

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO

FACTORES AMBIENTALES Y GENÉTICOS QUE INFLUYEN SOBRE LA EDAD AL PRIMER PARTO EN HEMBRAS ROMOSINUANAS. *Ossa G.A 1, Pérez J.E 2. 1Centro Investigaciones, Corpoica, Turipaná. 2Centro Investigaciones; Turipaná. webmaster@turipana.org.com*

Fueron estudiados 1.336 datos de la edad al primer parto, de hembras de la raza Romosinuano, nacidas en el Centro de Investigaciones Turipaná de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Corpoica), situado en el Valle del Sinú, en el período de 1980 al 2001. Para el análisis estadístico se utilizó los procedimientos estadísticos PROC GLM y PROC VARCOM de SAS (1988). En el estudio existió efecto significativo del año de nacimiento, no así para la época, sexo y efecto del toro sobre la edad al primer parto. La media estimada para la edad al primer parto fue de $1162,29 \pm 186,02$ días. La heredabilidad, calculada por la correlación intraclase entre medios hermanos paternos, fue de $0,30 \pm 0,13$.

FACTORES AMBIENTALES Y GENÉTICOS RELACIONADOS CON EL INTERVALO ENTRE PARTOS EN LA RAZA ROMOSINUANO. *Ossa G.A1, Pérez J.E2. 1Centro Investigaciones, Corpoica, Turipaná. 2Centro Investigaciones; Turipaná. webmaster@turipana.org.co*

Se estudiaron 1.428 intervalos entre partos de hembras Romosinuanas, ocurridos entre 1980 al 2001, en el Centro de Investigación Turipaná, de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Corpoica), situado en el Valle del Sinú. La media estimada para el intervalo entre partos fue de $416,41 \pm 114,07$ días. El análisis mostró que el año, el orden de parto, y el sexo del ternero están significativamente asociados al intervalo entre partos, no así el mes del parto. Los resultados indican que posibles comparaciones entre los intervalos entre partos de diferentes vacas deben ser hechos dentro de un mismo año. Las vacas que parieron en los dos primeros meses del año presentaron menores intervalos entre partos que las que parieron en los meses de marzo y abril. Los mayores intervalos entre partos ocurren entre el primero y segundo parto, disminuyendo la duración a medida que aumento el orden de los partos. La estimativa de la heredabilidad a través de la correlación intraclase entre medias hermanas paternas fue de $0,14 \pm 0,057$.

POLYMORPHISMS DETECTION OF SHORT TANDEM REPEATS (STRS) IN THE BOLA REGION, AND ANALYSIS OF THEIR ASSOCIATION WITH BOVINE MASTITIS OCCURRENCE AND SOMATIC CELL COUNTING IN HOLSTEIN BREED. *Rodríguez P, Montoya J, Restrepo F, Trujillo E. Laboratorio de Genética y Mejoramiento Animal, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. paogen@epm.net.co*

Bovine mastitis is a common and expensive disease, resulting from environmental conditions, exposure grade to pathogens, and individual susceptibility. It can be potentialized by physiologic and nutritional agents, post-partum complications, and immunosuppression stages in the lactating cycle. The signs and effects vary according to factors in the host and in the pathogen, evidencing an individual susceptibility to the infection proliferation. In this study, we determine, by means of linkage disequilibrium analysis, the existence of non spurious associations among polymorphisms in five STRs (CYP21, BoLA-DRB3, UWCA1, BM1818, TAMLS113-2) located in region BoLA, and the susceptibility/resistance to mastitis in Holstein population in Antioquia (Colombia). Statistically significant deviation from Hardy-Weinberg expectations was found at the three locus in the population; The most common genotypes were CYP21*14/14 (frequency of 0.1392 and 0.1781), UWCA1*14/16 (frequency of 0.4583 and 0.3953). The BoLA-DRB3 alleles were uniformly distributed in both populations, being the most polymorphic of the three STRs analyzed. Allelos CYP21*19, BoLA-DRB3 23 and 26, TAMLS113-2*11 showed a favorable tendency in the susceptibility to bovine mastitis, and a high somatic cells counting in the case population, while alleles BoLA-DRB *30 and *31 and UWCA1*15, seem to be associated with resistance and low somatic cells counting in the control population.

BOVINE KAPPA-CASEIN AND ITS ASSOCIATION WITH SOMATIC CELL COUNT IN HOLSTEIN CATTLE. *Usme-Ciro J, Restrepo F, Trujillo E. Laboratory of Animal Genetics, Institute of Biology, University of Antioquia, Medellín, Colombia. etbravo@epm.net.co*

It was evaluated the association of genotypes AA, AB, and BB of kappa-casein (CSN3), and the somatic cells count (SCC), using a simple correlation between detected genotypes and the SCC, as qualitative class variables, as well as the relation between the occurrence of recurrent clinical mastitis and the genotypes. A total of 145 Holstein breed cows were sampled for milk and blood in different farms of Antioquia, Colombia. The fragment of gene was amplified by polymerase chain reaction, the amplified fragment was restricted with restriction endonuclease Hinf I and visualized on agarose gel electrophoresis. For the milk samples, the SCC was quantified and classified in two ranges. In the range 1 were included animals whose SCC did not exceed 300×10^3 cells/ml, and in the range 2 were included animals with a SCC higher than 300×10^3 cells/ml. According to the obtained results, we can conclude that there is a relationship between the genotypes AA and AB of CSN3 and the SCC. This relationship is more evident for the genotype AA that shows a greater tendency of association with the low somatic cells count. This work also contributes to the evaluation of the impact on the animal health derived of the selection for economic importance characteristics.

