UNIVERSIDAD DE ANTIOQUIA
1803

Genética y mejoramiento animal

Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias

# Análisis de la variabilidad genética en caballos criollos llaneros colombianos mediante la utilización de microsatélites

***Analysis of genetic variability in Colombian creole horses assessed by microsatellites***

Ligia M Jiménez Robayo[1], Javier Cañón Ferreras[2], Carlos A Sánchez Isaza[1], Francisco A Sandoval R[3], Alexandra Gómez Tarazona[5]

Laboratorio de Citogenética, Departamento de Producción Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia y el Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
[2]Laboratorio de Genética, Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid. Madrid, España.
[3]Médico Veterinario y Zootecnista, practica particular.
[5]Médico Veterinario, practica particular.
[*]División de Investigación (DIB), Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá. Bogotá, Colombia.
lmjimenezr@unal.edu.co

El caballo Criollo Llanero se ubica en los Llanos Orientales de Colombia; por las características geográficas, este grupo ha mantenido aislado, dividido en subpoblaciones, sin selección ni mejoramiento genético, corresponde a un caballo de trabajo, vaquería y coleo. El objetivo del trabajo es evaluar la variabilidad genética en caballos Criollos Llaneros Colombianos analizando once (11) microsatélites y comparándolo con cuatro razas (Pura Raza Española (PRE), Paso Fino Colombiano (PFC), Paso Peruano (PP) y Cuarto de Milla (CM). Los resultados parciales, obtenidos de genotipificar 11 microsatélites (VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, AHT5, HMS6, ASB23, ASB2, HTG10, HMS3 y ASB17) en 30 caballos Criollos Llaneros de 5 hatos, se compararon con genotipificaciones realizadas en la Universidad de Davis (California, EUA): 50 PFC, 50 PRE, 50 PP y 30 CM. A partir de las variantes alélicas se calcularon parámetros de diversidad, estadísticos F, distancia genética, análisis Neighbor-Joining y UPGMA basados en la distancia genética mínima de Nei y un Análisis de Correspondencias. Las heterocigosis esperada y observada (equilibrio de Hardy-Weinberg), por raza oscilan entre 0.74 ± 0.06 para PRE y 0.80 ± 0.08 para criollo llanero y 0.77 ± 0.7 en CM y 0.68 ± 0.08 en criollo llanero, respectivamente. En el caballo llanero la Ho (0.68 ± 0.08) fue significativamente diferente de la He (0.80 ± 0.08). El número medio de alelos por locus oscila entre 6.73 en CM y 9.0 en criollos llaneros. El número efectivo de alelos osciló entre 3.98 en PRE y 5.4 en criollo llanero. Los valores Fis por población, señalan 16% de déficit de heterocigotos ($p<0.05$) en caballos llaneros, mientras en las demás poblaciones oscilan entre -0.8 % para CM y 1.6% para PFC. En los caballos llaneros se observa déficit de individuos heterocigotos, posiblemente debido a la estructura poblacional de los hatos y al nulo intercambio de reproductores entre hatos. El Fst indica que 11% de la variación genética total se explica por diferencias entre razas, el 89% corresponde a diferencias entre individuos dentro de razas. En promedio las razas tienen 3.3% de déficit de heterocigotos mientras en la población total es de 14%. Los valores Fst al considerar las razas en parejas oscilaron entre 6.3% para PP-CM y 13% para PRE-PP. De los caballos colombianos, la raza PFC presentó moderada diferenciación genética con PP (9.3%) y fue mayor con PRE (11.6%) mientras los caballos criollos llaneros presentaron diferenciación genética importante con PRE (12.4%) y con PP (10.5%). El análisis Neighbor-Joining mostró agrupamiento de las razas americanas separadas del PRE. Los criollos llaneros se diferenciaron del clado de PFC mientras las razas PP y CM comparten el mismo clado. Con el método UPGMA persiste la unión de las razas PP y CM mientras que el PFC y el criollo llanero se agrupan más cerca del PRE. El análisis de correspondencia reveló separación de los caballos criollos llaneros del resto de las poblaciones. La división del caballo criollo llanero colombiano en subpoblaciones, constituye una estrategia para conservar gran diversidad genética, aunque puede incrementar la consanguinidad en cada uno de los grupos.

**Palabras clave:** *caballos criollos de Colombia, microsatélites, relaciones genéticas, variabilidad genética*

**Key words:** *colombian creole horses, genetic variability, genetic relationships, microsatellites*

# Asociación de *κ-caseína* y *β-lactoglobulina* con características de calidad de la leche en las razas holstein y jersey en Antioquia, Colombia[*]

***Relationships between κ-casein and β-lactoglobulin with milk quality traits in holstein and jersey cattle in Antioquia, Colombia***

Manuel A Moreno[1,3]; Mario F Cerón Muñoz[1,2], Juan D Corrales Alvarez[1]

[1]Grupo de investigación en Genética y Mejoramiento Animal, [2]Facultad de Ciencias Agrarias, e [3]Instituto de Biología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[*]Entidad financiadora, Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. Colombia.

Un argumento de interés y actualidad para la industria láctea es alcanzar una posición competitiva en un mercado abierto, siendo necesario mejorar las razas que se encuentran en

Colombia con el fin de reducir costos y aumentar la calidad de la leche, cuya tendencia futura, es el pago basado en su calidad industrial. En Colombia, se observan iniciativas para una mayor remuneración económica en leches, que presentan una alta calidad higiénica y un mayor contenido de componentes lácteos. Gracias al avance tecnológico y al descubrimiento de los marcadores moleculares utilizados en bovinos para análisis del genoma se ha podido identificar animales con mayores aptitudes para diversas características de interés económico, incluyendo la calidad de la leche. En general, la distribución de polimorfismos genéticos suele ser bastante homogénea entre las diferentes poblaciones, sin embargo, dentro del rango de variabilidad suelen observarse características específicas para cada grupo poblacional. Es imprescindible conocer esas diferencias para la incorporación de un polimorfismo genético en el análisis de su distribución en la población general. Con el desarrollo de este proyecto se determinarán frecuencias génicas y genotípicas, equilibrio de H-W y análisis de asociación entre las variantes genotípicas y las características de producción del gen de la κ-caseína y de la β-lactoglobulina en las poblaciones holstein y jersey de Antioquia, se tomará muestra de registros productivos 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. Todo lo anterior permitirá a los productores, conocer y seleccionar los animales que posean los genotipos que resulten asociados con mejores características productivas y de calidad, que redundara en beneficios para la industria láctea, tanto para los productores como para los consumidores.

**Palabras clave:** *genotipificación, marcadores genéticos, polimorfismos, variabilidad genética*

**Key words:** *genetic marker, genetic variability, genotyping, polymorphisms.*

## Asociación de polimorfismos de nucleótido simple de los genes leptina, diacilglicerol aciltransferasa 1 y tiroglobulina a la deposición de la grasa dorsal y del anca en el ganado Romosinuano y sus cruces con cebú brahman

***Association of single nucleotide polymorphism of the leptin, diacylglycerol acyltransferase and thyroglobulin genes to backfat and rumpfat deposition in the romosinuano breed and zebu brahman crosses***

Nicolas Baldrich[1], Patrícia Medina[2], Marcela Rios[1-3], Juana Moncaleano[4], Fernando Ariza[5]

Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogota. Bogotá, Colombia.
[2]CORPOICA. Bogotá, Colombia.
[3]Nutricion Animal CORPOICA. Bogotá, Colombia.
[4]Universidad de los Llanos Orientales, Villavicencio, Colombia.

[5]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogota. Bogotá, Colombia.
mfarizab@unal.edu.co

Este proyecto pretende identificar mutaciones de nucleótido simple de los genes Leptina (LEP), Diacilglicerol aciltransferasa uno (DGAT1) y Tiroglobulina (TG) asociados a características de la deposición de la grasa subcutánea dorsal y del anca en poblaciones de ganado criollo Romosinuano y sus cruces con cebú Brahman. Igualmente genotipos de microsatélites reportados para el BTA4 (BM1500, LEP-2, OB) y BTA14 (BM1747, CSSM66) seran utilizados para facilitar la detección de regiones dentro de los cromosomas asociados con las dos características, los cuales han sido previamente implicados en ambos rasgos. Los analisis de asociación seran desarrollados utilizando la metodología de mapeo por intervalo mediante regresiones, inicialmente construyendo un mapa de ligamiento con cuatro marcadores por cromosoma dentro de un diseño de medios hermanos paternos con seis padres por cada familia y un numero total de 210 individuos. Posteriormente la información del mapa será utilizada junto con la información fenotipica para revelar aquellas regiones con un efecto significativo sobre las características de deposición grasa. Estos resultados seran utilizados como referentes para futuros trabajos de investigación y de ubicación de otros marcadores moleculares candidatos asociados con características de calidad de la canal.

**Palabras clave:** *bovinos criollos, calidad de carne, marcadores moleculares*

**Key words:** *creole cattle, meat quality, molecular markers*

## Asociación de polimorfismos de nucleótido simple de los genes *Myf-5* e *IGF-1* con características de crecimiento muscular medidas por ultrasonido en el ganado criollo romosinuano y sus cruces*

***Single nucleotide polymorphisms of Myf-5 and IGF-1 genes associated to muscular growth traits measured by ultrasound within the romosinuano creole cattle and its crosses[1]***

Marcela Ríos Rodríguez[1], Diana Beltrán O[2], Catalina Sanchez[3], Diana Moreno G[4] Fernando Ariza Botero[1], Rolando Barahona Rosales[1], Martha Santana[5], Pedro medina[6]

[1]Maestría Genética y Mejoramiento Animal, Universidad Nacional de Colombia, Bogota, Colombia.
[2]Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín. Medellín, Colombia.
[3]Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogota, Colombia.
[3]Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogota, Colombia.
[4]Investigadora Corpoica. Programa Recursos genéticos. C.I. Turipaná. Montería, Colombia.
[5] Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.
[6] Corpoica, Programa Fisiología y Nutrición Animal. C.I. Tibaitatá. Mosquera, Colombia.
*Financiado por Colciencias, Colombia.
mriosr@unal.edu.co

Para producir carne de buena calidad los componentes relacionados directamente con el animal son: la Genética y la Nutrición ¿Cómo seleccionar genotipos animales adaptados a condiciones medio y socio-ambientales tropicales (alta temperatura, dietas de baja calidad, geografía y principalmente el manejo del hombre) que produzcan carne de buena calidad para abastecer tanto los mercados nacionales como internacionales? Estudios sobre el potencial productivo de las razas bovinas criollas colombianas, muestran que estas han desarrollado una mayor eficiencia reproductiva, una mayor capacidad fibrolítica de sus floras ruminales y una mejor calidad de las canales cuando son cruzadas con ganaderías cebuínas. A pesar de estos factores, de los 24

millones de bovinos que posee Colombia, sólo el 0.08% corresponde a las razas criollas, lo que se ha atribuido al desconocimiento de los potenciales productivos y reproductivos de dichas razas. Con el fin de incluir las razas criollas dentro de los programas de mejoramiento destinados a incrementar la calidad de la producción cárnica, se han desarrollado tecnologías de apoyo como la Selección Asistida por Genes (SAG), la cual se considera como una herramienta para los programas de mejoramiento tradicionales, permitiendo la identificación de genes o de regiones cromosómicas asociadas a aquellas características de importancia zootécnica. Aunque en Colombia durante los últimos años se han generado alternativas tecnológicas para asegurar la calidad de las canales, aún existen áreas del conocimiento en donde dicho avance ha sido bastante lento. Una de estas áreas, es el estudio de la composición y calidad cárnica de los animales mediante la medición por ultrasonografía del área de ojo del músculo dorsal largo (Dl), grasa de cobertura y el marmoreo. Debido al potencial como herramienta de predicción dentro de los sistemas de comercialización, el ultrasonido ha recibido gran atención por parte de expertos en mejoramiento y nutricionistas en países como Australia, Brasil y Estados Unidos, dentro de los cuales se incluyen: 1) selección de animales de mejor eficiencia en la transformación de los alimentos en músculo y grasa corporal para la selección de futuros reproductores que segreguen estas características a su progenie; 2) formación de grupos homogéneos de animales con características fenotípicas semejantes lo cual sería de gran ventaja para su mercadeo; y 3) predicción del tiempo necesario para que los animales alcancen el peso y el porcentaje de grasa y tamaño muscular requerido para cumplir con las necesidades especificas de un mercado. Por lo anterior, los objetivos del presente trabajo están orientados principalmente a la identificación de alelos benéficos asociados con características de crecimiento, medidas a partir de los cambios fisiológicos desarrollados por el músculo Dl durante un periodo de pastoreo de 14 meses. Dichos cambios fisiológicos serán asociados con mutaciones puntuales identificadas a partir de los genes Myf5 e IGF-1 del cromosoma 5 bovino, con el fin de determinar el efecto genético de dichas mutaciones sobre el desarrollo del músculo en poblaciones de ganado criollo romosinuano, cebú y sus cruces. Una vez sean identificados dichos alelos, se seleccionaran la líneas de reproductores que porten estos alelos con el fin de llevar a cabo programas de introgresión de los mismos a una ganadería.

