction-site associated sequencing*) permiten obtener una representación reducida del genoma mediante el uso de enzimas de restricción, disminuyendo los costos de secuenciación y posibilitando la inclusión de un número mayor de organismos como muestra. Después de la secuenciación, los datos se vuelven a ensamblar en loci y, posteriormente, los polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) se identifican en esas secuencias ensambladas. Uno de los programas más utilizados para procesar datos de ddRADseq es Stacks; los loci se pueden usar para analizar marcadores para genómica de poblaciones, filogeografía, y filogenómica. En el presente trabajo se propuso procesar los datos de secuenciación de ddRADseq obtenidos de seis *pools* de muestras correspondientes a tres colonias de *Apis mellifera*, a través de dos flujos de trabajo distintos utilizando el software Stacks; con "ref\_map.pl" (ref map), se mapearon las lecturas a un genoma de referencia (Amel\_HAV3.1) para su posterior procesamiento con comandos en sistema operativo Linux, y mediante "denovo\_map.pl" (denovo map) las secuencias se ensamblaron *de novo* en la plataforma de Galaxy Europe. Ambas estrategias demostraron tener sus ventajas y utilidades, en particular, ref map, permitió caracterizar las muestras e identificar SNPs en genes anotados para la especie, mientras que denovo map posibilitó la exploración de secuencias extranucleares como lecturas mitocondriales y de endosimbiontes.