EVALUACIÓN DE MARCADORES GENÉTICOS PARA PRUEBAS DE PATERNIDAD EN CABALLOS CRIOLLOS COLOMBIANOS. Gómez, N.A 1, Ariza M.F2 y Jiménez L.M 1. 1 Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia Universidad Nacional de Colombia- Sede Bogotá, Grupo: Recursos Genéticos en los Sistemas de Producción Animal. 2 CORPOICA-CEISA fariza@uolpremium.net.co, dlmjimene@unal.edu.co.

Con el propósito de caracterizar genéticamente una población de equinos colombianos. Un total de 12 marcadores tipo microsatélite fueron empleados para evaluar genéticamente una población de 100 equinos criollos no emparentados. Muestras de sangre y del folículo piloso fueron obtenidas a partir de animales no emparentados y estas, se utilizaron para la extracción y purificación del ADN genómico el cual fue utilizado para amplificar los marcadores en un sistema de multiplexes de 2, 3 y 4 microsatélites. Análisis de las frecuencias alélicas y genotípicas, equilibrio de Hardy Weinberg y heterocigosidad se realizaron mediante la aplicación de paquetes estadísticos para estudios poblacionales. Esta investigación permitirá conocer y conservar los recursos genéticos del caballo criollo colombiano presente en nuestro medio e iniciar el establecimiento del banco de ADN para la especie equina en Colombia y así mismo realizar las pruebas de paternidad para equinos criollos colombianos solicitadas por propietarios y criadores de caballos, dada la necesidad de verificar el parentesco de un animal en procesos reproductivos como la inseminación artificial y transferencia de embriones especialmente en los equinos criollos colombianos. Además, de la identificación en caso de accidentes, pérdidas, robos de estos, certificación de filiación y muerte, entre otras situaciones.

COMPARACIÓN GENÉTICA DE REPRODUCTORES BRAHMAN NACIONALES Y EXTRANJEROS A TRAVÉS DEL MODELO ANIMAL PARA PESOS AL DESTETE Y A LOS DIECIOCHO MESES. Alvarez D, Montoya C1, Arboleda, E2. 1Departamento de Producción animal. Grupo de Investigación Estimación de parámetros genéticos. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. 2 Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad de Antioquia. Instituto Politécnico Colombiano. cmontoya@unalmed.edu.co

Se realizó la comparación de los valores genéticos de reproductores de la raza Brahman nacionales y extranjeros, estimados a través de su descendencia y otros parientes, para las características peso al destete y 18 meses en tres haciendas del departamento de Sucre. Se recopilieron 3534 datos correspondientes a 87 toros para la característica peso al destete y 761 datos de 54 toros para el peso a los 18 meses, los cuales fueron obtenidos del año 1994 al 2002. Para determinar la incidencia de los diferentes efectos medio ambientales sobre los pesos al destete y dieciocho meses, se utilizaron dos modelos estadísticos respectivamente los cuales fueron resueltos a través del programa S.A.S versión 6.3 (1989-1996). Los valores genéticos de los toros nacionales y extranjeros, en la finca, fueron estimados a través del modelo animal, el cual se basa en un modelo mixto, que tiene en cuenta simultáneamente tanto los efectos genéticos como medio ambientales. Esto se hizo utilizando el programa MTDFREML. Se realizó además un análisis de varianza para los valores de cría de los toros según la procedencia, nacionales o extranjeros, la cual no fue significativa para ninguna de las dos características. No se pudo demostrar la presencia de la interacción genotipo ambiental ya que las correlaciones genéticas entre los valores de cría estimados en la hacienda y en otras donde los sementales fueron usados, no mostraron significancia estadística. Una de las principales conclusiones del presente trabajo es la de que se deben establecer criterios adecuados de selección tanto para los toros nacionales como para los extranjeros, de tal manera que permitan obtener un progreso genético de las características peso al destete y 18 meses. De lo contrario, no se obtiene ninguna ventaja al comprar semen de toros extranjeros.

ANÁLISIS CITOGÉNICO EN SIETE RAZAS DE BOVINOS CRIOLLOS COLOMBIANOS. Sánchez C. A. 1, Jiménez L. M. 1, Bueno M. L. 2 1Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia - Grupo de Investigación Recursos Genéticos en Sistemas de Producción Animal, 2Facultad de Ciencias Departamento de Biología - Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. casanchezi@hisjavista.com, dlmjimene@unal.edu.co, mlbueno@ciencias.unal.edu.co, fmvzlcit@unal.edu.co,