**Palabras clave:** *bovinos, calidad de carne, condición corporal*

**Key words:** *body condition, bovine, meat quality*

## Avaliação genética para a produção de leite de búfalos brasileiros e colombianos

### *Genetic evaluation of milk yield by brasilian and colombiano buffaloes*

Naudin A Hurtado-Lugo[1,2], Humberto Tonhati[3]y Mario F Cerón-Muñoz[1, 4]

[1]Grupo de investigación en genética y mejoramiento animal, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
[2] Maestría en Mejoramiento genético animal, FCAV/UNESP, São Paulo, Brasil.
[3]FCAV/UNESP, São Paulo, Brasil.
[4]Facultad Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia Medellín, Colombia.
mceronm@agronica.udea.edu.co, nhurtado.lugo@gmail.com, tonhati@fcav.unesp.br

A maioria dos paises desenvolvidos realiza programas de seleção mediante avaliações genéticas nacionais e internacionais, o qual há proporcionado uma orientação técnica confiável para a comercialização do material genético. Para o caso do Brasil e Colômbia que possuem material genético bubalino em comum poderiam realizar avaliações genéticas conjuntas, com o propósito de avaliar o desempenho dos reprodutores nos dois países envolvidos para características de importância econômica. No Brasil, temse realizado avaliações genéticas para a produção de leite (PL) como a excelente proposta feita pela PROMEBUL e o programa Nacional de Melhoramento das raças bubalinas com a prova de progênie financiado pelo MAPA, conjuntamente com a USP, UNESP, e associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB), e conta com uma base de dados importante para realizar este tipo de avaliação genética. No caso da Colômbia, temse realizado alguns trabalhos de parâmetros genéticos e avaliações genéticas para a produção de leite e pousei um arquivo em construção com as principais fazendas bubalinas com mais de 2000 animais por fazenda que realizam controle leiteiro e usam programas computacionais para a formação de seus arquivos. Alem do mais, estas fazendas caracterizamsse por ter animais de origem Brasileiros, principalmente uso de sêmen touros como; Guatambu, Repique, Cadilac, Trucao, Sacaroide, Montenegro, Nobre, Vencedor e Memoar entre outros, que permitiram a conetabilidade dos dados para realização do presente projeto. O projeto objetiva a estimação dos componentes de (co)variancia para produções de leite em cada país e entre paises. As características a serem analisadas serão: produção de leite até 240 e até 270 dias. As análises serão feitas pela metodologia de modelos mistos usando modelos animais. Determinar-se-á a existência da interação genótipo ambiente (IGA) entre paises para as diferentes características usando analises multicaracterísticos considerando-se cada país como uma característica distinta, e serão realizadas avaliações genéticas conjuntas. As informações utilizadas sarão provenientes dos diferentes rebanhos bufalinos de Brasil e da Colômbia, coletadas durante os anos de 1990 aos 2007 das bases de dados do programa do controle leiteiro da FCAV-UNESP, e da Asociación Colombiana de Bufalista. O arquivo de dados contará com aproximadamente com 8.000 lactações do Brasil e 10.000 lactações colombianas.

**Palavras chave:** *Interação genotipo-ambente, parâmetros genéticos*

**Key words:** *genetic parameters, genotype by environment interaction.*

## Caracterización del cariotipo de la cabra santandereana

### *Cariotype characterization of santandereana goat*

Luis F Roa Boscán[1], Víctor H Arcila Quiceno[2], Cesar A Serrano Novoa[2]

Estudiante, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, y [2]Grupo de Investigación en Ciencias Animales, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia.
Bucaramanga, Colombia.
varcila23@gmail.com

El ganado denominado criollo colombiano, comprende un grupo de especies equinos, bovinos, caprinos y porcinos y de razas chino santandereano, costeño con cuernos, congo, zungo, entre otros, que se caracterizan por que se han acondicionado a las variados entornos ecoclimáticas que le ofreció la geografía del país por más de 400 años, adquiriendo características

adaptativas especiales de gran interés para realizar con ellas un aprovechamiento racional. Concientes de estas características propias de las especies nativas dadas por la adaptación natural, por los mecanismos de selección y preservación de líneas genéticamente puras, considerando reportes anecdóticos de resistencia a procesos de enfermedad o estándares de producción de considerable impacto, a llevado a establecer que no existen estudios científicos y sistemáticos para el aprovechamiento racional de estas especies en Santander. En el caso de la Cabra Santandereana (Capra hircus) se ha trabajado en torno a su carácter fenotípico permitiendo su reconocimiento como raza, pero se desconoce su origen filogenético y son escasos los reportes o trabajos que caractericen la información genética para esta especie en particular. Este trabajo pretende caracterizar el cariotipo de la cabra santandereana, para esto se seleccionaron 5 machos y 5 hembras a partir de núcleos considerados genéticamente puros y se colectaran y procesaran muestras sanguíneas para estandarización de la técnica de cultivo de linfocitos, posteriormente se realizará tinción con giemsa para obtener un tipo de bandeo G el cual es más utilizado para la caracterización de cariotipos, al igual se establecerán los ideogramas. Este trabajo se constituirá en el pilar para el desarrollo de investigación del recurso genético nativo y permitirá confrontar las bases de datos a partir de trabajos realizados a nivel internacional asociados a la cabra doméstica.

**Palabras clave:** *evaluación genética, ideograma, muestras de sangre*

**Key words:** *blood samples, genetic evaluation, ideogram*

## Caracterización estructural y funcional de los sistemas de producción con ganado criollo hartón del Valle*

***Structural and functional characterization of hartón del Valle Colombian creole cattle production systems***

Luz M Ocampo Benítez[1], Zoot, Esp, MS; Carlos V Durán Castro[2], Ing. Agr, MS; Diosdado Baena García[2] Ing. Agr., MS, PhD.

*Programa de conservación, mejoramiento y utilización del ganado criollo Hartón del Valle del Cauca, Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. A. A. 237 Palmira, Colombia.
[1]Secretaría de Agricultura y Pesca - Gobernación del Valle del Cauca. Cali, Colombia.
[2]Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Palmira, Colombia.

locampo@valledelcauca.gov.co, cvduranc@palmira.unal.edu.co, dbaenag@palmira.unal.edu.co

La primera parte del estudio, se refiere al esfuerzo común entre el sector académico, gubernamental y de algunos productores para la realización de investigaciones con procesos de transferencia tecnológica con el propósito de mejorar los sistemas de producción con el ganado criollo Hartón del Valle dentro del programa de investigación que lidera y coordina la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira en el departamento del Valle del Cauca. Con la finalidad de evaluar las características estructurales y funcionales de sistemas de producción con ganado criollo Hartón del Valle se adelantó una investigación, derivada de un registro de los productores de ganado criollo Hartón del Valle durante los años 1996 y 1997. Se utilizó una metodología para la descripción de los aspectos estructurales y el establecimiento de una tipología funcional, realizando la clasificación y tipologías de fincas, la cual incluyó técnicas de análisis multivariado con énfasis en el análisis de componentes principales para la reducción de variables y análisis de conglomerados para la conformación de los grupos. Se dispuso de 46 fincas que equivalen al 100% del total de fincas en las cuales existe actualmente Ganado criollo Hartón del Valle, en el departamento del Valle del Cauca, que corresponden al 54.76 % del total de la base de datos referente al censo poblacional y de caracterización de fincas donde se produce el ganado criollo hartón del Valle, actualizado al año 2001. Los resultados definen una tipología de agricultores con base en cuatro variables que resumen el comportamiento del sistema de producción: eficiencia técnico- económica del sistema, eficiencia reproductiva del sistema, aptitud de la raza para el desempeño productivo y la condición socio-económica de los productores. A partir del análisis de conglomerados, se definieron ocho grupos o tipos de fincas tomando como criterio de partición el porcentaje de la variación total atribuible a la variación entre grupos o tipos ($R^2$ = 73.2%). La información obtenida a través de la caracterización, fue usada para adaptarla al sistema de producción, que muestra que el ganado criollo Hartón del Valle está localizado en una categoría "Vulnerable 2" y nadie puede asegurar ni su supervivencia ni su desarrollo sin políticas de estado en cuanto a la producción y conservación del patrimonio genético que cambien su actual tendencia de vulnerabilidad. Como consecuencia es necesario desarrollar actividades que alcancen un impacto social y económico sin dejar de reconocer su importancia en los sistemas de producción con ganado hartón del Valle, a través de evaluaciones biológicas y económicas de opciones tecnológicas productivas, sostenibles y competitivas en granjas.

**Palabras claves:** *doble propósito, ganado local, sistemas tropicales, topologías, Valle del Cauca*

**Key words:** *dual purpose, local cattle, tropical systems, typologies, Valle del Cauca*

## Caracterización racial de las poblaciones bufalinas (Bubalus bubalis) colombianas, y sus variantes alélicas para los genes de κ-caseína y β-lactoglobulina[1]

***Breed characterization of Colombian buffalo (Bubalus bubalis) populations and its allelic variants for κ-casein and β-lactoglobulin genes***

Mario F Cerón-Muñoz[2,3], Manuel A Moreno[2,4], Paula A Ángel[2]

[1]Entidad financiadora Ministerio de Agricultura, Colombia.
[2]Grupo de Investigación y Mejoramiento Animal, [3]Facultad de Ciencias Agrarias, e [4]Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
mceronm@agronica.udea.edu.co

La cría, levante y ceba de búfalos se ha convertido en los últimos años en una nueva alternativa para el sector ganadero de nuestro país debido a la calidad de carne y leche, la posibilidad

de transformar forrajes de baja calidad y de producir en condiciones de humedad y temperatura en donde actualmente los vacunos no son productivos. Sin embargo, la falta de conocimiento en la estructura genética de las poblaciones bufalinas (Bubalus bubalis) en nuestro medio representa una limitación para presentar una identificación completa y confiable de los animales y por lo tanto no se cumple a cabalidad con parámetros internacionales de trazabilidad para la comercialización de los animales y de los productos generados a partir de ellos, para los cuales también es importante el conocimiento acerca de proteínas lácteas asociadas con características de calidad de la leche como la κ-caseína y β-lactoglobulina. Como objetivo se ha planteado, determinar la diversidad génica y genotípica de las poblaciones bufalinas colombianas mediante el uso de microsatélites que serán aplicados para la caracterización genética de individuos (perfiles genéticos), establecer orígenes y fortalecer los registros genealógicos colombianos, y determinar las frecuencias génicas y genotípicas del gen de la κ-caseína y β-lactoglobulina en dichas poblaciones lo cual permitirá la selección temprana de animales con variantes de los genes relacionados a calidad de leche. Para esto, se muestrearan 300 animales de las poblaciones bufalinas (Bubalus bubalis) colombianas. Se tomarán muestras de sangre, las cuales serán procesadas en el Laboratorio de Genética y Mejoramiento Animal de la Universidad de Antioquia, donde se estandarizarán las condiciones de PCR para la amplificación de 20 microsatélites ubicados en diferentes cromosomas del genoma del búfalo. También se utilizaran secuencias específicas de primers para la amplificación de los genes de κ-caseína y β-lactoglobuina. Los productos de PCR serán visualizados en gel de agarosa al 2%. La determinación de los genotipos de todos los sistemas se realizara por electroforesis, en geles desnaturalizantes de poliacrilamida al 6%, y se revelaran con nitrato de plata. La determinación de los genotipos de los diferentes STR's se hará según la literatura y lineamientos de la ISAG. El producto de amplificación para los genes de κ-caseína y β-lactoglobulina serán sometidos a digestión con enzimas de restricción específicas para cada uno de ellos. Para la tipificación se utilizarán escaleras de peso molecular acordes con el tamaño de los fragmentos obtenidos en ambos procesos. Se determinarán las frecuencias Alélicas y Genotípicas, el equilibrio de H-W, determinación del contenido de información polimórfica según los parámetros de Botstein; determinación del poder de discriminación y la probabilidad de exclusión, según los parámetros de Fisher. Esta investigación es la primera aproximación al conocimiento de la estructura genética de las poblaciones bufalinas en el territorio colombiano, con lo cual se espera obtener información especifica que servirá como base para la elaboración de programas de conservación, producción, identificación, pruebas de filiación y mejoramiento genético y valoraciones genéticas para características de importancia económica.

**Palabras claves:** *caracterización genética, estructura genética, microsatélites, PCR (Reacción en cadena de la polimerasa), proteína, trazabilidad*

**Key words:** *genetic characterization, genetic structure, microsatellites, PCR (polymerase chain reaction), protein, trazability*

# Comparación de valores de cría calculados en países templados y en el trópico para toros extranjeros utilizados en Antioquia, Colombia*

## *Comparison of breeding values estimated in temperate countries or in the tropic for bulls used in Antioquia, Colombia*

Jaime E Parra Suescún[2], Jorge H Quijano Bernal[2], Albeiro López Herrera[2], José J Echeverri Zuluaga[3]

[2]Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Medellín, Colombia.
[5]Asistencia técnica Colanta y Corporación universitaria Lasallista. Medellín, Colombia.