Con el propósito de contribuir al conocimiento citogenético de las razas de bovinos criollos de Colombia y establecer si existe diferenciación a nivel cromosómico entre las mismas, se realizó el análisis cariológico de 177 animales de las siete razas criollas discriminados así: 29 Blanco Orejinegro; 27 Casanareño; 22 Chino Santandereano; 26 Costeño con Cuernos; 22 Hartón del Valle; 27 Romosinuano y 24 Sanmartinero. Para el estudio de los cromosomas de bovinos criollos se empleó la técnica de cultivo de linfocitos de Iannuzzi (1990), adaptada al Laboratorio de Citogenética de la F.M.V.Z. - U. N.; las metafases obtenidas se trataron mediante las técnicas de Bandas GBG y RBG para identificar los cromosomas y secuencialmente la técnica CBG para el análisis de la región centrómerica en relación con posibles heteromorfismos de heterocromatina constitutiva. Se detectaron cuatro (4) hembras de Romosinuano (23,5%), tres (3) machos de Chino Santandereano (30%) y un (1) macho (10%) y tres (3) hembras de Casanareño (17,6%) que resultaron ser portadores de la translocación Robertsoniana 1/29 identificada mediante bandeo cromosómico RBG; dicha anomalía cromosómica esta asociada con problemas reproductivos en los animales portadores y es reportada en ganados criollos de otros países de Sudamérica. Además se reporta la presencia de cuatro (4) machos de la raza Romosinuano (40%) y diez (10) machos de la raza Casanareño (100%) de los animales analizados, con cromosoma sexual Y de tipo acrocéntrico, característico del ganado Bos Indicus; esto estaría demostrando un alto grado de introgresión genética de las razas cebuínas en las razas criollas colombianas, las cuales se presume son descendientes de ganados Bos Taurus, siendo particularmente preocupante en la raza de ganado Casanareño que es considerada el descendiente mas directo de los bovinos traídos por los conquistadores españoles y en la cual todos los machos analizados presentaron cariotipo de tipo Bos indicus.

CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE CUATRO ESPECIES DE GUACAMAYAS (*Ara ararauna*, *Ara chloroptera*, *Ara macao* y *Ara militaris*) Stelle C, Jiménez L. M, Sánchez C.A. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia Grupo de Investigación Recursos Genéticos y Sistemas de Producción Animal, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá. *Connie_ste@excite.com*, *dlnjimene@unal.edu.co*, *casanchezi@hispavista.com*

Con el fin de detectar posibles polimorfismos o anomalías cromosómicas y lograr la identificación del sexo en estas especies carentes de dimorfismo sexual fenotípico aparente se llevó a cabo el análisis cromosómico de 32 individuos en cautiverio del género *Ara*: 9 de la especie *Ara macao*, 10 *Ara ararauna*, 9 *Ara chloroptera* y 4 individuos *Ara militaris*. Los análisis cromosómicos se realizaron a partir de linfocitos obtenidos de cultivos de sangre periférica y mediante las técnicas de bandeo G, C, R y NOR. Se encontró un número modal de 12 pares de macrocromosomas (incluyendo el par sexual) en las cuatro especies; el número modal de pares de microcromosomas varió en cada una de las especies al igual que el número diploide, 16 pares y $2n=56$ para las especies *Ara ararauna* y *Ara macao*; 15 pares y $2n=54$ para *Ara chloroptera* y 17 pares y $2n=58$ en *Ara militaris*. Se obtuvo la longitud relativa y relación de brazos de cada uno de los macrocromosomas a partir de sus mediciones, el par 1 es metacéntrico, los pares 2 al 6 son subtelocéntricos, 7 al 11 metacéntricos, los cromosomas sexuales Z y W son metacéntricos en todas las especies, los demás son microcromosomas. Se encontraron arreglos similares en los patrones de bandeo G y R con variaciones en 8 cromosomas en las bandas finales. Todos los cromosomas contienen una región de heterocromatina constitutiva en el centrómero, el cromosoma W y los microcromosomas están compuestos casi en su totalidad por este material. La incorporación de Bromodeoxiuridina reveló una replicación sincronizada de los dos cromosomas Z. Se identificaron regiones organizadoras de nucleolo (NOR) en una cromátida del brazo corto del primer par de macrocromosomas, 2 microcromosomas presentaron NOR en un 98% de las metafases analizadas de las cuatro especies.

PARAMETROS GENÉTICOS DE LA RAZA CEBÚ BRAHMAN EN COLOMBIA. Manrique C. Universidad Nacional de Colombia - Sede Bogotá. *dcmariq@unal.edu.co*

Se obtuvieron las heredabilidades y correlaciones genéticas y fenotípicas de características productivas utilizadas en la evaluación genética de la raza Cebú Brahman registrada en Colombia. Se utilizaron 1505 pesos al nacimiento (PN), 26170 pesos ajustados al destete (PAD), 10531 pesos ajustados al año (PA12) y 13588 pesos ajustados a 18 meses (PA18) provenientes de las progenies de 629 toros evaluados. Para la obtención de los componentes de varianza requeridos para estimar los parámetros genéticos se utilizó la metodología de Mejores Predictores Lineales Insegados, con un modelo bivariado de padre, donde cada modelo tenía como referencia el PAD, como efecto fijo el grupo contemporáneo (animales del mismo sexo, año de nacimiento, época y zona de procedencia) y como efecto aleatorio el efecto de padre. Las heredabilidades para PN, PAD, PA12 y PA18 fueron .48, .45, .40 y .50, respectivamente, consideradas medianas. La correlación genética de PN fue alta (.41) con PAD y baja con PA12 (.16) y PA18 (.13). Se presentó correlación genética media del PAD con PA12 (.22) pero baja con PA18. Las correlaciones fenotípicas de PN con los demás pesajes fueron bajas (.13 con PAD, .12 con PA12 y .12 con PA18). El PAD presentó correlaciones fenotípicas medias con los otros pesajes (.32 con PA12 y .29 con PA18). La correlación fenotípica de PA12 y PA18 fue alta (.56). Estos resultados sugieren la construcción de un índice para la selección óptima de los toros mejorantes de la raza.

HEREDABILIDAD Y CORRELACIONES ENTRE EL PESO AL DESTETE Y A LOS DIECIOCHO MESES EN UN HATO DE GANADO DE CARNE. Castaño Lara J, Mejía Gómez A, Quijano Bernal J. Departamento de Producción Animal Universidad Nacional Sede Medellín. *cmontoya@unalmed.edu.co*

Se estimaron las heredabilidades y las correlaciones genéticas de los pesos al destete y a los dieciocho meses, así como los valores de cría de los toros y las vacas. Los datos analizados fueron 5324, provenientes de tres haciendas ubicadas en el departamento de Sucre y correspondientes a las razas Brahman, Cebú comercial y algunos de sus cruces, nacidos entre 1994 y 2002. Las heredabilidades y correlaciones genéticas fueron estimadas por el método de correlación intraclase de hermanos medios paternos, a través de los programas SAS (2001) y Harvey (1988). Los estimados de heredabilidad fueron de 0.10 ± 0.009 y 0.34 ± 0.03 , para el peso al destete y 18 meses respectivamente. Las correlaciones genética, fenotípica y ambiental entre peso al destete y peso a los dieciocho meses fueron de 0.55 ± 0.171 , 0.57 y 0.59 , respectivamente. La respuesta correlacionada entre ambas características fue de 9.3 Kg. por generación. Los valores de cría de los toros usados como reproductores, para peso a los dieciocho meses oscilaron entre -4 y +14.5 kg., así mismo el más probable valor de cría de las cincuenta mejores vacas varió entre +3.5 y 12 kg.

DESARROLLO DE UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DEL GANADO CEBÚ (BRAHMAN) PARA CARNE EN EL TRÓPICO COLOMBIANO CON CRITERIOS DE COMPETITIVIDAD Y SOSTENIBILIDAD. Moreno F, Ossa G, Manrique C, Fajardo O, y Pulido J. CORPOICA. *corpoicanus@edatel.net.co*

El objetivo general del proyecto es desarrollar un programa nacional de mejoramiento genético del ganado Cebú (Brahman) en el trópico colombiano con el fin de conocer su potencial de producción para carne y posicionarlo en los mercados nacionales e internacionales bajo los criterios de competitividad y sostenibilidad. Se dispone de siete toros con valor genético potencial para incluir en las fincas colaboradoras aceptadas con base en unos criterios definidos y concertados con el productor, una evaluación genética inicial de sus animales y un reconocimiento del manejo de la inseminación artificial como rutina en la empresa ganadera. Se tienen avances importantes

pues el proyecto se lanzó el 17 de Junio de 2002 con el título "La prueba de progenie, una realidad en Colombia"; entre ellos se destaca: La socialización del proyecto, desde Agroexpo 2001, video conferencia (Sena) en agosto de 2002, boletín de prensa; la congelación de semen a 7 toros Brahman; codificación del semen congelado y la distribución estratégica del semen con base en demanda y en definición de fincas colaboradoras: Caquetá, Orinoquía, Valles Interandinos, Caribe. Además se tienen publicaciones como una cartilla, un plegable y artículos en algunas revistas pecuarias de Colombia. Se realizaron 526 encuestas básicas y 55 plenas, según las cuales se hizo la selección del 171 empresas ganaderas colaboradoras. Con la distribución de semen se dio inicio al primer programa nacional de mejoramiento genético bovino en Colombia. A diferencia de otros, este programa puede incluir cruzamientos en su evaluación, para lo cual se utilizará el modelo multirracial.

VARIABILIDAD Y PREDICCIONES GENÉTICAS ADITIVAS, NO ADITIVAS Y TOTALES PARA CARACTERÍSTICAS DE CARNE EN EL REBAÑO MULTIRRACIAL SANMARTINERO-CEBÚ DEL CENTRO DE INVESTIGACIONES LA LIBERTAD. *Elzo M.A1, Martínez G2, Gonzales F2, y Huertas H2. 1 Universidad de Florida, Gainesville, E.U.A. 2 Instituto Colombiano Agropecuario. egmartinezcorreal@tutopia.com*