*Proyecto 2007O7509-701, aprobado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural para ser desarrollado por la Universidad nacional de Colombia, sede Medellín y Colanta Ltda.

alherrera@unal.edu.co, joseez@colanta.com.co

El departamento de Antioquia es uno de los mayores productores de leche del país, junto con Caquetá, Huila, Quindío, Caldas y Risaralda produce el 17% de la leche total del país contando con zonas en las cuales se maneja lecherías de doble propósito y otras dedicadas a la lechería especializada. La utilización de la inseminación artificial en estos hatos es baja, cercana a un 2%, y la mayoría de los hatos que la practican, lo hacen mediante la utilización de semen de toros foráneos probados en otros países. Las pruebas realizadas a estos toros se efectúan en países de zona templada, teniendo en cuenta el desempeño de las hijas, las cuales se encuentran en estabulación y su alimentación esta basada en raciones mezcladas totales y ensilajes de alta calidad. En el trópico la producción de leche es basada en animales alimentados en pastoreo con forrajes altos en fibra y con una baja digestibilidad. Esta diferencia de condiciones ambientales hace que los toros probados bajo parámetros de zonas templadas no tengan el desempeño esperado en nuestro país, debido a la interacción genotipo-ambiente. La problemática se agrava ya que los costos de producción en lechería aumentan año tras año y que uno de los rubros de mayor impacto es el levante de animales para reposición, en cuyos costos se incluye el alto precio del semen importado. Debido a lo anterior se ha creado la necesidad de evaluar genéticamente los toros lecheros extranjeros de mayor utilización en el departamento de Antioquia, con miras a su utilización en programas de mejoramiento genético dentro de los hatos del departamento. Se recopilará la información de mínimo 25 hijas/ toro, de 70 toros extranjeros para las características producción de leche por lactancia, cantidad de grasa y proteína en leche, porcentaje de grasa y proteína, y cantidad de células somáticas en dos regiones del departamento de Antioquia (Norte y Oriente). Los ajustes por duración de lactancia y edad al parto serán estimados mediante el procedimiento GLM del programa SAS. La estimación de los parámetros genéticos y los valores de cría se realizarán mediante un modelo con la metodología de máxima Probabilidad, utilizando un algoritmo libre de derivadas. Se usará el programa computacional de Máxima Verosimilitud restricta libre de derivadas aplicado a múltiples características (MTDFREML), desarrollado por Boldam et al., (1995). La interacción genotipo-ambiente entre toros extranjeros, y entre regiones (norte y oriente de Antioquia), se calculará con base en la correlación genética propuesta por Carabaño et al., (1990). Los valores de cría de los toros extranjeros utilizados en Antioquia, encontrados en este trabajo serán divulgados para su utilización en programas de

mejoramiento genético y aumento en la cobertura de inseminación artificial en la zona, dentro de los hatos lecheros de todo el país, además, se espera mejorar los productos lácteos en términos de calidad composicional, sanitaria e higiénica de la leche.

**Palabras clave:** *evaluación genética, ganado de leche, interacción genotipo-ambiente, modelo animal, parámetros genéticos, producción de leche*

**Key words:** *animal model, dairy cattle, genetic evaluation, genetic parameters, genotype-environment interaction, milk production*

## Crecimiento ponderal de terneros Gyr x Holstein desde el nacimiento hasta los siete meses de edad[1]

Weighed growth of Gyr x Holstein calves from birth to seven month old[1]

Jhon J Cañas[2], Zoot; Edwin Galeano[2], est; Tatiana Ruiz-Cortés[3], MV, PhD; Mario Cerón-Muñoz[2,4], Zoot, PhD.

[1]Proyecto Colciencias Nº 1115-12-16774
[2]Grupo de investigación en Genética y Mejoramiento animal. Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, [3]Grupo de Fisiología y Biotecnología de la reproducción, y [4]GRICA. Grupo de Investigación en Ciencias Agrarias. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
mceronm@agronica.udea.edu.co

El crecimiento animal se considera como el aumento del número de células (hiperplasia) y el aumento del tamaño de estas (hipertrofia). Los diferentes órganos, tejidos y piezas anatómicas del animal no tienen todos la misma velocidad de crecimiento en un momento dado. El sistema nervioso central es el primero en alcanzar su tasa máxima de crecimiento, le sigue el tejido óseo y más tarde alcanzan su crecimiento máximo los tejidos muscular y adiposo. Entre los factores que afectan el crecimiento de un animal están, la herencia (genética), el sexo, el manejo, la edad, factores ambientales y la alimentación; siendo este último, el principal factor exógeno a considerar en el conjunto de particularidades sobre el crecimiento. La evolución del peso corporal en función del tiempo permite establecer curvas de crecimiento que caracterizan, en unas condiciones dadas, el crecimiento global de un individuo o una población. Los modelos más utilizados que expresan el crecimiento son: polinomiales, no lineales y lineales mixtos. En la hacienda Los Balcones, ubicada en el municipio de Santa Rosa de Osos, Antioquia, se escogieron 5 terneros Gyr X Holstein desde el nacimiento hasta los 7 meses de edad, donde se realizaron mediciones bovinométricas, con el propósito de modelar curvas de crecimiento utilizando modelos mixtos polinomiales. Fueron analizadas las características: Altura al sacro (AS), altura a la cruz (AC), longitud corporal (LC), amplitud ilion-ilion (II), amplitud ilion-isquion (IQ), amplitud isquion-isquion (QQ), perímetro torácico (PX), perímetro testicular (PT), área del ojo del lomo (AOL) y espesor de gasa subcutánea (EGS); se utilizó una estructura de medidas repetidas del mismo individuo, considerando al individuo como un efecto aleatorio e incluyendo los efectos de las regresiones lineal, cuadrática o cúbica, utilizando el procedimiento mixed del SAS (2006). El modelo lineal se ajusto para las características QQ y EGS, las características AC, AOL, AS, II, IQ, LC, PT y PX se ajustaron al modelo cuadrático.

**Palabras claves:** *crecimiento animal, curvas de crecimiento, medidas corporales, modelos polinomiales*

**Key words:** *animal growth, body measures, growth curves, polynomial models*

## Curvas de crecimiento y parámetros genéticos de modelos de crecimiento en búfalos colombianos

Divier A Agudelo-Gómez[1,2,3]; Mario F Cerón-Muñoz[3], Alejandro Hurtado-Lugo[3,4]

[1]Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Corporación Universitaria Lasallista. Caldas Colombia.
[2]Grupo GRICA, Estudiante de Maestría en Ciencias Animales, Universidad de Antioquia. Medellín Colombia.
[3]Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Antioquia. Medellín Colombia.
4. Estudiante de Maestría en Melhoramento Genético Animal, FCAV, UNESP, Brasil.
diagudel@lasallista.edu.co

El crecimiento animal es uno de los factores de mayor importancia económica en los sistemas de producción de carne, pues se relaciona tanto con características productivas y reproductivas. El crecimiento es afectado por factores genéticos, ambientales y por las interacciones genotipo-ambiente, lo anterior impide que se pueda presentar una ley de crecimiento debido a las múltiples incidencias que hacen variar la velocidad de crecimiento. El objetivo de este trabajo fue determinar que modelo matemático no lineal es el que mejor describe el crecimiento y estimar parámetros genéticos y productivos en búfalos Colombianos. Se utilizó la información productiva de tres explotaciones bufalinas localizados en diferentes departamentos (Antioquia, Caldas y Córdoba) y sometidos a tres sistemas de manejo (amamantamiento completo especializado en producción de carne, doble propósito y doble propósito en un sistema de producción orgánico). Se probaron los modelos matemáticos no lineales propuestos por Gompertz (1825), Logístico (1838), Bertalanffy (1938), Brody (1945) y Richards (1959) aplicando el procedimiento proc nlin del programa estadístico SAS® versión 9.1 (2005), los criterios tenidos en cuenta para la elección del mejor modelo fueron: el porcentaje de curvas que convergieron, el porcentaje de curvas que fueron significativas ($p<0.05$), el porcentaje de curvas que presentaron menor criterio de información Akaike, y menor criterio de información Bayesiano, también se tuvo en cuenta el valor de los residuos y el coeficiente de determinación ($R^2$). Para la estimación de los parámetros genéticos se utilizó la base que tenía toda la información genealógica que corresponde al sistema especializado en producción de carne y se localiza en el Magdalena Medio, departamento de Caldas, la metodología usada fue la de máxima verosimilitud restricta libre de derivadas usando el software MTDFREML desarrollado por Boldman *et al*, 1995. El modelo que mejor describió el crecimiento fue el propuesto por Brody, la heredabilidad directa y materna para peso al destete y los coeficientes $\beta_0$, $\beta_1$, $\beta_2$, fueron bajas.

**Palabras clave**: *correlación genética, funciones no lineales*

**Key words**: *genetic correlation, functions nonlinear*

## Curvas de crecimiento en bovinos cruzados

***Growth curves for cross-bred cattle***

Cristina Herrera[1], Mario F Cerón Muñoz[1], Oscar D Vergara Garay[2,3]

[1]Grupo de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[1,2] Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba. Montería, Colombia.
[3]Estudiante de Doctorado en Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
mceronm@agronica.udea.edu.co, overgara@sinu.unicordoba.edu.co

Estudios sobe el crecimiento en bovinos cruzados, y especialmente sobre curvas de crecimiento son escasos en

Colombia. Cuando se tienen pesajes subsecuentes y regulares en un mismo individuo, desde el nacimiento a la madurez, es posible construir una curva del peso en función de la edad para describir su crecimiento. Debido a la gran cantidad de datos generados durante el crecimiento, pueden surgir dificultades de interpretación, por lo que el uso de modelos estadísticos adecuados, permite resumirlos en pocos parámetros de acuerdo al modelo utilizado. Por lo que el objetivo de esta investigación será estimar la curva que mejor describa el crecimiento en una población bovina multirracial. Para desarrollar esta investigación se utilizará información de los años 1995 al 2007 de la base de datos de la hacienda La Leyenda, ubicada en el municipio de Caucasia (Antioquia). Los animales a utilizar serán de los siguientes grupos genéticos: ½ Bon x ¼ angus x ¼ cebú; ½ angus x ¼ Bon x ¼ cebú; ½ romosinuano x ¼ angus x ¼ cebú; y ½ angus x ½ cebú; de los cuales se tomaran 40 animales por cada grupo genético. Los modelos a utilizar serán el de Bertalanffy, Brody, Gompertz y polinomial, de los cuales se escogerá el que menor AIC o BIC tenga o de acuerdo con la razón de verosimilitud. Con esta investigación se espera obtener el modelo matemático que mejor describa el crecimiento en bovinos cruzados en el trópico bajo colombiano y éste se constituye en una excelente herramienta para aplicar en la administración y toma de decisiones en el manejo de los sistemas de producción de bovinos cruzados.

**Palabras claves:** *biomodelación, bovinos cruzados, crecimiento*

**Key words:** *biomodeling, growth, multibreed cattle*

## Detección de variantes alélicas de la β- lactoglobulina utilizando PCR-RFLP y PCR-SSCP en ganado criollo hartón del Valle[1]

***Detection of allelic variants of β- lactoglobulin using PCR-RFLP and PCR-SSCP in "hartón del Valle" creole cattle***

Héctor Díaz[2], Luz A Álvarez[2], Jaime E Muñoz[2], Heiber Cárdenas[3], Guillermo Barreto[3], Víctor Vera[2]

[1]División de Investigaciones DPAL, [2]Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Palmira, Colombia.
[3]Universidad del Valle. Cali, Colombia.
hediaz@yahoo.es laalvarezf@palmira.unal.edu.co, jemunozf@palmira.unal.edu.co, vjveraa@unal.edu.co, barretog@univalle.edu.co, hecarden@univalle.edu.co

La raza Hartón del Valle (HV) es una de las siete razas de ganado bovino criollo colombiano, tiene buena aptitud lechera y gran aceptación para mestizaje con razas especializadas en producción de leche y atributos de adaptación. La β- lactoglobulina (β-LG) del suero de la leche de rumiantes, puede constituir el 50% de las proteínas lactoséricas. El gen de la β-LG bovina tiene una unidad transcripcional de 4724 pb y 7 exones que se ubican en el cromosoma 11, tiene 11 alelos, los más frecuentes son A y B, la proteína tiene 162 aminoácidos. El genotipo β- LG BB está asociado con un alto porcentaje de caseínas en la leche, alta producción de queso y mayor contenido de grasa, el β-LG AA con alta producción de leche total y un incremento en las proteínas del suero. Los objetivos fueron: identificar los alelos de β-LG con PCR-SSCP y evaluar la frecuencia y diversidad de HV. Se evaluaron 271 animales de 11 poblaciones con HV, 22 animales cebú y 12 Holstein. Se extrajo ADN con el protocolo de "salting out" y por PCR se amplifico un fragmento de 262 pb del gen β- LG utilizando los cebadores BLGP3 y BLGP4 de 25 bases cada uno. Se utilizó la enzima de restricción HaeIII para identificar los genotipos β- LG AA, β- LG AB y β- LG BB y toda la población se genotipificó utilizando la técnica PCR-SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism). La frecuencia del alelo A en HV varió en las fincas de 0.182 + 0.008 a 0.567 + 0.08, en cebú fue 0.30 + 0.07 y en holstein 0.54 + 0.10. El promedio en HV para el alelo A fue 0.38 + 0.02, está dentro de los rangos reportados para ganado ibérico y de Sur América. No hubo equilibrio Hardy–Weinberg en 5 de las fincas evaluadas ni en el conjunto Hartón del Valle. No se encontró en la literatura revisada la utilización de esta técnica para identificar los alelos de β- LG.