Se utilizaron datos de crecimiento de terneros del rebaño multirracial Sanmartinero (SM)-Cebú (C) del Centro de Investigaciones La Libertad con el objeto de obtener estimaciones de razones genéticas aditivas (heredabilidades), no aditivas (interactividades) y correlaciones genéticas aditivas, no aditivas, directas y maternas para peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD, 240 d), y ganancia de peso postdestete (GPP, 240 a 480 d). Se obtuvieron predicciones de valores genéticos aditivos y no aditivos de los tres caracteres de crecimiento para todos los toros usados en el rebaño entre 1971 y 1996. La metodología de estimación utilizada, para el cálculo de las estimaciones de componentes de varianza y covarianza y para las predicciones genéticas de toros fue de tipo multirracial. La estimaciones de heredabilidades en las razas SM y C fueron .26 y .30 para PN directo, .10 y .08 para PD directo, .44 y .37 para GPP directa, .29 y .36 para PN materno, .11 y .10 para PD materno, y .46 y .38 para GPP materna, respectivamente. Las estimaciones de correlaciones genéticas aditivas y no aditivas entre todos los caracteres y efectos genéticos fueron bajas; la mayoría de ellas (38 de 45) menores de .10. Las predicciones genéticas aditivas y totales directas indican que toros SM tuvieron, en general, terneros más pequeños al nacimiento, de menor PD, y de similar GPP que terneros de toros Cebú. Las predicciones genéticas aditivas y totales maternas, por el contrario, sugieren que hijas de toros Sanmartinero tuvieron terneros más grandes al nacimiento, de mayor PD y de mayor GPP que terneros de hijas de toros Cebú. Las predicciones genéticas no aditivas directas fueron mayores que las no aditivas maternas para toros SM y C. Por su parte, las predicciones aditivas y no aditivas pre y postdestete maternas sugieren que terneros de madres de menor habilidad materna crecieron más en el período postdestete. Estos resultados indican que animales SM fueron competitivos con animales C para caracteres de crecimiento y demostraron excelente habilidad combinatoria interracial bajo las condiciones de nutrición y manejo de La Libertad.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA BOVINA COLOMBIANA CRIOLLA CASANARE MEDIANTE ANÁLISIS DE MICROSATÉLITES. *Sastre H.J1, Rodero E1, Rodero A2, Azor P.J2, Sepulveda N.G3, Herrera M1 y Molina A2. 1 Departamento de Producción Animal. Universidad de Córdoba (España). 2 Departamento de Genética, Universidad de Córdoba (España). 3 Escuela de Ciencias Agropecuarias, Universidad de la Frontera, Temuco (Chile) hsastre@hotmail.com, pa1rose@uco.es*

Se planteó como objetivo el estudio de la variabilidad genética de la raza. Se analizaron 22 microsatélites sobre 79 individuos, de ellos, 54 la raza Casanare que corresponden con los únicos efectivos en pureza que pueden quedar en la actualidad. Para compararlas con otras razas, se obtuvieron también 14 muestras de Cebú, 8 de cruce Cebú x Criollo y 3 muestras de raza Parda y fueron procesadas en el Laboratorio de DNA del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba, Andalucía, España, mediante la técnica de PCR, detección del polimorfismo por electroforesis en geles de policrilamida y tipificación en secuenciador automático. Se obtuvieron los siguientes resultados: entre ganaderías: $Gst = 0,0278$, $FST = 0,03634$; entre razas: NPA: Casanare = 8,54; Cebú = 6,59; cruce = 5,77 y Pardo = 3,81, Hob: Casanare = 0,7273; Cebú = 0,6691; Cruce = 0,6962 y Pardo = 0,7121, $Fst = 0,03134$; Fis: Casanare = 0,05747; Cebú = 0,11764; Cruce = 0,12165; Pardo = 0,12963. El análisis genético, utilizando el polimorfismo del ADN de microsatélites, de las razas Casanare, Cebú, Parda y del cruce Casanare por Cebú, permite caracterizar y diferenciar genéticamente a la raza Casanare, es decir definir por primera vez su perfil genético. Las frecuencias alélicas, las medidas de la diversidad génica y el número de alelos demuestran la superior variabilidad de la raza Casanare respecto de las restantes. Los F de Wright muestran que la consanguinidad no alcanza valores preocupantes.

ESTUDIO DE MEZCLA GENÉTICA EN GANADO CRIOLLO COLOMBIANO (GCC) USANDO MICROSATÉLITES (STRS) AUTOSÓMICOS. *Hernández E1, Bermúdez N1, Cardona H1, Arias W1, Valencia A1, Duque C1, Olivera M2, Ossa J2, Carvajal L.G1, Ruiz A1, Bedoya G1. 1 Grupo de Genética Molecular "GENMOL", Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. 2 Grupo de Reproducción, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. molivera@catios.udea.edu.co*

La introducción de razas foráneas, taurinas y cebuínas, en los sistemas de producción de nuestro país trajo consigo el desplazamiento de las razas criollas en cuanto a su uso, procesos de cruzamiento absorbentes y por ende una disminución del tamaño poblacional, por lo cual, las estrategias que contribuyan a la preservación y propagación del GCC son indispensables. Se genotipificaron las razas Costeño con cuernos (CCC), Hartón del valle (HV), Blanco Orejinegro (BON), San Martinero (SM), Romosinuano (RS), Chino Santandereano (ChS) y Brahman, utilizando once marcadores STRs autosómicos distribuidos en el genoma y altamente polimórficos. A partir de las frecuencias alélicas y genotípicas se evaluaron parámetros de variabilidad genética: número promedio de alelos, el cual mostró mayor polimorfismo en la raza Brahman (10.36) seguido por CCC (7.36); la heterocigocidad fue mayor para ChS (0.75) pero en todas las razas

se observo déficit de heterocigotos; el grado de endogamia (Fis) tuvo los menores valores en Chs, HV y CCC (0.02, 0.05 y 0.07, respectivamente), además, sólo con dos de los loci no se obtuvo estructuración poblacional ($F_{st} < 0.05$). Las distancias genéticas dan idea del flujo genético entre GCC y Brahman, las mayores distancias se observaron en BON (16.96), RS (0.1658) y SM (0.1503). Se realizó un meta-análisis de frecuencias alélicas en la raza taurina Simmental para calcular el estimador mY que mide el porcentaje de genes compartidos por su origen común; tomando estos resultados de manera relativa, ya que Brahman tiene introgresión taurina, los valores estimados mY Brahman oscilaron entre 0.44 a 0.59 para BON y ChS respectivamente. Este estudio hizo una aproximación al grado de mezcla cebuina en GCC utilizando el sistema de transmisión autosómica, demostrando que en el GCC existen poblaciones estructuradas, con poca variabilidad y que la introgresión de *Bos indicus* fue menor en el BON.