**Palabras clave**: *ADN, bovinos, genotipificación, polimorfismo*

**Key words**: *cattle, DNA, polymorphism*

## Diversidad genética del ganado hartón del Valle mediante marcadores microsatélites[1]

***Genetic diversity of "hartón del Valle cattle" based on microsatellites loci***

Luz A Alvarez[2], Jaime E Muñoz[2], Heiber Cárdenas[3], Guillermo Barreto[3], Víctor Vera[4]

[1]Financiado por División de Investigaciones (DIPAL) Universidad Nacional de Colombia. Palmira
[2]Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. Palmira, Colombia.
[3]Universidad del Valle. Cali, Colombia.
[4]Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá. Bogotá, Colombia.
laalvarezf@palmira.unal.edu.co, jemunozf@palmira.unal.edu.co, barretog@univalle.edu.co, hecarden@univalle.edu.co, vjveraa@unal.edu.co

El ganado criollo hartón del Valle (HV), es un ganado adaptado a las condiciones del Valle del Cauca, cuenta con una población de 5300 animales considerada en la categoría "vulnerable" desde el punto de vista de conservación y es explotado principalmente en sistemas de doble propósito. Con el fin conocer la diversidad genética y las relaciones entre poblaciones de la raza HV se utilizaron 15 marcadores microsatélites en 186 individuos pertenecientes a 11 poblaciones ($P_N$) de HV y dos grupos control de las razas holstein (H, n = 13) y brahman (B, n=18); también se incluyeron dos grupos de individuos HV cruzados con H (HV*H n=21) y con otras razas (HV*OR, n = 11). Se estimaron el número promedio de alelos (NPA), la heterocigosidad esperada (He) y se construyó un árbol de distancias. Los microsatélites fueron altamente polimórficos (144 alelos) y NPA de 9.6 ± 1.6 para el total de la población y de 9.46 ± 1.76, 7.13 ± 1.6, 5.7 ± 2.0, 6.47 ± 2.0 y 6.8 ± 1.4 para HV, B, H, (HV*H) y (HV*OR), respectivamente. La $H_e$ promedio para HV fue de 0.79 ± 0.07 con valores entre 0.73 ± 0.10 en la $P_9$ y 0.77 ± 0.10 en la $P_7$. El Fst = 0.05 ± 0.006 (p>0.01), indica baja diferenciación entre poblaciones de la raza HV. El dendrograma diferenció las dos especies Bos taurus y Bos indicus, agrupo HV con (HV*H) pero mostró un cluster aparte con H y (HV*OR). La diversidad genética del HV fue mayor a la reportada en razas europeas, asiáticas y criollas colombianas y suramericanas.

**Palabras claves:** *ganado criollo colombiano, recursos genéticos*

**Key words:** *Colombian creole cattle, genetic resources*

# Efecto económico de la reducción de la diversidad biológica debida a la implementación de niveles de selección genética en un sistema de producción cunícola

***Economic effect of biological diversity reduction due to the level of genetic selection in a rabbit production system***

Fausto C Moreno Vásquez[1], Miguel Cabal[2], Rodrigo E Vásquez Romero[3].

[1]Departamento de Ciencias para la Producción Animal,Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
[2]Facultad de Economía, Universidad de los Andes. Bogotá, Colombia.
[3]Corpoica. Programa Nacional de Recursos Genéticos Animales. Bogotá, Colombia.

El uso que los humanos le damos a los sistemas biológicos para la producción de fuentes alimenticias determina si la diversidad biológica que existe en esos sistemas productivos aumenta, se mantiene o disminuye. El presente trabajo evalúa el efecto económico derivado de la reducción de la diversidad biológica debida a la implementación de niveles de selección genética unidireccional y continua en una especie animal como resultado de políticas y decisiones maximizadoras de beneficios actuales a partir del producto, aplicando el diseño económico propuesto en la producción cunícola. Se plantea un modelo econométrico que analiza la asociación existente entre la selección genética y el mayor rendimiento productivo de la especie explotada, con la información del banco de germoplasma cunícola en Corpoica Tibaitatá. Adicionalmente, y con el objeto de justificar y medir el efecto negativo de la selección genética, se elabora un modelo logístico que permite evaluar y analizar las razones del por qué el productor desconoce los efectos negativos de la selección. A partir de los modelos planteados se concluye entonces que: 1) a nivel privado las causas de la implementación de paquetes productivos que originan deterioro de la diversidad biológica provienen de la estructura actual de los incentivos económicos; 2) los seres humanos deben ser vistos fundamentalmente como los responsables de la pérdida de diversidad biológica debido a sus elecciones en relación a la asignación de sus recursos; 3) la conservación de la diversidad biológica debe responder a criterios morales más que a consideraciones de eficiencia económica, señalando que la valoración económica sólo corresponde a un elemento dentro del paquete de iniciativas tendientes a mejorar la gestión de los sistemas productivos sostenibles; y 4) la selección direccional puede ser utilizada para la destrucción directa o indirecta de la biodiversidad genética. Es muy distinto tratar de crear una raza perfecta a tratar de perfeccionar la raza explotada.

**Palabras clave:** *economía ambiental, economía de recursos naturales*

**Key words:** *environmental economics, natural resources economics*

# Efectos genéticos aditivos y no aditivos del peso al destete y características reproductivas en bovinos cruzados

***Genetic additive and non additive effects on weaning weight and reproductive traits in cross-bred cattle***

Oscar D Vergara Garay[1,2], Mario F Ceron Muñoz[3], Yorlady Orozco[3]

[1,2] Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba. Montería, Colombia.
[2]Grupo GRICA, y [3] Grupo de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
overgara@sinu.unicordoba.edu.co, mceronm@agronica.udea.edu.co

Considerando que la mayor parte de la carne producida en Colombia proviene de poblaciones de animales cruzados, en las cuales se desconoce el valor genético de los individuos utilizados como reproductores, haciéndose necesario hacer la evaluación genética de estos animales con el fin de hacer más eficiente los programas de cruzamiento. Para realizar dichas evaluaciones se han propuesto modelos de evaluación genética multirracial, donde se consideran los efectos genéticos aditivos y no aditivos que permiten la comparación de animales de diferente composición racial, por lo que se propone como objetivo de esta investigación la estimación de parámetros genético genéticos para el peso al destete y características reproductivas en bovinos cruzados, aprovechando la disponibilidad de una base de datos de una población multirracial. Para desarrollar esta investigación se utilizará información de los años 1995 al 2007 de la base de datos de las haciendas La Leyenda y La Pintada, ubicadas en los municipios de Caucasia (Antioquia) y Planeta Rica (Córdoba) Dicha base dispone de más 15.000 registros de animales, obteniéndose más 20.000 animales en la matriz $A^{-1}$. La población está constituida por animales de diferentes proporciones de las razas angus, BON, cebú, senepol y romosinuano. Se empleará el modelo animal multirracial propuesto por Elzo y Famula (1985) y por Arnold et al. (1992), y aplicado por Almeida et al. (1997). El modelo a utilizar se considerará el efecto fijo del grupo contemporáneo (definido por año-época-sexo), el efecto fijo del número de partos, las proporciones esperadas de heterocigosis para animal y madre, el efecto de heterocigosis directa y materna, las fracciones esperadas de genes que un animal dado y la madre reciben de una raza determinada, el efecto genético directo y materno usados como covariables, el efecto aleatorio genético aditivo, el efecto aleatorio genético aditivo y ambiente materno permanente y el efecto residual aleatorio. Para el cálculo de la heterocigosis se utilizará la formula planteada por Fries (1996). Para las variables reproductivas, (edad al primer y cuarto parto) en el efecto fijo del grupo contemporáneo no se considerará el efecto de la edad de la madre y el efecto genético materno y de ambiente permanente, pero se incluirá como covariable el peso al destete. Para la estimación de los efectos genéticos no aditivos, la matriz de covarianza de efectos de interacciones de padre por grupo racial de la madre, se realizará de acuerdo a lo planteado por Elzo (1990). Mediante esta investigación se pretende suministrar información precisa sobre la estimación de parámetros genéticos de características de importancia

económica en poblaciones de bovinos cruzados y la evaluación genética de ciertos grupos raciales con el fin de direccionar los apareamientos a utilizar, la cual es necesaria para trazar planes de mejoramiento genético animal en Colombia con el fin proporcionar una herramienta para incrementar la producción bovina bajo las condiciones del trópico bajo colombiano.

**Palabras clave:** *efecto aditivo, efecto directo, ganado de carne, heterocigosis, efecto materno*

**Key words:** *additive effect, beef cattle, direct effect, heterozygosis, maternal effect*

## Endogamia en ganado romosinuano en la zona de Urabá, Colombia

***Endogamy in romosinuano cattle from Urabá region, Colombia***

Juan G Granada P[1,2], Gloria M Herrera[3], Mario Cerón-Muñoz[1,4], Naudin Hurtado-Lugo[1,5],Elkin Arboleda Zapata [1,6].

[1]Grupo de investigación en Genética y mejoramiento animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[2]Estudiante de Zootecnia, Universida de Antioquia,
[3]Medico Veterinario, Universidad de Antioquia.
[4]Profesor de Facultad de Ciencias Agrárias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[5]Estudiante de Maestría, FCAV/UNESP, São Paulo, Brasil.
[6]Estudiante de maestria, Faculdad de Ciencias Agrárias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
juangranada@gmail.com, mceronm@agronica.udea.edu.co

En Colombia un alto porcentaje de las explotaciones ganaderas, bovinas son extensivas; esto obedece a que el país carece de infraestructura, tecnología, vías, mercados organizados, producción de insumos, entre otros, que permitan a los productores hacer las inversiones necesarias para tecnificar mas las fincas y modificar el ambiente en que se desarrollan los animales. Afortunadamente, en el país se cuenta con las razas criollas que cuentan con mas de 500 años de adaptación a las condiciones agro-ecológicas nacionales, además, el ganado criollo en comparación con las razas foráneas posee ventajas; como la alta longevidad, resistencia a algunas enfermedades, baja mortalidad y alta eficiencia productiva y reproductiva, dentro de estas razas encontramos el romosinuano, esta raza tuvo su origen en el Valle del río Sinú, departamento de Córdoba, Colombia. Por otro lado en el año de 1914, comienza un proceso de cebuización de la ganadería de la Costa Atlántica colombiana, la cual llevo casi a la desaparición de la raza romosiuano, presentándose en la raza una baja tasa reproductiva y por ende, en algunas explotaciones problemas de consanguinidad. El apareamiento endogámico se realiza entre individuos parientes, cuyo efecto genético es la consanguinidad. Uno de los principales efectos genéticos de la consanguinidad es aumentar la homocigosis del hato, lo cual reduce la heterocigosis, como consecuencia, la endogamia contribuye a disminuir la variabilidad genotípica del hato por el apareamiento de la población con grado de parentesco, este tipo de apareamiento sin el debido seguimiento de las características a fijar puede generar problemas tanto a nivel reproductivo como productivo. Esto nos lleva a evaluar el grado de consanguinidad del núcleo Romosinuano de la hacienda el Espejo en donde fueron recolectados alrededor de 116 registros del hato, los cuales fueron trabajados con el software pedigree Viewer. Dentro del pedigrí se determinó un elevado grado de parentesco dado que en el hato solo se a contado con dos reproductores, los cuales se han apareado con la misma vacada y, presentando un nivel de endogamia del 0.25% en varios animales de la población.