ESTIMACION DEL GRADO DE MEZCLA GENÉTICA POR LINEA PATERNA EN GANADO CRIOLLO COLOMBIANO UTILIZANDO MICROSATÉLITES (STRS). Bermúdez N1., Carvajal-Carmona L3., Olivera M2., Ossa J2., Ruiz A3. & Bedoya G1. 1 Grupo de Genética Molecular, GENMOL. Facultad de Medicina. Universidad de Antioquia. 2 Grupo de Reproducción - BIOGÉNESIS. Facultad de Medicina. Universidad de Antioquia. 3 Galton Laboratory, University College of London. United Kingdom. molivera@catios.udea.edu.co

Para evaluar el grado de mezcla, por línea paterna, de GCC con Cebú se tipificaron 69 machos de las razas SanMartinerero (SM), Blanco Orejinegro (BON), Romosinuano (RS), Costeño Con Cuernos (CCC), Chino Santandereano (ChS) y Hartón del Valle (HV), además 20 machos Brahman, para tres marcadores microsátélites situados en la región no recombinante del Cromosoma Y. En las razas SM, BON y CCC se encontró 100% el haplotipo determinante de *Bos taurus*; en las razas, RS, ChS y HV se detectaron 6,25%, 27.2% y 9%, respectivamente, de haplotipos presentes en la población Brahman. Al hacer el análisis de dichos haplotipos se determinó que los hallados en RS pueden ser taurinos que se formaron por mutación ya que no presentaban el alelo en el locus INRA124, determinante de Cebú. Este grado de mezcla con Cebú detectado en ChS y HV se corroboró al comparar cada raza con una población de Brahman, utilizando 11 marcadores microsátélites autosómicos, ya que la agrupación por NeighborJoining mostró que las razas ChS y HV se sitúan en el árbol mas cerca de Brahman que las otras 4. Además, los valores de F_{st} (distancia genética con Cebú), concuerdan con el grado de introgresión puesto que la menor fue para ChS (0.11). Sin embargo, para RS no se encontró correlación entre los datos de Y y los autosomas, ya que esta población se sitúa en el árbol aún más distante de Brahman que CCC en la cual no se detectaron haplogrupos diferentes al modal de taurinos y el F_{st} entre RS y Cebú es uno de los mas altos. Lo anterior significa que los haplotipos de Brahman encontrados en RS, deben ser en realidad taurinos, producidos por mutación y que fueron introducidos en Brahman durante la creación de esta raza.

CARACTERIZACIÓN BOVINOMETRICA DE HEMBRAS CEBU Y CRUCES CON BLANCO OREJINEGRO, ROMOSINUANO Y ANGUS. Medina JF, Cerón-Muñoz MF, Maldonado JG, Valencia L, Suárez RL, Calle CA. Grupos GRICA y CENTAURO, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, mceronm@universia.net.co

Con el objetivo de determinar diferencias genéticas se consideraron mediciones cuantitativas como la alzada y amplitud de isquiones, y cualitativas como la condición corporal, ángulo de anca, aplomos ubre y pezones; fueron realizados análisis de varianza para cada estado fisiológico (Hembras de levante, Vacas paridas, Vacas paridas preñadas, Vacas horras y Vacas horras preñadas) y se consideraron los efectos de la edad del animal (regresión lineal y cuadrática) y grupo genético del animal. Las hembras jóvenes (9 a 12 meses) tuvieron un peso promedio de 172.0 Kg. y las vacas adultas un promedio de peso entre 415 a 445 Kg. En el peso el efecto del grupo genético, fue altamente significativo en las vacas horras, siendo que los grupos genéticos con mayor peso fueron el Cebú y cruce Bon x Cebú, para los otros estados fisiológicos no se encontraron diferencias estadísticas. Para las hembras de levante, las BxC/CxB presentaron menor condición corporal frente a los CCO/BRH, RxC/CxR y 3/4Cx1/4A. En las vacas horras el grupo genético CCO/BRH fue el que presentó la mejor condición corporal. Las vacas horras preñadas mostraron diferencias entre los grupos genéticos CCO/BRH y AxC/CxA. En las vacas paridas, el grupo genético 3/4Cx1/4A obtuvo un promedio superior a los otros grupos analizados. Para las hembras de levante, las BxC/CxB presentaron menor condición corporal frente a los CCO/BRH, RxC/CxR y 3/4Cx1/4A. En las vacas horras el grupo genético CCO/BRH fue el que presentó la mejor condición corporal. Las vacas horras preñadas mostraron diferencias entre los grupos genéticos CCO/BRH y AxC/CxA. En las vacas paridas, el grupo genético 3/4Cx1/4A presenta los mejores registro en cuanto a cualidades físicas en las vacas adultas, lo que confirma su enorme potencial productivo para nuestras condiciones agroecológicas.

INTERACCION GENOTIPO-AMBIENTE EN LA GANANCIA DIARIA DE PESO DE BOVINOS "TRICROSS" EN CUATRO ZONAS COLOMBIANAS. Medina JF, Cerón-Muñoz MF, Grupo GRICA Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, mceronm@universia.net.co

Cualquier empresa ganadera dedicada al levante y ceba de bovinos, debe registrar en forma constante sus parámetros productivos, con el fin de formar una idea de su situación actual, para así compararse con su pasado productivo para evaluar los cambios, y a la vez comenzar a tomar decisiones que ayuden en el desarrollo futuro de la empresa. Por lo anterior, muchas ganaderías han optado por incluir cruces en sus inventarios utilizando razas criollas con el fin de aprovechar todas sus cualidades como adaptación, resistencia a enfermedades, fertilidad entre otras como el Bon y el Romosinuano; y además razas del tipo europeo que cuentan con evaluaciones genéticas, y han probado ser de gran utilidad y aceptación en el mercado como el Angus, sin olvidar el gran potencial que posee el Cebú en cuanto a rusticidad, facilidad de parto y alzada. Los animales utilizados para este estudio son "tricross" obtenidos a través del cruzamiento practicado entre los grupos genéticos antes mencionados. Los animales RAC (50% Romosinuano, 25% Angus, 25% Cebú) y los BAC (50% Bon, 25% Angus, 25% Cebú) se encuentran distribuidos en dos zonas de la costa atlántica colombiana, el nordeste y suroeste antioqueño, para un total de cuatro zonas diferentes tenidas en cuenta para la evaluación. Para evaluar la interacción genotipo-ambiente,

inicialmente serán considerados los factores: edad del animal (como covariable) y los efectos sexo, zona y grupo genético y las interacciones de los anteriores efectos. El experimento se encuentra en ejecución, se cuenta con los pesajes de control de marzo y junio de 2003 y se espera el de septiembre para aumentar la confiabilidad y poder concluir cual cruce obtiene un mejor desempeño en cada zona.

ESTIMATIVAS DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE GRASA Y PROTEÍNA EN BUFALINOS , MEDIANTE MODELOS "TEST-DAY" ORDINARIOS. *Hurtado, N.A1, Tonhati, H2, Cerón-Muñoz M.1, Duarte, J.M.C2, Canães, T.S2. 1 Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia 2 FCAVj/ Universidade Estadual Paulista hurtado@agronica.udea.edu.co*

El departamento de zootecnia de la unesp/Jaboticabal (SP), desde 1987, coordina el programa de control lechero de hatos bufalinos en el estado de Sao Paulo, con apoyo de la Fundación de amparo a la investigación del estado de Sao Paulo (FAPESP) y el Consejo Nacional de Investigación (CNPq). Uno de los objetivos a ser alcanzado en este programa de mejoramiento genético es utilizar modelos estadísticos implementados y utilizados en las evaluaciones genéticas de poblaciones lecheras nacionales e internacionales. En los últimos años, se viene introduciendo análisis genéticos conocidos como "test-day" que utilizan informaciones repetidas del mismo individuo durante la lactación, permitiendo la realización de análisis longitudinales que describen la trayectoria de la producción de leche (PL), la grasa (G), la proteína (P) en los diferentes estados de lactación. La G Y la P son responsables de las características físicas (estructura, color y sabor) y del rendimiento industrial de los principales productos lecheros, como el "queso mozzarella". Con el desarrollo del presente proyecto, se pretende modelar las curvas de PL, G y P a lo largo de la lactación, empleando en modelos de " test-day ordinario" y estimar parámetros genéticos para estas características. Serán utilizadas las informaciones de PL en 10 rebaños en el estado de Sao Paulo, desde 1987 a 2003, y las informaciones de G, P colectadas durante los años de 1988 a 2003. El banco de datos contará aproximadamente con 30.000 datos de producción de leche y 7.000 informaciones de constituyentes de leche. Estos datos serán estudiados mediante modelo de Test Day Ordinarios en modelos uni e bicaracterísticos, considerando mes de control como características distintas.

INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN LA EDAD AL PRIMER PARTO DE BOVINOS HOLSTEIN BRASILEÑO Y COLOMBIANO. *Cerón-Muñoz MF 1, Tonhati H2, Costa C3, Maldonado J1, Rojas D4. 1 Facultad de Ciencias Agrarias - Universidad de Antioquia- Colombia. 2 Departamento de Zootecnia FCAV/UNESP, 14884-900 Jaboticabal-SP, Brasil. 3 Embrapa Gado de Leite, 36038-330 Juiz de Fora-MG. 4Asoholstein de Colombia. mceronm@universia.net.co*

Este trabajo tuvo como objetivo, verificar la existencia de interacción genotipo-ambiente en la edad al primer parto (EPP) de bovinos de la raza Holstein en rebaños brasileños y colombianos. Fueron utilizadas 51.239 y 25.569 primeras lactaciones de vacas brasileñas y colombianas, respectivamente, hijas de 4.230 toros, siendo comunes a los dos países 530 toros de origen norteamericano. Fue utilizado un análisis bi-características en modelo animal, considerando la edad al primer parto de cada país como características diferentes. Fueron incluidos los efectos fijos de grupo contemporáneo rebaño-año de parto, grupo genético del toro y grupo genético de la vaca y los efectos aleatorios de animal y residuo. Los promedios de EPP en Brasil y Colombia fueron de 29.50 ± 3.97 y 32.07 ± 3.50 meses, respectivamente. Los componentes de varianza genético aditivo y residual y coeficiente de heredabilidad para Brasil fueron de 2,21 kg², 9,41 kg² y 0,19, respectivamente, y para Colombia de 1,02 kg², 6,84 kg² y 0,13, respectivamente. La correlación genética de la EPP entre Brasil y Colombia fue de 0,78, indicando que las progenies de un mismo toro en diferentes países no tuvieron el mismo desempeño reproductivo, llevando a alteraciones en el orden de clasificación de los genotipos como consecuencia de la interacción genotipo-ambiente.