**Palabras clave:** *ganado criollo, genealogía*

**Key Words:** *creole cattle, pedigree*

## Efecto de la línea genética y el sexo sobre el crecimiento en cuyes *(Cavia porcellus)*

***Effect of genetic line and sex on growth of guinea pigs (Cavia porcellus)***

Sandra L Posada Ochoa[1], Ricardo Rosero Noguera[1], Carlos Solarte[2]

[1]Grupo de Investigación en Ciencias Animales –GRICA. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[2]Universidad de Nariño, Facultad de Ciencias Pecuarias. Pasto, Colombia.
slposada@agronica.udea.edu.co

El cuy (Cavia porcellus), mamífero precoz y prolífico, es usado como alimento de alto valor nutritivo en la zona andina. Su bajo costo de producción y elevado precio de venta hacen de él un producto competitivo, representando una alternativa económica y social en algunas zonas de Colombia. Por lo tanto, el análisis de su rendimiento productivo es de interés para fortalecer los programas de selección genética. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la línea y el sexo de los animales sobre el crecimiento en el tiempo. Fueron analizados 546 registros provenientes de la estación experimental Botana, propiedad de la Universidad de Nariño (San Juan de Pasto, Colombia). Las líneas se codificaron de acuerdo con el color del pelaje (1: blanco, 2: más rojo que blanco, 3: más amarillo que blanco, 4: rojo, 5: amarillo). Como normas de manejo, los animales se agruparon por sexo después del destete (dos semanas), en número de 10-15 por metro cuadrado. La alimentación se basó en el suministro de forrajes (Lolium sp, Pennisetum clandestinum y Medicago sativa) y suplemento concentrado. Las variables evaluadas en la madre fueron: peso al parto, número de parto y tamaño de camada; y para las crías: peso al nacimiento, al destete, a las cuatro, ocho y doce semanas de edad, el sexo y la línea genética. Para el análisis de la información se utilizó análisis multivariado de la covarianza (MANCOVA) con contrastes canónicos ortogonales, análisis matricial de correlación, distribución de frecuencias, análisis descriptivo exploratorio y regresión no lineal (modelo de Gompertz) para el análisis de las curvas de crecimiento. Los pesos promedios al nacimiento fluctuaron entre 140.18 a 155.85 g para los machos y 130.90 a 156.25 g para las hembras. Los pesos al destete fluctuaron entre 315.57 a 338.70 g para los machos y 293.69 a 346.20 g para las hembras. Aproximadamente el 40% de los animales se comercializó con un peso entre 1100 y 1200 g. Se presentó diferencia estadística significativa ($p<0.05$) en el tamaño de la camada (4.34 y 3.69) y en el peso a las cuatro semanas (551.40 y 486.17 g) entre las líneas 1 y 5, respectivamente, para las crías macho. Los pesos a edades restantes no presentaron diferencia estadística significativa ($p>0.05$). La evaluación del efecto del sexo sobre el peso corporal, al interior de una misma línea, permitió detectar superioridad para los machos, especialmente en las líneas

1 y 2. El análisis de correlación destacó relaciones inversas entre el tamaño de la camada y el peso individual al nacimiento, pero una autocorrelación positiva entre todos los pesos a diferentes edades. El análisis de regresión no lineal estimó tasas de crecimiento (g/día) entre 22.2 y 23.9 para los machos y entre 13.2 y 19.8 g para las hembras. La covariable que más determinó el peso de las crías a diferentes edades correspondió al peso al parto de la hembra al parto.

**Palabras clave:** *Cavia porcellus, curvas de crecimiento, línea genética, sexo, análisis multivariado*

**Key words:** *Cavia porcellus, genetic line, growth curves, sex, multivariate analysis*

## Estimación de algunos parámetros genéticos y ambientales para el porcentaje de proteína en leche

***Estimation of some genetic and environmental parameters on milk protein content***

José J Echeverry Zuluaga[1], Jorge H Quijano Bernal[2]

[1]Asistencia técnica Colanta. Docente cátedra Corporación universitaria Lasallista. Medellín, Colombia.
[2] Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Asistencia técnica Colanta. Medellín, Colombia.
joseez@colanta.com.co, hquijan@unalmed.edu.co, hquijan@unalmed.edu.co.

La producción lechera en Colombia ha tenido desde tiempo atrás una tendencia a desarrollarse buscando aumentar los niveles de producción dejando atrás otros parámetros como el porcentaje de proteína de la leche. La utilización de toros probados genéticamente, es decir, seleccionados mediante su valor de cría, asegura que el progreso genético logrado mediante un proceso de selección sea mayor al obtenido a través del uso de toros de los cuales de se desconoce su valor genético. Por esto se deben investigar los parámetros genéticos, dando un primer paso en la evaluación genética de toros nacionales y extranjeros. El objetivo de la presente investigación fue la obtención de parámetros genéticos en nuestras condiciones con el fin de estimar valores de cría para el porcentaje de proteína de algunos toros nacionales y extranjeros. El presente trabajo fue realizado en 5 haciendas localizadas en los municipios de San Pedro de los Milagros, Medellín y la Unión. El objetivo principal fue estimar parámetros genéticos como la heredabilidad, repetibilidad y correlaciones genéticas del porcentaje de proteína de la leche, así como los valores genéticos de algunos toros nacionales y extranjeros de influencia en la zona que se realizó el estudio. El análisis se efectuó con base en 366 registros pertenecientes a 92 animales los cuales fueron monitoreados durante cuatro meses para producción de leche, porcentaje de proteína y grasa. La información fue analizada usando el método de mínimos cuadrados, La heredabilidad se calculó por la correlación intraclase de medias hermanas paternas. Las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales fueron estimadas por componentes de varianza y covarianza de hermanas medias. Los valores de cría de los reproductores se calcularon por medio del programa MTDFREML. Los efectos del reproductor, hato, número de parto de la vaca y la producción de leche fueron altamente significativos ($p<0.01$) sobre el porcentaje de proteína. Los días en lactancia fueron significativos ($p<0.05$). La heredabilidad hallada para el porcentaje de proteína fue de 0.66 ± 0.22. La repetibilidad entre mediciones al interior de un mismo parto para el porcentaje de proteína fue de 0.48. Las correlaciones genéticas entre el porcentaje de proteína y la producción de leche, los días en leche y el porcentaje de grasa fueron de -0.18 ± 0.31, 0.49 ± 0.22 y 0.43 ± 0.26, respectivamente. Las correlaciones fenotípicas en el mismo orden fueron: -0.28, 0.24 y 0.40, respectivamente. Los toros nacionales en general mostraron un buen desempeño con relación a los extranjeros; aquellos de mayor valor genético fueron Horizontes Pete Andino, San Esteban valiant Porteño, Zielland Zebo y Agronomía Bell Relámpago. Existe una alta variación en cuanto a los reproductores, para el porcentaje de proteína en la leche lo que indica que se puede seleccionar para lograr ganancias en este parámetro. Se presenta una diferencia entre las evaluaciones genéticas para toros extranjeros realizadas en otros países, con las efectuadas en este trabajo, esto debido a la alta interacción genotipo ambiente.

**Palabras clave:** *correlaciones, heredabilidad, proteína, repetibilidad*

**Key words:** *correlations, heritability, protein, repeatability*

## Estimación de parámetros genéticos para peso al destete en ganado blanco orejinegro (BON) en el noroccidente colombiano

***Estimation of genetic parameters for weaning weight of blanco orejinegro (BON) cattle in northwest Colombia***

Jhon J Cañas[1], Zoot; Julián Ramirez[1], Zoot; Oscar Arboleda[2], Zoot; Jorge Ochoa[2], Zoot; Mario Cerón-Muñoz[1,2], Zoot, PhD.

[1]Grupo de investigación en Genética y Mejoramiento animal, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, [2]Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
mceronm@agronica.udea.edu.co

Los datos que hacen referencia al potencial genético de las razas criollas y que además sirvan de base para futuros programas de mejora genética son escasos, especialmente en características tan importantes para la selección de bovinos de carne como lo es, el peso de los terneros al destete, componente básico del comportamiento productivo que inciden en el retorno neto de la explotación. Las evaluaciones genéticas en la práctica se utilizan con el fin de brindar a los criadores de ganado una herramienta para valorar genéticamente a sus animales, para que de esta manera se pueda aumentar el potencial de rendimiento de los hatos a través de la utilización de animales con un mayor potencial genético. Fueron recolectados 340 registros entre los años de 1988 al 2006, del núcleo de animales BON puro de la hacienda Vegas de la Clara, Universidad de Antioquia. Los animales pastorean bajo el sistema rotacional en pasturas de Brachiaria decumbens (Pasto amargo), Brachiaria humidícola (pasto dulce), B. arrecta (urare), Cynodon nlemfuensis (pasto estrella) y Paspalum sp (gramas nativas). El

peso promedio al destete fue de 197.5 ± 32 kg, con un coeficiente de variación de 16.2%, a una edad promedio de 271.6 ± 13.2 d, con un coeficiente de variación de 4.9%. Los pesos promedios al destete de los machos y hembras fueron 206.8 y 190.86 kg, respectivamente. El efecto época de destete mostró diferencias a favor de los animales destetados en invierno comparado con los destetados en verano con un peso promedio de 201.99 y 189.71 kg, respectivamente. Para la característica peso al destete se presentó un coeficiente de endogamia en el hato del 24.5%, con un total de 21 animales endogámicos; la heredabilidad directa fue de 0.53 (alta) y la heredabilidad materna fue de 0.10 (baja) con una correlación entre ambas de -1.0. Se observó una correlación negativa entre el DEP's directo y el coeficiente de endogamia y una correlación positiva entre el DEP's directo y la generación.

**Palabras clave:** *evaluación genética, endogamia, peso al destete.*

**Key words:** *endogamy, genetic evaluation, weaning weight,*

## Estimación del valor de cría para características productivas, reproductivas y de tipo de toros nacionales utilizados en ganaderías de leche especializadas en Antioquia, Colombia*

***Estimation of breeding value for productive and reproductive traits and type in bulls from dairy farms in Antioquia, Colombia***

Jaime E Parra Suescún[1] Jorge H Quijano Bernal[1], Albeiro López Herrera[1], José J Echeverri Zuluaga[2].

[1]Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Medellín, Colombia.

[2]Asistencia técnica Colanta, y Corporación universitaria Lasallista. Medellín, Colombia.

*Ministerio de agricultura y desarrollo rural para ser desarrollado por la Universidad nacional de Colombia, sede Medellín y Colanta Ltda.

jeparrasu@unal.edu.co

Los sistemas de evaluación genética proveen la base para programas de mejoramiento genético en los diferentes sistemas de producción. Un modelo de evaluación divide la variación de una característica de interés en un sistema productivo (pesos, producciones, calidad, características lineales) en efectos debidos a la genética de los animales que generan esos registros y en debidos al entorno en donde se desempeñan estos animales (medio ambiente). La evaluación genética consiste en la predicción del mérito genético de un animal, considerando todas las fuentes de información (propias, de sus ancestros, descendientes o colaterales), de caracteres productivos, reproductivos, de conformación o calidad del producto. Las evaluaciones genéticas son una de las herramientas empleadas en la actualidad a nivel mundial para lograr el avance de la producción pecuaria. Sin embargo, en Colombia la ganadería de leche carece de programas regionales o nacionales de evaluación genética y generalmente recurre a la importación genética probada en otras latitudes, desconociendo la problemática relacionada con la interacción genotipo-ambiente. En nuestro país la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, ha realizado pruebas de toros nacionales con buenos resultados, pero el bajo volumen de toros evaluados y la baja confiabilidad de las pruebas realizadas no han permitido la masificación de los productos y el contundente aporte al mejoramiento de las características de importancia económica. Esta realidad, la baja confiabilidad y el lento mejoramiento genético logrado en las ganaderías que inseminan con este semen nacional, ocasiona que los ganaderos recurran a la utilización de monta natural con los problemas de ineficiencia reproductiva, sanidad y progreso genético lento que esto conlleva. Debido a lo anterior se ha creado la necesidad de desarrollar programas de mejoramiento genético en nuestras condiciones con base en los recursos genéticos ya existentes y evaluar genéticamente los toros lecheros nacionales de mayor utilización en el departamento de Antioquia con miras a la masificación de la distribución de su semen y utilización en programas de mejoramiento genético dentro de los hatos. Se utilizará la información de las hijas (mínimo 25/toro) de 30 toros nacionales para las características producción de leche por lactancia, cantidad de grasa y proteína en leche, porcentaje de grasa y proteína, y cantidad de células somáticas en dos regiones del departamento de Antioquia (Norte y Oriente). Los ajustes por duración de lactancia y edad al parto serán estimados mediante el procedimiento GLM del programa SAS. La estimación de los parámetros genéticos y los valores de cría se realizarán mediante un modelo con la metodología de máxima Probabilidad, utilizando un algoritmo libre de derivadas. Se usará el programa computacional de Máxima Verosimilitud restricta libre de derivadas aplicado a múltiples características (MTDFREML), desarrollado por Boldam et al., (1995). Los valores de cría de los toros encontrados en este trabajo serán divulgados para su utilización en programas de mejoramiento genético y aumento en la cobertura de inseminación artificial en la zona, dentro de los hatos lecheros de todo el país, además, se espera mejorar los productos lácteos en términos de calidad composicional, sanitaria e higiénica de la leche.

**Palabras clave:** *evaluación genética, modelo animal, parámetros genéticos, producción de leche*

**Key words:** *animal model, genetic evaluation, genetic parameters, milk production*

## Estudio preliminar de parámetros genéticos para la edad al primer parto en bovinos cruzados

***Genetic parameters for age at first calving in cross-bred cattle: preliminary results***

Clara V Rúa B[1], Juan G Granada P[1], Mario F Ceron-Muñoz[1], Oscar Vergara Garay[1, 2], Naudin Hurtado-Lugo[1]

[1]Grupo de investigación en mejoramiento genético animal, y [2] Estudiante de doctorado, Grupo GRICA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

juangranada@gmail.com, mceronm@agronica.udea.edu.co

El éxito de cualquier programa de cruzamientos depende básicamente de las perspectivas de la empresa y los requerimientos del medio. Para que el cruzamiento cumpla con los objetivos establecidos, es necesario disponer de información zootécnica confiable de los animales y su respectiva valoración genética. La evaluación genética se convierte así, en una herramienta

importante que permite determinar cuales son los reproductores que deben ser usados en los cruzamientos, en busca de mejorar la producción y productividad de los rebaños. Para la evaluación genética de animales cruzados es necesaria la utilización de modelos genéticos complejos, conocidos como modelos multirraciales. Esta se puede realizar con modelos sencillos incluyendo grupo genético, el efecto de heterosigosis, edad al primer parto y grupo genético dentro de razas con varianzas genéticas heterogéneas o modelos multi-característicos. En animales puros ó cruzados, la edad al primer parto se encuentra afectada por diferentes factores como; edad y peso de entrada al servicio, sin dejar de lado otros aspectos importantes como el manejo y la alimentación durante el periodo de crecimiento del individuo. Por otro lado, la eficiencia reproductiva de la novilla dependerá de la edad a la cuál presente su primer parto, además, es necesario tener en cuenta que la edad al primer parto es afectada por la edad a la pubertad y madurez sexual. En el caso de la edad al primer parto en poblaciones multirraciales, además de los dos componentes genéticos mencionados anteriormente se debe cuantificar el impacto que tienen los efectos ambientales y los efectos del grupo racial. El objetivo final de esta evaluación será estimar los componentes de varianza y la heredabilidad para edad al primer parto en animales cruzados con modelos sencillos para que permitan conducir a la utilización de modelos más complejos. Para el desarrollo del presente proyecto serán empleados los registros de los animales nacidos en la hacienda "La Leyenda" entre los años 1995 a 2006, con aproximadamente 18000 registros donde serán estimados los componentes de varianza para la edad al primer parto, mediante el programa MTDFREML. El modelo incluirá los efectos fijos del grupo genético, grupo contemporáneo, como parte aleatoria, el efecto aditivo directo y residual. A través de esta investigación se pretende proporcionar información sobre los parámetros genéticos de la edad al primer parto, la cual será fundamental para direccional los cruzamientos a utilizar en la hacienda y que además esta información sirva como base a otros sistemas de producción de bovinos cruzados.

**Palabras clave:** *bovinos cruzados, edad al primer parto, parámetros genéticos*

**Key words:** *Age at first calving, genetic parameters, multibreed cattle*

## Evaluación de la diversidad genética de tres poblaciones de cuyes *Cavia porcellus* Lin. (Rodentia: caviidae) mediante el marcador molecular RAPD

***Evaluation of genetic diversity among three populations of guinea pigs Cavia porcellus Lin (Rodentia: caviidae) by RAPD***

William Burgos Paz[1], Zoot; Carol Rosero Galindo[2], Biol, MS; Heiber Cárdenas Henao[2], Biol, MS; Carlos Solarte Portilla[1], Zoot, PhD.

[1]Grupo de investigación en Producción y Sanidad Animal, Facultad de Ciencias Pecuarias, Programa de Zootecnia, Universidad de Nariño, Ciudad Universitaria Torobajo, A. A. 1175, Pasto, Colombia.
[2]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Valle, AA 25360, Cali, Colombia.
williamobur@yahoo.com, cyroga@yahoo.com, hecarden@yahoo.es, csolarte@udenar.edu.co

La producción de cuyes, Cavia porcellus, constituye uno de los principales renglones de la economía campesina del departamento de Nariño, ya que además de generar ingresos a muchas familias, también juega un importante papel en la seguridad alimentaria en esta zona de Colombia. Si bien las técnicas de producción tradicionales se han mantenido a lo largo de muchos años, en la actualidad son evidentes los avances tecnológicos en procura de obtener animales más precoces, de mayor tamaño y con la conformación fenotípica que satisfaga las necesidades del mercado. La principal estrategia de mejoramiento genético consistió en la utilización de reproductores C. porcellus, provenientes principalmente de Perú, como mecanismo para aumentar el desempeño productivo y reproductivo a través de la hibridación con el material genético local. Los resultados de estos cruces evidenciaron los efectos del vigor hibrido, pero se presume perdida de variabilidad genética, dado el corto ciclo reproductivo de la especie y el uso de intensivo de reproductores foráneos. Con el objetivo de determinar la variabilidad genética en tres líneas de C. porcellus, dos criollas y una mejorada genéticamente, se recolectaron y conservaron en tarjetas FTA® muestras de sangre de 12 animales por línea y posteriormente se analizaron con veinte cebadores mediante marcadores moleculares RAPD. Para la amplificación de los fragmentos se siguió el protocolo descrito por Chiappero y Gardenal, 2003, con las modificaciones descritas por Burgos et al, 2007 para el uso de dichas tarjetas en esta especie. Seis de los veinte cebadores evaluados fueron seleccionados de acuerdo con su contenido informativo polimórfico (PIC). En total se observaron 526 bandas, de las cuales el 7.98% se consideraron monomórficas. El valor de la heterocigosidad esperada promedio para C. porcellus fue de 0.20 ± 0.0445, con un valor mínimo y máximo de 0.097 para la población 1 o mascota y 0.4569 para la población 3 o mejorados, respectivamente. Los valores $\varphi_{ST}$, análogos del estadístico $F_{ST}$, variaron entre 0.1907 (p = 0.0320), hasta 0.6136 (p = 0.0000). Los valores de distancia genética indicaron que las dos poblaciones criollas, se encuentran genéticamente distantes de la mejorada, de las cuales la línea mascota presenta la mayor distancia. El análisis UPGMA confirmó los valores de distancia genética y mostró que las poblaciones de animales criollos forman un grupo monofilético. Sin embargo, no es clara aun la diferenciación entre las líneas criollas dado el bajo porcentaje de loci que soporta el nodo que agrupa estas líneas. Los resultados sugieren perdida de variabilidad genética de las poblaciones criollas, en especial la línea mascota, las cuales corresponden a núcleos cerrados, altamente endogámicos, erosionados y genéticamente distantes de la línea mejorada, por lo que es necesario plantear programas de conservación y mejoramiento genético en las poblaciones criollas y realizar más estudios con marcadores codominantes, en los que se incluya un mayor número de ejemplares y de distintos sitios de procedencia, tanto de Colombia, como Ecuador y Perú.

**Palabras clave:** *Cavia porcellus, diversidad genética, FTA, RAPD*

**Key words:** *Cavia porcellus, genetic diversity, FTA, RAPD*

## Evaluación genética para calidad de leche y reproducción de bovinos holstein y evaluación de animales cruzados de holstein, jersey y BON en Antioquia, Colombia*

***Genetic evaluation for milk quality and reproduction for pure breed holstein and crosses between holstein, jersey and BON cattle in Antioquia, Colombia****

Mario F Cerón-Muñoz[1,2], Laura Quiceno[3], Juan D Corrales Alvarez[1]

[1]Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, [2]Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[3]Corporación Antioquia Holstein. Medellín, Colombia.
*Entidad financiadora, Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. Colombia.
mceronm@agronica.udea.edu.co

El rebaño bovino colombiano es pequeño comparado con otros países, sin embargo, éste posee una gran importancia estratégica, para suplir la demanda existente por material genético superior, teniendo en cuenta la producción de leche, grasa y proteína. En años recientes, se ha introducido material genético de países como: Estados Unidos, Canadá, Francia, entre otros. Este aumento en la comercialización de animales de la raza holstein ha creado la necesidad de realizar comparaciones de toros provenientes de diferentes países, debido a que el desempeño del material genético importado es diferente en cada país, en virtud de las condiciones ambientales a las cuales fue sometido, y los mejores toros en el país de origen no expresaron su potencial genético en ambientes latinoamericanos. Por lo anterior se pretende potenciar el control lechero y archivo zootécnico de bovinos holstein en Antioquia mediante la valoración de grasa y proteína de la leche y posterior evaluación genética. La información necesaria para la evaluación genética de los animales, provendrá de los archivos zootécnicos de la Corporación Antioquia Holstein (ROP) y Tecnigan de Antioquia (bases de datos almacenadas en el software Interherd), los cuales vienen realizando el control lechero en 40 rebaños, se incluirá, las valoraciones individuales de grasa, proteína y sólidos totales en el control lechero, mediante visitas mensuales a 30 haciendas participantes del proyecto. Después de dos años de colecta de muestras de leche y con la información histórica de genealogía, producción y reproducción de la Corporación Antioquia Holstein, se valorarán los animales por producción de leche, grasa, proteína, sólidos totales, edad al primer parto, intervalo de partos y vida productiva. Lo anterior permitirá la clasificación de toros nacionales e importados por habilidad predicha de transmisión y en la cual se determinará la implicación que tiene el uso de toros importados en condiciones colombianas y la valoración de hembras y machos Colombianos. Por otro lado, existen rebaños con hembras producto del cruzamiento holstein x jersey y BON, los cuales requieren ser evaluados en los ambientes donde son utilizados. Lo anterior permitirá determinar si existe, interacción grupo genético por ambiente, y heterosis ambiente, en las condiciones del trópico alto antioqueño y determinar qué grupos genéticos son los más productivos, más estables y adaptados bajo condiciones productiva y ambientales propios de cada región. Esto con el propósito de indicarles a los ganaderos cuáles son los cruces económicamente más rentables en las explotaciones antioqueñas basados en conceptos científicos y experimentales y realizar programas de cruzamiento adecuados para la región.

**Palabras clave:** *archivo zootécnico, control lechero, cruzamiento de razas*

**Key words:** *milk control, zootechnical files, cross breeding.*

## Evaluación retrospectiva y comparativa de los parámetros productivos y reproductivos de la raza criolla chino santandereano (insignia departamental) en dos pisos térmicos: medio y bajo

***Retrospective and comparative evaluation of productive and reproductive parameters of the "chino santandereano" (departmental standard) Colombian creole race in two thermal floors: template and low.***

Manuel F Cala[1], Luis A Cárdenas Pinto[2], MVZ, Esp; Vladimir Prada Osorio[3], Zoot, Esp; Cesar A Serrano Novoa[4], MV, Esp, MS.

[1]Estudiante Facultad de Medina Veterinaria y zootecnia, [2]Comité de Investigaciones en Ciencias animales, y [3]Grupo de Investigaciones en Ciencias animales, Facultad de Medina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia. Bucaramanga, Colombia.
mvzucc@yahoo.com

De acuerdo con las proyecciones de exportación y las exigencias internacionales que solicitan canales bovinas con producción limpia considerando cruces con animales de alta rusticidad, permiten girar la mirada hacia el potencial genético nativo existente en nuestro país y reconocer las características productivas de estos animales como posible aporte para las exigencias del mercado. Este trabajo busca evaluar histórica y comparativamente los parámetros productivos y reproductivos de la raza criolla Chino Santandereano en la Hacienda el Trofeo San Alberto (Cesar); Granja departamental Cimitarra (Santander), Haciendas Ojo de Agua y Los Pozos San Gil Santander, ya que los datos obtenidos de la población registrada (en piso bajo no propio de su zona de adaptación) y teniendo en cuenta la clasificación de la FAO en cuanto a los aspectos de estado de amenaza y el valor o mérito genético que la clasifica "en estado crítico"se cuenta con un inventario puro reconocido de 158 animales, del cual cabe señalar que de acuerdo a manifiestos históricos este inventario puede ser mayor sin haberse logrado ampliar dicha información (objetivo parcial de este proceso investigativo). Con base en lo anterior, se hace necesario establecer resultados concretos de su comportamiento y así aportar fuentes claras de información para la elaboración de un proyecto macro sobre estos bovinos "insignia departamental". Es de resaltar que históricamente no se tienen datos sobre los parámetros productivos y reproductivos del chino en su ambiente natural; los que se han obtenido se han hecho en las fincas del Fondo Ganadero de Santander que se encuentran ubicadas en un piso térmico bajo (0 a 1000 msnm) el cual no corresponde a las condiciones ambientales propias de la raza de acuerdo al historial de asentamiento como lo es la región Guanentina y Comunera (piso térmico medio). Además, se evaluará el manejo de las ganaderías productoras de la raza

y se recogerá toda la información de sus registros con ayuda de la Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural de Santander. Con ello, se busca consolidar la base de datos del inventario real existente de la raza chino santandereano; determinar los parámetros productivos y reproductivos en el piso térmico de asentamiento de origen, y ser pilar fundamental para el diseño y puesta en marcha del proyecto fomento y caracterización integral de la raza chino santandereano y su consolidación como aporte a los programas de repoblamiento y mejoramiento genético en producción limpia en el departamento de Santander para la implementación del proyecto de estudio de dinámica folicular y selección de animales élite para el proyecto de uso de biotecnologías reproductivas para el montaje del banco de germoplasma de la raza.