HETEROGENEIDAD DE VARIANZAS DE LA PRODUCCIÓN DE LECHE DE BOVINOS HOLSTEIN DE REBAÑOS BRASILEÑOS Y COLOMBIANOS. *Cerón-Muñoz MF 1, Tonhati H2, Costa CN3 , Solarte C4. Rojas Sarmiento D5. 1 Facultad de Ciencias Agrarias - Universidad de Antioquia- Colombia. 2 Departamento de Zootecnia FCAV/ UNESP, 14884-900 Jaboticabal-SP, Brasil. 3 Embrapa Gado de Leite, 36038-330 Juiz de Fora-MG. 4Facultad de Ciencias Pecuarias - Universidad de Nariño - Colombia. 5Asoholstein de Colombia. mceronm@universia.net.co*

Este estudio tuvo como objetivo verificar la existencia de heterogeneidad de varianzas de la producción de leche (PL) en rebaños del Brasil y de Colombia. Los rebaños fueron agrupados como de alta o baja variabilidad dentro de cada país, utilizando como criterio la desviación estándar fenotípica de la PL de los grupos contemporáneos (DSF) de vacas, de primer hasta sexto parto. Los rebaños brasileños y colombianos con más de 1.168 kg y 1.012 kg de DSF, respectivamente, fueron clasificados como de alta variabilidad y los rebaños con valores menores a los anteriormente mencionados fueron clasificados como de baja variabilidad. Los parámetros genéticos de la PL en cada grupo de rebaños fueron estimados utilizando análisis bi-características en un modelo animal y el método de máxima verosimilitud restringida con un algoritmo libre de derivadas. Fueron utilizadas 72.280 primeras lactaciones de vacas hijas de 1.880 toros. Fueron encontradas varianzas heterogéneas, siendo los rebaños brasileños y colombianos con alto DSF los que presentaron mayores varianzas genética aditiva y residual y coeficientes de heredabilidad de la PL, indicando que, únicamente en este tipo de rebaños, se esperaría un retorno económico y progreso genético adecuado por la utilización de semen de alto valor comercial. Los coeficientes de correlación genética de la PL entre rebaños de alta y de baja variabilidad dentro de cada país fueron de 0,96 y 0,93 y entre países variaron entre 0,72 a 0,81, lo que sugiere que existió reclasificación de los animales en los dos países además de varianzas heterogéneas. Este

fenómeno lleva al cuestionamiento de la estrategia de utilización de semen importado y la necesidad de realizarse evaluaciones genéticas nacionales para identificar toros con mayor mérito genético en las condiciones ambientales (sub) tropicales.

DETECCIÓN DE GENES CANDIDATOS RESPONSABLES POR RESISTENCIA AL VIRUS DE LA FIEBRE AFTOSA EN EL GANADO BLANCO OREJINEGRO. *Areiza R.A1, Jiménez L.M1, Ariza M.F2, Manrique C1. 1 Grupo de Investigación Recursos Genéticos en Sistemas de Producción Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia- Bogotá. 2 Laboratorio de Biotecnología Animal, CORPOICA-Bogotá. rafa-areiza@cheerful.com , dimjimene@unal.edu.co , fariza@corpoica.org.co , dcmanriqp@unal.edu.co*

Por investigación realizadas anteriormente se ha demostrado que la capacidad de los animales para resistir las enfermedades es determinada por factores genéticos y medioambientales, y que existe variación de esta resistencia entre razas y entre individuos de cada raza. Como resultado de investigaciones realizadas en las siete razas criollas colombianas usando descargas de Virus O1 Campos y A24 Cruzeiro a cultivos de Fibroblastos obtenidos del pabellón de la oreja de animales pertenecientes a cada raza criolla, se encontró un tipo de resistencia en las razas Blanco Orejinegro (BON) y San Martinero contra los serotipos A24 y O1, respectivamente. Esta información obtenida es la fuente fenotípica para realizar los análisis estadísticos conducentes a la detección de QTL (Quantitative Trait Loci) involucrado en esta resistencia en el ganado Blanco Orejinegro. La evidencia de resistencia al virus de Fiebre Aftosa tipo A24 Cruzeiro encontrado en in vitro para la raza Blanco Orejinegro, crea la expectativa de encontrar genes candidatos responsables de la resistencia natural a este Virus. La detección de marcadores moleculares tipo II (Microsatélites) y marcadores SSCP, con el fin de identificar la asociación entre estos y regiones del genoma responsables de la resistencia al virus de la Fiebre Aftosa serotipo A24 Cruzeiro, implica la posibilidad, en un futuro, de hacer selección de pie de cría de una forma más eficiente, para producir una línea o líneas de ganado para las cuales el riesgo de infección por este virus sea reducido al mínimo posible.