**Palabras clave:** *adaptación, mejoramiento genético, producción limpia, rusticidad*

**Key words:** *adaptation, genetic improvement, clean production, native*

## Identificación de genes asociados a características de terneza de la carne e implementación preliminar de un programa de selección asistida por marcadores moleculares y su impacto económico en ganaderías de la micro región del sur del Cesar, Colombia*

### *Identification of genes associated to meat tenderness traits and preliminary implementation of a marker assisted selection program and its economic impact in livestock of south Cesar State, Colombia*

Fernando Ariza Botero[1], Carlos Manrique P[1], Ariel Jiménez[2], Germán Gómez[2]

[1]Departamento de Ciencias para la Producción Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. Bogotá, Colombia.
[2]ASOCEBU. Bogotá, Colombia.
[3]Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Fedegan. Bogotá, Colombia.
mfarizab@unal.edu.co

En el presente estudio, los genotipos obtenidos a partir de los polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) de los genes IGF-1 y mioglobulina (MYO) del cromosoma cinco bovino; calpastatina (CAST), del cromosoma siete bovino, calpaina (CAPN1), del cromosoma 29 bovino y la proteína de unión del IGF-1 (IGF1BP), serán asociados a los valores fenotípicos de las características: resistencia máxima al corte warner bratzler, compresión, adhesión, color y capacidad de retención de agua, de los músculos semitendinoso (ST) y dorsal largo (DL), madurados entre 5 y 20 días post mortem, con el fin de estimar el efecto de los alelos de estos genes sobre la terneza de la carne, en una población de 250 progenies obtenidas a partir de los cruzamientos de toros de diferentes razas con vacas cebú comercial en la micro región del sur del Cesar. Igualmente, se obtendrán los genotipos de los microsatélites bovinos CSSM22, BM315, BMS772 del cromosoma 5, BMS1520, BMS522 y MB057 del cromosoma 7 y BL1100, BMC3224 y HH22 del cromosoma 29, con el fin de revelar regiones del cromosoma o QTLs responsables igualmente por la terneza de la carne. El análisis estadístico se fundamentará en un modelo mixto, que incluirá los efectos fijos de los genotipos de calpastatina, calpaina, IGF1, mioglobulina, IGF1BP, sexo, grupo de sacrificio y la composición racial (covariable linear). El toro se considerará el efecto al azar. Todos los análisis serán desarrollados usando el programa estadístico SAS. Características descriptivas para las características cuantitativas serán obtenidas usando PROC MEANS. Las frecuencias alélicas serán tabuladas y comparadas por un análisis de Ji-cuadrado ($X^2$) usando PROC FREQ. Este proyecto permitirá identificar SNPs y QTLs asociados con el incremento en terneza para los músculos dorsal largo y semitendinoso a lo largo de los días de maduración post mortem y así de esta manera y hasta cierto punto, alcanzar una significativa reducción en el porcentaje de cortes carnicos clasificados por los consumidores como cortes duros. Por otra parte, los resultados del presente proyecto proporcionaran las bases para la selección tanto de toros puros como de sus progenies para implementar y evaluar un programa de Selección Asistida por Marcadores Moleculares y su impactó económico dentro de estos cruces.

**Palabras claves:** *músculo dorsal largo, músculo semitendinoso, calidad de la canal y de la carne, SNPs.*

**Key words:** *carcass and meat quality, longissimus dorsi muscle, semitendinosus muscle, SNPs.*

## Identificación de polimorfismos de nucleótido simple en los genes oxido nítrico sintasa y endotelina asociados con hipertensión arterial pulmonar en pollos de engorde*

### *Identification of SNPs within the oxide nitric synthase and endotelin genes associated to pulmonary hypertension syndrome in broiler chicken**

Fernando Ariza Botero[1], Aureliano Hernandez Vásquez[1], Martha Moreno de Sandino[1], Carlos Manrique Perdomo[1]

[1]Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogota. Bogotá, Colombia.
*Direccion de investigación Bogota. Universidad Nacional de Colombia, sede Bogota. Bogotá, Colombia.
mfarizab@unal.edu.co

La hipertensión arterial pulmonar (HPA) de origen hipóxico, causa grandes pérdidas económicas a la industria avícola nacional e internacional, en especial, en zonas geográficas ubicadas por encima de los 1500 msnm, o donde existen bajas importantes de la temperatura. Existe un componente genético que predispone a individuos o estirpes comerciales de pollos de engorde, el cual puede expresarse de múltiples maneras, dada la complejidad de los mecanismos compensatorios que desarrollan las aves frente a la hipoxia. Si bien ya se tienen identificados cuáles son los procesos adaptativos principales, aún es necesario profundizar en la caracterización de la fisiopatología del sindrome de HPA, en aras de buscar marcadores genéticos de adaptación o resistencia y diseñar estrategias para el control de la HPA. Diferentes estudios sugieren varias características que pueden ser utilizadas como rasgos asociados al síndrome ascítico. El numero de órganos (corazón, pulmones, hígado) afectados por el mismo, lo convierte en una entidad compleja, cuya fisiología ha sido descrita extensamente. Varios estudios han mostrado que algunos de los

cambios fisiológicos asociados con este síndrome poseen una relativa alta heredabilidad. Esto indica que los factores genéticos juegan un papel considerable en la susceptibilidad de las aves al síndrome y brinda la posibilidad de seleccionar genéticamente contra el mismo. Otras investigaciones han estimado bajas, medias y altas, pero positivas correlaciones genéticas entre las patologías asociadas a ascitis y el peso corporal, evaluadas tanto a baja temperatura como a temperatura normal y concluyeron que existe un efecto de la temperatura en la cual los animales son criados y que los mismos genes podrían estar actuando para los dos tipos de ambientes. El presente estudio pretende identificar marcadores informativos o genes responsables de la variación en la presentación del síndrome ascítico. Los genes oxido nítrico sintasa (ONS) y endotelin-1 (ET-1) fueron postulados como genes candidatos, los cuales pueden explicar en parte la variación en el desarrollo del síndrome ascítico en el pollo de engorde. La ET-1 es un potente vasoconstrictor y vasopresor producido principalmente por las células del endotelio vascular, contribuye al desarrollo de enfermedades cardiovasculares, como modulador del tono vascular y del flujo de sangre. La ONS está involucrada activamente en el control del tono vascular tanto en la circulación sistémica como en la pulmonar y al igual que la ET-1 es producida en las células endoteliales. La ONS es el substrato de otra enzima la oxido nítrico sintasa endotelial (eONS), la que produce el óxido nítrico (ON) el cual se difunde a la musculatura lisa vascular e induce relajación de la musculatura y por lo tanto, vasodilatación. Debido a que el ON es un potente vasodilatador, al inhibirse su producción se incrementa el desarrollo de vasoconstricción pulmonar, inducida además por la hipoxia y así su deficiencia originaria un cuadro de hipertensión pulmonar como consecuencia de la hipoxia. Por lo tanto la presente investigación describe la utilización de marcadores de ADN, para la identificación de genes que controlan la susceptibilidad o adaptabilidad a la ascitis y su posibilidad de ser introducidos en programas de selección asistida por marcadores moleculares.

**Palabras clave:** *ascitis, crecimiento rápido, hipoxia, marcadores moleculares*

**Key words:** *ascitis, hypoxia, molecular markers, rapid growth*

## Interacción genotipo-ambiente en poblaciones bovinas multirraciales del trópico bajo Colombiano

**Elkin M Arboleda Z[1]; Mario F Cerón Muñoz[2,3], José M Cotes T[4]**

[1]Estudiante de maestria, [2]Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Genético Animal, [3]Grupo GRICA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[4]Grupo de mejoramiento de frutales Andinos y tropicales Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. Medellín, Colombia.
elkinarbol@agronica.udea.edu.co, mceronm@agronica.udea.edu.co, jmcotes@unal.edu.co

La evaluación de reproductores por el desempeño de sus descendientes puros y cruzados se ha planteado como una necesidad prioritaria en la ganadería bovina nacional. Para realizar dichas evaluaciones se han propuesto modelos de evaluación genética multirracial que permiten la comparación de animales con diferente composición racial en características de importancia económica. Sin embargo cuando esas evaluaciones se realizan bajo diferentes condiciones ambientales, es común ignorar la posible existencia de interacciones entre la genética y el ambiente (IGA). Es por esto que como objetivo de esta investigación se plantea determinar la existencia de interacción genotipo – ambiente en rebaños bovinos multirraciales para producción de carne, situados en diferentes zonas Colombianas, mediante la utilización de varias metodologías. Para cumplir con tal propósito se utilizará la información proveniente de la Empresa Custodiar S. A. la cual ceba animales en 18 haciendas, ubicadas en diferentes regiones y con diversa clasificación ecológica. Se analizarán registros de peso a los 12, 18 y 24 meses, para animales cebados entre los años 1995 a 2006. Los centros productivos han sido distribuidos de acuerdo a clasificación agroecológica en 3 zonas (bs-T, bh-T y bh-ST). Para el análisis de registros, con animales de unos 100 grupos genéticos o mezclas raciales donde predominan las razas Cebú, Angus, Romosinuano y BON; se partirá de un modelo mixto en el cual se incluirá la IGA y se comparará con modelos en los cuales no se incluya dicha interacción. Se han planteado tres tipos de modelos, uno considerando el efecto del grupo genético, la zona y la interacción grupo genético y zona, donde la zona representa el ambiente. Un segundo modelo con la proporción racial como regresor y también en interacción con la zona y un tercer modelo que incluirá la heterocigosis por cruzamiento también como regresor y en interacción con la zona. Como efectos fijos en los tres tipos de modelos se considerarán la edad del animal al momento de tomar el peso respectivo (covariable) y el grupo contemporáneo, el cual se distribuirá integrando las variables sexo del animal, época y año de ocurrencia de cada evento. La zona y el grupo genético (o proporción racial o heterocigosis, de acuerdo al modelo) así como la interacción entre estos se tomarán como efectos aleatorios. Finalmente se propone el estudio de estabilidad en cada uno de los modelos planteados. Para ello se utilizarán metodologías bayesianas, las cuales, mediante descomposición de la varianza de Shukla, permitirán determinar los grupos genéticos con mayor estabilidad y productividad; esto con el fin de verificar si hay unos grupos genéticos que se destacan en la mayoría de ambientes y para la mayoría de caracteres productivos evaluados ó si por el contrario para cada ambiente específico hay grupos genéticos específicos que se destacan, lo cual ayudaría al trabajo genético con esos grupos.

**Palabras clave:** *parámetros genéticos, carne, evaluación genética, metodologías bayesianas*

## Las variantes alélicas de la α-lactoalbumina (α-LA) se pueden detectar con la técnica molecular PCR-SSCP[1]

### *Allelic variants α-lactoalbumin (α-LA) can be detected using PCR-SSCP*

Héctor Díaz[2], Luz A Álvarez[2], Andrés Posso[2], Heiber Cardenas[1], Guillermo Barreto[3], Victor Vera[2], Jaime E Muñoz[2]

[1]División de Investigaciones DIPAL, [2]Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Palmira, Colombia.
Universidad Nacional de Colombia Universidad del Valle. Cali, Colombia.
hdiaz@yahoo.es, laalvarezf@palmira.unal.edu.co, jemunozf@palmira.unal.edu.co, vjveraa@unal.edu.co, barretog@univalle.edu.co, hecarden@univalle.edu.co

La α-lactoalbumina (α-LA) es una proteína del suero de la leche, la secuencia genómica comprende una unidad transcripcional de 2 kb y contiene 4 exones. Se han descrito las

variantes A y B en las especies Bos indicus y Bos taurus. Vacas Holstein con la variante A tienen altos valores para producción de leche, proteína y grasa; el alelo B se asocia con alto porcentaje de proteína y grasa. La estructura proteica de α-LA tiene 142 aminoácidos (aa), la variante A posee el aa Gln en la posición 10 de la proteína madura, la variante B tiene Arg. Los objetivos fueron: Proponer la técnica PCR-SSCP para identificar los alelos de la α-LA y evaluar la frecuencia y diversidad de este gen en HV. Se muestrearon 277 animales de ganado criollo Hartón del Valle (HV) de 11 fincas del Valle del Cauca, como referencia se evaluaron 23 animales cebú y 12 Holstein. Se extrajo ADN por el método de "salting out", mediante PCR se amplificó un fragmento de 167 pb que incluye los nucleotidos 657 al 822 del gen de la α-LA, ubicado en el cromosoma 5. El fragmento amplificado de 20 muestras (RFLP) fue digerido con la enzima MnII para identificar los genotipos homocigotos y heterocigotos AB. Se utilizó la técnica PCR-SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism) para la genotipificación de los individuos. El alelo A posee una baja frecuencia en HV (0.14 + 0.02) y oscila entre fincas entre 0.3 + 0.03 hasta 0.26 + 0.07; valores bajos con relación a los obtenidos en razas especializadas en producción de leche (0.67 hasta 1). En las fincas se encontró equilibrio Hardy – Weinberg. La heterocigosidad observada varió en las fincas de HV de 0.06 a 0.4. En cebú no se encontró el alelo A y en holstein la frecuencia fue 0.29 + 0.01. No se encontró en la literatura revisada la utilización de esta técnica para identificar los alelos de α-LA.

**Palabras clave:** *ADN, bovinos, polimorfismo*

**Key words:** *cattle, DNA, polymorphism*

## Marcadores del gen Leptina en razas criollas colombianas y cruzados*

### *Leptine gene markers in pure and cross breed Colombian Creole cattle*

Alba Montoya Atehortua[1], Mario Cerón Muñoz[1,2], Esperanza Trujillo Bravo[1], Julián Ramírez Toro[1], Paula Ángel Marín[2], Zulma Monsalve Fonnegra[3], Germán Martínez Correal.

[1]Grupo de Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[2]Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
[3]Instituto de Biología, Universidad de Antioquia.
*Proyecto Colciencias Nº 1115-12-16774

La Leptina es una hormona proteína de 16 kilodalton, codificada por el gen de la obesidad (Ob), mapeado en el cromosoma 4 en bovinos, producida por las células adiposas, es secretada en sangre y transportada al cerebro (hipotálamo) donde actúa sobre factores que regulan el consumo del alimento, composición del cuerpo y la reproducción. Se han identificado algunas regiones entre y adyacentes al gen de leptina, que facilitan su estudio genético en asociación con diferentes características productivas. En la actualidad Colombia tiene siete razas criollas (BON o blanco orejinegro, harton del Valle, costeño con cuernos, chino santandereano, sanmartinero, romosinuano y casanareño), producto del proceso de adaptación a nuestro medio por más de quinientos años. Además, el país cuenta con dos razas desarrolladas en su territorio (lucerna y velásquez), las cuales tienen un componente genético de origen criollo, todas estas razas han logrado perdurar dentro del ámbito ganadero regional y nacional. Los atributos de adaptabilidad se evidencian por su capacidad de sobrevivir en climas cálidos, húmedos o secos, con alimentos de baja calidad nutricional y escasez de agua, por sus tasas reproductivas altas y prolongada vida útil, y por su menor susceptibilidad a enfermedades parasitarias, no obstante, del componente genético se conoce muy poco o casi nada y mas aún de los relacionados con características productivas. El objetivo de este trabajo fue determinar las frecuencias de tres marcadores moleculares del gen leptina. La genotipificación de las muestras se hizo por medio de geles de poliacrilamida para los microsatélites BM1500 y Región 5´UTR y por geles de agarosa para un SNP. Los datos se analizaron con el programa GENEPOP y GDA. Se encontró una alta variación en las frecuencias de las poblaciones bovinas criollas romosinuano, chino Santandereano, rubio gallego con chino santandereano, sanmartinero, velásquez y algunos cruzados de BON, romosinuano, angus y cebú. En el análisis de distancias genéticas se encontró proximidad entre las razas chino santandereano y sanmartinero, seguido del romosinuano y la más distante fue la velásquez.

**Palabras clave:** *mejoramiento genético, ganado de carne*

**Key words:** *animal breeding, beef cattle*

## Parámetros genéticos de características puntuales en el comportamiento de ganado de lidia

### *Genetic parameters of precise characteristics in the behavior of a bullfight herd*

David Calero Quintero[1], Zoot; Carlos V Durán Castro[2] Ing. Agr, MS.

[1]Maestría en Ciencias Agrarias con énfasis en Producción Animal Tropical, [2]Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Palmira, Colombia.
davca2107@telesat.com.co, cvduranc@palmira.unal.edu.co

Para determinar los parámetros genéticos de características puntuales en el comportamiento de hembras y machos en una ganadería de lidia en Colombia, fundamentalmente de origen Santa Coloma, puros o por cruza absorbente de ganado mexicano de Saltillo, se emplearon 808 registros de animales tentados o lidiados entre 1975 y 1996. Se diseñaron dos fichas técnicas para la tienta y la lidia respectivamente con 20 variables de comportamiento la primera y 21 la segunda; se llenaron con la información de las reseñas de tienta y de lidia disponibles en la ganadería. La validez del procedimiento empleado se comprobó comparando una muestra de 79 fichas generadas mediante el análisis de videos de lidia con las fichas correspondientes generadas por las reseñas del ganadero, sin encontrar diferencias significativas ($p>0.05$) entre el criterio del ganadero y la calificación generada mediante dichos videos. Las heredabilidades y correlaciones fenotípicas ($\Gamma_f$), genéticas ($\Gamma_g$) y ambientales ($\Gamma a$) estimadas para hembras y machos por el método de hermanos medios paternos, utilizaron 17 y 18 padres respectivamente, y sólo se tuvieron en cuenta aquellos sementales con un número igual o mayor de 5 hijos. Las edades promedio en las hembras y en los machos fueron 22.3 y 45.4 meses, respectivamente. Las frecuencias fenotípicas observadas en machos y hembras para las características en común durante la tienta y la lidia fueron diferentes, lo que se explicó por la manera de evaluar los animales en cada una de estas faenas. Los rangos

de los índices de herencia de todas las características puntuales de comportamiento durante la tienta, fluctuaron entre 0 y 0.3, y para la lidia dichos valores estuvieron entre 0 y 0.37. Al comparar las heredabilidades estimadas para las características comunes en la tienta y la lidia se encontraron resultados similares en las variables "fijeza en la muleta", "humillar en la muleta" y "fuerza". Las notas globales para la lidia tuvieron un valor de $h^2$ de 0.27 ± 0.08, tanto para la estimada por el ganadero como la encontrada en el estudio. Se presentan y comparan los valores estimados de las correlaciones fenotípicas ($\Gamma_f$), genéticas ($\Gamma_g$) y ambientales ($\Gamma a$) para las características comunes durante la tienta y la lidia. Al correlacionar genéticamente la nota de lidia valorada por el ganadero con las características puntuales frente al caballo y ante la muleta se observa que todos los estimados fueron altos ($\Gamma_g$ = 0.44-0.86), excepto con "fuerza" ($\Gamma_g$ = -0.25), lo que indica que la toreabilidad y el estilo están afectados por muchos genes en común y que muy probablemente la fuerza no. Las diferencias de los valores encontrados entre los resultados de machos y hembras, se atribuyen a las diferencias existentes en la manera como se realizan las faenas de tienta y de lidia, la primera de una forma más estricta que la segunda, en donde el ganadero puede dirigirla a su antojo y es él quien decide todo lo que se le debe hacer a la res; mientras en la segunda no desempeña ningún papel.

**Palabras clave:** *correlaciones ambientales, correlaciones fenotípicas, correlaciones genéticas, heredabilidades, notas de lidia, notas de tienta*

**Key words:** *environmental correlations, genetic correlations, heritability, notes for lidia, notes for tienta, phenotypic correlations.*

## Polimorfismo en la beta-defensina asociado al conteo de células somáticas de leche de búfalas en Brasil*

### *Association of beta-defensin gene polymorphism with milk somatic cell count in buffalos from Brazil**

Henry Cardona Cadavid[1,2], Geovanny Mendoza Sánchez[2], Naudin Hurtado Lugo[1], Humberto Tonhati[2]

Grupo GRICA, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
[2]FCAV/UNESP, São Paulo, Brasil
*FAPESP 05/58468-1
henrycadavid@eudoramail.com

La producción de leche de búfala se ha fortalecido en el estado de São Paulo-Brasil debido al aumento considerable del consumo de queso Mozzarella en los últimos diez años, esto como consecuencia de la estabilidad económica y el aumento de ingresos per capita en una región con un gran desarrollo industrial. Con este panorama, se hace muy importante asegurar tanto la cantidad como la calidad de la leche producida por las búfalas para disminuir las perdidas económicas de los productores por manejos de la enfermedad y perdidas de producción, como de las procesadoras de derivados lácteos al industrializar leche de baja calidad. Al igual que en el ganado bovino lechero, la mastitis es la enfermedad que más afecta la cantidad y la calidad de la leche, siendo el factor sanitario que más costos genera en la producción láctea. La mastitis es una enfermedad de origen multifactorial y por esta causa se hace necesario concentrar todos los esfuerzos multidisciplinarios en el sentido de mantener su prevalencia lo más bajo posible. De esta forma, por métodos de genética molecular estamos estudiando la importancia de las defensinas, que son un grupo de peptidos multifuncionales con actividad citotóxica y antibiótica contra bacterias, virus y hongos, y que son producidas a su vez en diferentes tejidos como los riñones, páncreas, glándulas salivales, tracto respiratorio, urogenital y en la glándula mamaria. Debido a esto se ha propuesto la hipótesis de que algunos de los polimorfismos genéticos del gen que codifica para el péptido beta-defensina están asociados con un menor conteo de células somáticas (CCS) y estos a su vez correlacionados con una menor incidencia de mastitis en búfalas. Así, el objetivo de este estudio es verificar la posibilidad de aplicar selección genética en el sentido de mejorar la resistencia de los búfalos a la mastitis. Para alcanzar este, se utilizará la estimación de parámetros genéticos para el CCS utilizando las informaciones contenidas en los archivos del programa de control lechero mantenido por la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNESP, los cuales serán analizados por máxima verosimilitud restricta usando modelo animal y posteriormente se cruzará esta información con los polimorfismos en el gen de la beta-defensina que serán definidos a su vez por la técnica de PCR/RFLP. Así, los resultados esperados están relacionados al aspecto del uso del CCS como criterio de selección por medio de la asociación entre el valor genético esperado para el CCS y los polimorfismos en el gen de la beta-defensina, permitiendo planear estrategias de cruzamiento y mejoramiento genético para aumentar la resistencia a la mastitis de los hatos de búfalas productoras de leche.

**Palabras clave:** *genética, leche, marcador molecular, mastitis, mozzarella*

**Key words:** *genetics, mastitis, milk, molecular selection, mozzarella*

## Relación de medidas bovinométricas y de composición corporal *in vivo* con medidas de la canal tomadas por ultrasonido en novillos Brahman en el Valle del Sinú[1]

### *Relationship between linear and body composition measurements with carcass weight (by ultrasound) in Brahman steers in the Sinu valley*

Juan C Velásquez[1], Luz A Alvarez[2], Zoot, MS.

[1]Financiada por ASOCEBU
[1]Candidato a Maestro en Producción Animal, [2]Universidad Nacional de Colombia sede
Palmira. Palmira, Colombia.
Asesor Asocebú.
juancarvm@yahoo.com, laalvarezf@palmira.unal.edu.co

En la evaluación de la composición del bovino tipo carne se han utilizado además del peso como predictor del crecimiento medidas como altura al sacro, longitud corporal y perímetro torácico. Con equipos de ultrasonido ha sido posible predecir la composición corporal (calidad y cantidad de músculo y grasa) del novillo. El objetivo de este estudio es relacionar las medidas corporales mas importantes (medidas de volumen, musculatura y grasa) con producción y características de la canal en las variedades Gris y Rojo de ganado brahman. En dos hatos de cría y ceba de la

Costa Caribe de Colombia, (50 msnm, 28 °C y 65% de humedad relativa) se formaron dos grupos contemporáneos de machos Brahman para evaluar el crecimiento postdestete y producción de carne (pesos, bovinometría, medidas de composición corporal y canal). Un grupo de 17 brahman Rojo (BR) y otro de 23 brahman Gris (BG), fue cebado en praderas de angleton Dichantium aristatum. Se realizaron tres pesajes a los 12, 18 y 24 meses y el peso al sacrificio y perímetro torácico (PT), longitud corporal (LC), altura al sacro (AS) y amplitud de cadera (AC) a los 12, 18 y 24 meses. Las mediciones de grasa dorsal, área de ojo del lomo y porcentaje de marmóreo se tomaron con un equipo de ultrasonido a los 18 meses. Al finalizar la ceba, los novillos fueron pesados, se valoró el peso de la canal caliente (PCC) y el rendimiento en canal. El peso ajustado al destete (PAD), peso ajustado al año (PAA), peso ajustado a los 18 meses (PA18), peso ajustado a los 24 meses(PA24) fueron 211, 229, 418 y 477 kg para machos BG y 240, 246, 386 y 432 kg para BR. Se encontraron diferencias en crecimiento postdestete entre variedades brahman ($p<0.05$) y diferencias significativas ($p<0.05$) para medidas de LC, PT y (AOL18). En general, se encontraron altas correlaciones entre las medidas de peso y las bovinométricas. Las mayores correlaciones entre medidas In Vivo y en Canal fueron entre Peso de Canal/Total Carne Aprovechable (PCC/TCA) y entre PA18, AOL18 y PCC/TCA.

**Palabras claves:** *área del ojo del lomo, crecimiento postdestete, peso de la canal*

**Key words:** *body measurements, hot carcass weight, postweaning, ribe eye area*